

ID TRABALHO: 204/3081-0

ÁREA DO TRABALHO: MICROBIOLOGIA DO SOLO

TÍTULO DO TRABALHO: Genômica E Caracterização De Uma Nova Espécie De Chitinophaga Isolada Da Geleia De Desova De Allobates Nidicola (Aromobatidae)

AUTORES: Rafael De Souza Rodrigues, Thiago Fernandes Sousa, Emerson Freires Viana, Samára Ferreira Santos, Elerson Matos Rocha, Albertina Pimentel Lima, Gilvan Ferreira Da Silva

INSTITUIÇÃO: Embrapa Amazônia Ocidental

RESUMO:

O gênero Chitinophaga comprehende bactérias com funções ecológicas relevantes, especialmente pela capacidade quitinolítica. São comumente encontradas em solos florestais, sedimentos, matéria orgânica em decomposição e rizosfera. Seu potencial biotecnológico está associado à produção de quitinases, glucanases e proteases, capazes de degradar polissacarídeos complexos. Este estudo teve como objetivo realizar análises genômicas e a caracterização taxonômica de um isolado bacteriano do gênero Chitinophaga, obtido a partir da geleia de desova de *Allobates nidicola*. *Chitinophaga* sp. CPAA-A307 foi isolada da geleia usando meio de cultura LB + ágar (Luria-Bertani), por meio da técnica de esgotamento por estria. Para a extração de DNA, *Chitinophaga* sp. CPAA-A307 foi cultivada em meio LB e utilizando o protocolo CTAB 2% (brometo de cetiltrimetilamônio). A obtenção do genoma completo foi realizada via sequenciamento nanopore utilizando o equipamento PromethION P2 solo. A identificação taxonômica foi realizada utilizando as plataformas TYGS v.3.91 (Type Strain Genome Server), GGDC v3.0 (Genome-to-Genome Distance Calculator), EzBioCloud ANI (Average Nucleotide Identity) e Average Amino acid Identity (AAI). Para anotações de genes e subsistemas metabólicos de interesses biotecnológicos, foram empregadas as ferramentas antiSMASH versão 7.1.0 (Antibiotics and Secondary Metabolites Analysis Shell) e RAST (Rapid Annotation using Subsystem Technology). O genoma de *Chitinophaga* sp. A307 foi montado em nível cromossômico, com tamanho total de 7.842.651 pb, conteúdo GC de 45%, valores de L50 = 1 e N50 = 7.842.651 e 80X de cobertura. Foram identificados 81 genes de tRNA, 22 genes de rRNA e 6.576 regiões codificantes (CDS). A análise filogenômica mostra que *Chitinophaga* sp. A307 apresenta 21,1% de identidade com *C. jiangningensis* DSM 27406, valor inferior ao limite de 70% estabelecido para delimitação de espécie, o que a caracteriza como uma possível nova espécie. Esse resultado foi corroborado pelas demais análises taxonômicas: GGDC (20,1%; >70%), ANI (75,46%; >95~96%) e AAI (76,49;>95~96%). A anotação genômica revelou 16 clusters de genes biossintéticos (BGCs) relacionados à síntese de metabólitos secundários, das classes: TPKS, RiPP, terpenos, NI-sideróforos, NRPS e NAPAA. Entre esses, 14 BGCs não apresentaram similaridade com produtos naturais conhecidos e 2 BGCs



CONGRESSO BRASILEIRO DE MICROBIOLOGIA
25 A 28 DE OUTUBRO DE 2025
ARACAJU | SERGIPE



SUSTAINABILITY & FOOD SAFETY
Aracaju - SE - Brazil
October 25th to 28th

apresentaram similaridade com flexirubin e fulvivirgamide. Em adição, a análise do genoma de Chitinophaga sp. CPAA-A307 revelou capacidades funcionais para metabolização de carboidratos e proteínas, assimilação de ferro e amônia, bem como biossíntese de fitohormônios e alcaloides derivados de L-lisina. Neste estudo, apresentamos Chitinophaga sp. CPAA-A307 como uma possível nova espécie que apresenta BGCs capaz de produzir novos produtos naturais e desempenhar funções ecológicas relevantes, com potencial aplicação nas áreas médica e agrícola.

Palavras chave: Clusters gênicos biossintéticos, mineração genômica, diversidade microbiana da amazônia.

Agradecimentos: Os autores agradecem à Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado do Amazonas (FAPEAM Processo nº464/2025-CD/FAPEAM) e ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) que através do Projeto PPBio- proc. 441260/2023-3 financiou as coletas dos anuros e Edital Pró-Amazônia Processo nº: 445406/2024-0 que financiou as análises genômicas.