

ID TRABALHO: 204/2847-0

ÁREA DO TRABALHO: GENÉTICA DE MICROORGANISMOS E BIOINFORMÁTICA

TÍTULO DO TRABALHO: Bioprospecção De Smorfs Em Metagenoma De Solo De Terra Firme Na Amazônia

AUTORES: Joelma Dos Santos Fernandes, Thiago Fernandes Sousa, Gilvan Ferreira Da Silva

INSTITUIÇÃO: Embrapa Amazônia Ocidental, Manaus – AM

RESUMO:

As smORFs (small Open Reading Frames) são pequenos quadros de leitura aberta que codificam microproteínas com até 100 aminoácidos e vêm sendo reconhecidas por suas funções bioativas, atuando como bioestimulantes, antimicrobianos, indutores de resistência ou mediadoras das interações planta-microrganismo, contribuindo para práticas agrícolas mais sustentáveis. Com os avanços da metagenômica e da bioinformática, tem-se demonstrado que essas estruturas codificam peptídeos funcionais com papéis relevantes na ecologia microbiana. Nesse contexto, o solo amazônico, caracterizado por sua elevada diversidade microbiana e pressões seletivas singulares, representa um reservatório promissor para a descoberta de novas smORFs com potencial biotecnológico. Este estudo teve como objetivo caracterizar smORFs obtidas a partir do metagenoma de solo da Reserva de Desenvolvimento Sustentável do Rio Negro (Amazonas). O metagenoma foi sequenciado por tecnologia nanopore (ONT), montado com o metaFlye, e as smORFs foram preditas por meio do pyrodigal; análises de qualidade, distribuição ecológica e classificação taxonômica foram conduzidas com o GSMC, enquanto a identificação de domínios conservados foi realizada com o EggNOG-mapper. Foram identificadas 114.104 smORFs, das quais 12,35% (14.097) apresentaram alta qualidade; quanto à distribuição ecológica, 27,22% (31.055) estavam associadas a um único habitat (predominando solo e intestino de cupins), enquanto 72,78% (83.049) foram detectadas em múltiplos ambientes (solo, água, plantas, animais, humanos, entre outros), evidenciando ampla versatilidade ecológica. A classificação taxonômica indicou que 96,42% (110.016) das smORFs possuíam anotação taxonômica, com atribuições distribuídas entre os níveis de reino (32,76%), filo (7,29%), classe (13,95%), ordem (4,80%), família (13,61%), gênero (9,66%) e espécie (14,35%); os filos mais abundantes foram Proteobacteria, Acidobacteriota e Actinomycetota, enquanto os gêneros predominantes incluíram Bradyrhizobium, Mycobacterium e Acidobacterium. Além disso, 18.984 smORFs (16%) apresentaram domínios conservados da base CDD, sugerindo origem por terminação precoce de genes maiores. A análise funcional revelou que a maioria das smORFs (34.119) está associada a funções desconhecidas, indicando potencial para novas descobertas, seguida por funções relacionadas ao metabolismo e transporte de aminoácidos (15.693), conversão e produção de energia (15.371) e outras que, juntas, representaram cerca de 50% das smORFs analisadas. Este trabalho revela, pela primeira vez,



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



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

a paisagem funcional e taxonômica de microproteínas em metagenoma de solo de floresta de terra firme amazônica, abrindo caminho para a prospecção de novos recursos genéticos com elevado valor biotecnológico.

Palavras chave: smORFs, Metagenoma, Solo amazônico

Agradecimentos: Os autores agradecem ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) pelo apoio financeiro (Processo nº: 445406/2024-0/ CNPq Edital Pró-Amazônia).

