

ID TRABALHO: 204/3028-0

ÁREA DO TRABALHO: MICROBIOLOGIA AMBIENTAL

TÍTULO DO TRABALHO: Análise Metataxonômica Da Comunidade Microbiana Associada À Geleia De Desova De Anomaloglossus Stepheni

AUTORES: Emerson Freires Viana, Rafael Souza Rodrigues, Thiago Fernandes Sousa, Albertina Pimentel Lima, Gilvan Ferreira Silva

INSTITUIÇÃO: Embrapa Amazônia Ocidental, UFAM, INPA

RESUMO:

Análise metataxonômica da comunidade microbiana associada à geleia de desova de *Anomaloglossus stepheni*

1Emerson Freires Viana, 1,2Rafael de Souza Rodrigues, 1Thiago Fernandes Sousa, 3Albertina Pimentel Lima, 1Gilvan Ferreira da Silva.

1Embrapa Amazônia Ocidental, Manaus, AM 69010-970, Brazil

2Universidade Federal do Amazonas, Manaus, AM 69067-005, Brasil

3Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia-INPA, Manaus, AM 69067-375, Brasil

Anomaloglossus stepheni é uma espécie de anfíbio anuro pertencente à família Aromobatidae. Distribui-se na região amazônica, incluindo o Brasil (particularmente na Reserva Florestal Adolpho Ducke, próxima a Manaus), Suriname e Guiana Francesa. Os machos medem entre 14 e 17 mm, enquanto as fêmeas alcançam de 16 a 18 mm de comprimento. Este estudo, teve por objeto, analisar a composição microbiana da geleia de desova de *A. stepheni*. Três amostras de geleias de diferentes indivíduos foram coletadas na Reserva Florestal Adolpho Ducke. Das geleias 200µl foram submetidos a extração de DNA

genômico. A amplificação da região 16S foi realizada por reação em cadeia da polimerase (PCR), utilizando primers 27F e 1492R. O sequenciamento dos amplicons foi realizado via nanopore utilizando o dispositivo Promethion P2 solo (Oxford Nanopore Technologies) usando 200 ng da PCR. As reads correspondentes ao gene 16S rRNA foram classificadas taxonomicamente utilizando a ferramenta Kraken2 com o banco de dados SILVA138. As reads atribuídas ao nível de gênero foram recuperadas para análises comparativas de abundância e composição diferencial de táxons, realizadas com o pacote ggplot2. Além disso, para investigar mais profundamente a diversidade do gênero *Muciluginibacter* identificado nas amostras, foi realizada uma análise filogenética específica. Sequências 16S rRNA com comprimento superior a 700 pb atribuídas ao gênero *Muciluginibacter* foram selecionadas das amostras e comparadas com sequências de espécies-tipo disponíveis em bancos de dados. A análise filogenética foi conduzida por meio de inferência de máxima verossimilhança (maximum likelihood) utilizando o software IQ-TREE, com 1000 réplicas de bootstrap para avaliar o suporte estatístico dos ramos. Os resultados revelaram que os dez gêneros mais abundantes e presentes nas 3 geleias foram: *Bacteriovorax* e *Bdellovibrio*, seguido de *Flavobacterium*, *Muciluginibacter*, *Chthoniobacter*, *Chitinophaga*, *Bacillus*, *Chromobacterium*, *Turicibacter* e *Burkholderia*. Os 2 gêneros mais abundantes são reconhecidos por serem predadores de bactérias gram negativas por invasão do espaço periplasmático e produção de sphingolipideos, os quais são raramente produzidos em procariotos, enquanto *Muciluginibacter* e *Chitinophaga* são reconhecidos pela produção de exopolissacarídeos e peptídeos bioativos. A análise filogenética usando reads de *Muciluginibacter* em comparação com espécies tipo revelou que potenciais espécies novas desse gênero estão presentes nas geleias analisadas com a formação de clados únicos. Esses resultados revelam que geleias produzidas por *A. stepheni* podem ser um repositório de novas espécies e de espécies conhecidas com potencial biotecnológico.

Palavras chave: *Anomaloglossus stepheni*, Geleia de Desova, Metataxonômica, Novas espécies, potencial biotecnológico.

Agradecimentos: Os autores agradecem à Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado do Amazonas (FAPEAM) e ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) que através do Programa de Pesquisa em Biodiversidade da Amazônia Ocidental (PPBio-AmOc, CNPq Proc. 441260/2023-3) financiou as coletas dos anuros e Edital Pró-Amazônia Processo nº: 445406/2024-0 que financiou as análises genômicas.