

# ABORDAGEM METAGENÔMICA DE MICRORGANISMOS DAS ÁGUAS DO RIO JURUÁ

Samára Ferreira Santos<sup>1,2</sup>; Cláudia Afras de Queiroz<sup>1,2</sup>; Annie de Souza e Silva<sup>1,2</sup>;  
Jeferson Chagas da Cruz<sup>1</sup>; Gilvan Ferreira da Silva<sup>1</sup>; Rogério Eiji Hanada<sup>2</sup>.

<sup>1</sup>Embrapa Amazônia Ocidental

<sup>2</sup>Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia - PPG Agricultura dos Trópicos Úmidos.  
E-mail: [samara.baggins@gmail.com](mailto:samara.baggins@gmail.com) & [rhanada.inpa@gmail.com](mailto:rhanada.inpa@gmail.com)

As interações simbióticas entre microrganismos e seus hospedeiros desempenham um papel crucial no equilíbrio e na resiliência dos ecossistemas, resultando na produção ou indução de metabólitos secundários (MS), que trazem benefícios significativos às plantas. Esses benefícios incluem a promoção do crescimento, aumento da tolerância a estresses abióticos, defesa contra patógenos e redução da herbivoria. Com o avanço das ferramentas de bioinformática e plataformas de sequenciamento de última geração, a exploração de novos produtos naturais a partir de dados genômicos tem se tornado uma abordagem promissora. Isso facilita a descoberta de compostos bioativos com potencial biotecnológico, com aplicações em áreas como agricultura e medicina. O presente estudo teve como objetivo realizar uma análise metagenômica *in silico* do potencial de produção de metabólitos secundários por microrganismos presentes em amostras de água do rio Juruá, uma área rica em biodiversidade. As amostras foram coletadas em junho de 2018, em uma região localizada a 03° 28' 52" S de latitude e 66° 04' 08" W de longitude, com uma altitude de 55 metros. O DNA das amostras foi extraído usando o kit DNeasy® Blood and Tissue (Qiagen®, EUA) e sua qualidade foi avaliada por espectrofotometria (NanoDrop 1000, Thermo). A integridade do DNA foi verificada em gel de agarose a 0,8%, e o DNA foi quantificado em fluorômetro Qubit® 2.0 (Life Technologies®). Após essa etapa, o DNA foi enviado à Genohub Inc. para sequenciamento metagenômico, utilizando o sistema Illumina HiSeq 2500, com 150 leituras emparelhadas e uma qualidade de Q30>80%. A análise dos clusters gênicos biossintéticos (BGCs) foi realizada utilizando o pipeline antiSMASH versão 7, com foco na identificação de clusters associados à síntese de metabólitos secundários. Esses clusters foram comparados ao banco de dados MIBiG para identificação de compostos previamente conhecidos. A análise genômica resultou na predição de 82 BGCs, sendo que 4 deles apresentaram alta similaridade com clusters já descritos na literatura. No total, foram identificadas 12 classes de moléculas distintas, incluindo peptídeos não ribossomais (NRPSs), policetídeos sintéticos (PKSs), terpenos e híbridos. A diversidade de moléculas bioativas identificadas sugere um elevado potencial para a descoberta de novos compostos com atividades relevantes, com aplicações potenciais na farmacologia e em biotecnologia. A descoberta dessas moléculas pode ser valiosa na produção de antibióticos e no controle biológico de pragas, destacando a importância da prospecção metagenômica em ambientes ricos em biodiversidade, como o rio Juruá. Este estudo revela o potencial biotecnológico dos microrganismos presentes na Amazônia para a produção de novos metabólitos secundários, contribuindo para o avanço em diversas áreas da ciência e tecnologia.

**Palavras-chave:** Bioatividade, Biotecnologia, BGCs, Produtos Naturais

**Apoio:** Os autores agradecem à Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado do Amazonas pelo suporte financeiro e concessão de Bolsas de estudo obtido a partir do programa Biodiversa (Edital N° 007/2021). Ao Conselho Nacional de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior CAPES-Procad AmazonMicro e CAPES-Amazônia Legal.