

Composição e diversidade do microbioma associado à esponja de água doce *Metania* sp. (Porifera) por abordagem metagenômica

Alves¹, C P P; Mota², S S; Pappas Jr³, G J; Krüger⁴; R H

(1) Doutoranda no PPG em Biologia Microbiana, (2) Professora colaboradora Universidade do Ceará, (3) Professor Universidade de Brasília (3) Professor Universidade de Brasília - Orientador

cppalves@gmail.com

Resumo

As esponjas são os metazoários mais antigos no planeta e sua história evolutiva está estreitamente relacionada às associações simbióticas com microrganismos. O conhecimento atual sobre o microbioma de esponjas é baseado em 95% das espécies de esponjas marinhas, enquanto menos de 10% das espécies de água doce tem seu microbioma estudado. Este trabalho tem o objetivo de conhecer a composição, diversidade taxonômica e funcional do microbioma associado à espécie de água doce *Metania* sp., a fim de compreender o papel da associação esponja-microbiota no ambiente, empregando a abordagem metagenômica. Esponja e água circundante foram coletadas em quatro pontos, em triplicata, em um complexo de cachoeiras na Chapada dos Veadeiros (Cavalcante-GO). As esponjas foram fixadas em etanol 75% e a água foi filtrada em membranas de 0,22 µm, ambos congeladas em seguida. O DNA total foi extraído com kits comerciais e sequenciado com sistema Illumina (150pb PE-reads). As sequências curtas de DNA (*reads*) foram processadas para limpeza de artefatos e adaptadores (BBtools), montados em sequências contíguas (*contigs*) (Megahit) e classificados em *bins* (Maxbin2). O perfil taxonômico dos *contigs* foi determinado pela classificação de genes marcadores de cópia única, com base no GTDB (SingleM pipe). A caracterização filogenética do hospedeiro, baseada nas análises de sequências de genes marcadores *cox1* e 28S rRNA, indicou que *Metania* sp. pertence ao clado Spongillida e a descrição morfológica sugere que esta possa ser uma nova espécie do gênero. A análise metagenômica das amostras de esponja e água circundante revelou um perfil taxonômico composto por 243 *taxa* (241 Bacteria, dois Archaea). O domínio Bacteria foi mais abundante (99%), apresentando 16 filos, 23 classes, 45 ordens, 69 famílias (excluindo *taxa* não classificados). Os filos Pseudomonadota, Actinomycetota e Bacteroidota foram os mais abundantes nos microbiomas da esponja e da água circundante. Estes grupos apresentam ampla distribuição e diversidade fisiológica, sendo reconhecidos por sua capacidade de degradação de compostos aromáticos e carboidratos e síntese de componentes bioativos. Verrucomicrobiota e Cyanobacteria foram menos abundantes e ocorreram em ambos microbiomas. A diversidade alfa de Shannon não diferiu entre o microbioma de *Metania* sp. e a água circundante, enquanto a diversidade beta revelou uma alta dissimilaridade (*Bray-Curtis*) entre os microbiomas, sendo o superfilo

Patescibacteria o principal contribuinte dessa diferenciação. Há registros desse superfilo em microbiomas de esponjas, o qual é conhecido por apresentar capacidades biosintéticas limitadas e por adotar um estilo de vida simbiótico, características relevantes para entender as interações ecológicas no microbioma da esponja. Portanto, a anotação funcional dos genomas recuperados de metagenoma (MAGs) trará maior compreensão das funções metabólicas envolvidas na associação entre *Metania* sp. e seus microrganismos simbiontes, o que poderá revelar novas informações sobre os mecanismos de troca metabólica e os benefícios ecológicos dessa interação.

Palavras-chave: Microrganismos; Metazoários; Simbiose; Metagenoma.

Referências Bibliográficas

Hentschel, U., Piel, J., Degnan, S. M., & Taylor, M. W. (2012). Genomic insights into the marine sponge microbiome. Em *Nature Reviews Microbiology* (Vol. 10, Número 9, p. 641–654). <https://doi.org/10.1038/nrmicro2839>

Lo Giudice, A., & Rizzo, C. (2023). Freshwater Sponges as a Neglected Reservoir of Bacterial Biodiversity. *Microorganisms*, 12(1), 25. <https://doi.org/10.3390/microorganisms12010025>

Lo Giudice, A., Papale, M., Rizzo, C., Giannarelli, S., Caruso, G., Aspholm, P. E., Maimone, G., & Azzaro, M. (2024). First report on pollutant accumulation and associated microbial communities in the freshwater sponge *Spongilla lacustris* (Linnaeus, 1759) from the sub-Arctic Pasvik River (Norway). *Water Environment Research*, 96(5). <https://doi.org/10.1002/wer.11039>

Schmitt, S., Tsai, P., Bell, J., Fromont, J., Ilan, M., Lindquist, N., Perez, T., Rodrigo, A., Schupp, P. J., Vacelet, J., Webster, N., Hentschel, U., & Taylor, M. W. (2012). Assessing the complex sponge microbiota: Core, variable and species-specific bacterial communities in marine sponges. *ISME Journal*, 6(3), 564–576. <https://doi.org/10.1038/ismej.2011.116>

Thomas, T., Moitinho-Silva, L., Lurgi, M., Björk, J. R., Easson, C., Astudillo-García, C., Olson, J. B., Erwin, P. M., López-Legentil, S., Luter, H., Chaves-Fonnegra, A., Costa, R., Schupp, P. J., Steindler, L., Erpenbeck, D., Gilbert, J., Knight, R., Ackermann, G., Victor Lopez, J., ... Webster, N. S. (2016c). Diversity, structure and convergent evolution of the global sponge microbiome. *Nature Communications*, 7. <https://doi.org/10.1038/ncomms11870>