

Potencial funcional do microbioma associado à esponja de água doce do Cerrado *Metania* sp. (Haplosclerida: Metaniidae), uma abordagem metagenômica

Alves¹, C P P; Mota², S.S.; Krüger³; R H

(1) Doutoranda no PPG em Biologia Microbiana, (2) Professora na Universidade do Distrito Federal (UnDF), (3) Professora Universidade de Brasília - Orientador
cupalves@gmail.com

Resumo

Esponjas (Porifera) são organismos sésseis e filtradoras, cruciais para a purificação da água, ciclagem da matéria orgânica e balanço energético em ecossistemas aquáticos. Sua relação simbiótica com microrganismos é antiga, com as comunidades microbianas fornecendo nutrientes (vitaminas e aminoácidos), produzindo metabólitos secundários e participando dos ciclos biogeoquímicos (carbono, nitrogênio, fósforo e enxofre). Além de seu papel ecológico, as esponjas são fontes promissoras de compostos bioativos, provavelmente originados de bactérias. Este estudo explorou o potencial funcional do microbioma da esponja de água doce *Metania* sp. e da água circundante, utilizando uma abordagem metagenômica. Amostras de *Metania* sp. e de água foram coletadas em um ambiente lótico no Cerrado brasileiro (Chapada dos Veadeiros, GO). O DNA total foi extraído e sequenciado (Illumina). As sequências curtas foram processadas (BBtools) e montadas (Megahit). Os quadros de leitura abertos (ORFs) foram preditos (Prodigal) e os genes anotados usando eggNOGmapper com o banco de dados KEGG. Os genes preditos foram mapeados para cálculo de cobertura (Bowtie2, Samtools e CoverM). Os resultados foram interpretados a partir do enriquecimento das vias metabólicas e análise de abundância diferencial dos Ortólogos KEGG (KOs) (DESeq2). Clusters de Genes Biossintéticos (BGCs) também foram identificados (Antismash). A predição funcional de procariotos resultou em 7.201 KOs, atribuídos a 117 vias KEGG enriquecidas significativamente. Destas, 95 são compartilhadas entre os microbiomas da esponja e da água. As vias mais enriquecidas no geral são centrais para o metabolismo microbiano, como biossíntese de cofatores, metabolismo de carbono e biossíntese de aminoácidos e açúcar nucleotídeo. Vias enriquecidas apenas no microbioma de *Metania* sp. estão relacionadas ao processamento da informação genética, metabolismo lipídico, metabolismo de outros aminoácidos e biossíntese de metabólitos secundários. Em contraste, o microbioma aquático prevaleceu em vias ligadas à biossíntese de metabólitos secundários, degradação de poluentes orgânicos complexos e xenobióticos. A análise de abundância diferencial identificou 1.024 KOs diferencialmente abundantes

no microbioma associado a *Metania sp.* e 1.275 KOs no microbioma aquático ($p\text{-adj} < 0.05$ e $|\log_2\text{FoldChange}| > 1$). A abundância de sistemas de defesa bacteriana, como CRISPR-Cas e recombinação homóloga, no microbioma associado à esponja, sugere um papel crucial na manutenção da simbiose, protegendo o microbioma contra fagos e elementos genéticos móveis. A identificação de BGCs reforça o potencial do microbioma de *Metania sp.* para produzir metabólitos secundários com diversas atividades biológicas (ex. agentes antimicrobianos), que podem auxiliar na defesa do hospedeiro. O microbioma de *Metania sp.* parece especializado para a sobrevivência dentro do hospedeiro, com funções que conferem estabilidade genômica, metabolismo lipídico e sistemas de defesa microbiana, enquanto a microbiota aquática é enriquecida com vias ligadas à adaptação ambiental e degradação de poluentes. Este estudo demonstra que a esponja *Metania sp.* hospeda uma comunidade microbiana complexa e funcionalmente especializada que desempenha um papel fundamental na adaptação, nutrição e defesa do holobionte, contribuindo significativamente para a compreensão das relações simbióticas em esponjas de água doce.

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

Referências

- 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>
- Torrance, E. L., Burton, C., Diop, A., & Bobay, L. M. (2024). Evolution of homologous recombination rates across bacteria. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, *121*(18). <https://doi.org/10.1073/pnas.2316302121>
- Sugden, S., Holert, J., Cardenas, E., Mohn, W., & Stein, L. Y. (2022). Microbiome of the freshwater sponge *Ephydatia muelleri* shares compositional and functional similarities with those of marine sponges. *ISME Journal*, *16*(11), 2503–2512. <https://doi.org/10.1038/s41396-022-01296-7>
- Ganesan, R., Wierz, J. C., Kaltenpoth, M., & Flórez, L. V. (2022). How It All Begins: Bacterial Factors Mediating the Colonization of Invertebrate Hosts by Beneficial Symbionts. *Microbiology and Molecular Biology Reviews*, *86*(4). <https://doi.org/10.1128/membr.00126-21>
- Horn, H., Slaby, B. M., Jahn, M. T., Bayer, K., Moitinho-Silva, L., Förster, F., Abdelmohsen, U. R., & Hentschel, U. (2016). An Enrichment of CRISPR and other defense-related features in marine

sponge-associated microbial metagenomes. *Frontiers in Microbiology*, 7(NOV).
<https://doi.org/10.3389/fmicb.2016.01751>

Karimi, E., Ramos, M., Gonçalves, J. M. S., Xavier, J. R., Reis, M. P., & Costa, R. (2017). Comparative metagenomics reveals the distinctive adaptive features of the *Spongia officinalis* endosymbiotic consortium. *Frontiers in Microbiology*, 8(DEC).
<https://doi.org/10.3389/fmicb.2017.02499>

Hifnawy, M. S., Hassan, H. M., Mohammed, R., Fouda, M. M., Sayed, A. M., Hamed, A. A., AbouZid, S. F., Rateb, M. E., Alhadrami, H. A., & Abdelmohsen, U. R. (2020). Induction of antibacterial metabolites by co-cultivation of two red-sea-sponge-associated actinomycetes micromonospora sp. UR56 and *Actinokinespora* sp. EG49. *Marine Drugs*, 18(5).
<https://doi.org/10.3390/md18050243>