

Medicina Veterinária

PAN-GENOMA DE ESPÉCIES DE *Pseudochrobactrum* DE ORIGEM CLÍNICA E AMBIENTAL

Laís Gabrielle Alvarenga Assis - 8º módulo de Medicina Veterinária, UFLA, iniciação científica voluntária.

Raquel Costa Neia - 8º módulo de Biomedicina, UFF.

Carine Rodrigues Pereira - Pós-graduanda do Departamento de Medicina Veterinária, UFLA – Coordenadora.

Andrey Pereira Lage - Professor da Escola de Veterinária, UFMG.

Elaine Maria Seles Dorneles - Professora do Departamento de Medicina Veterinária, UFLA – Orientadora. - Orientador(a)

Resumo

O gênero *Pseudochrobactrum*, descrito em 2006, é composto por cinco espécies isoladas de seres humanos, animais e do meio ambiente. Por se tratar de um microrganismo reportado pela primeira vez há menos de duas décadas, pouco se sabe sobre seu repertório gênico e sua adaptação em vários nichos. Objetivou-se realizar um estudo de pan-genoma comparando doze sequências de espécies de *Pseudochrobactrum*. Os dados de sequenciamento completo foram obtidos na plataforma National Center for Biotechnology Information (NCBI). As sequências foram montadas utilizando os programas Unicycler e SPAdes, avaliadas no QUAST, e processadas no GenomeFinisher. Posteriormente, todas as sequências foram analisadas no bbmap e anotadas utilizando o Prokka. O arquivo de extensão “.gff” foi utilizado para análise de pan-genoma no programa Roary e o programa FASTtree possibilitou a visualização da árvore filogenômica. Os genomas tiveram uma média de 4,00 Mb, 51,45% de conteúdo guanina-citosina (GC), 62 contigs, 3635 regiões codantes (CDS). Foram encontrados um total de 11.237 genes dos quais 6.154 estão presentes em menos de 15% das amostras, 4.107 entre 15 e 95% das amostras, e 976 em mais de 95% das amostras. Observou-se na árvore filogenômica que os genomas da mesma espécie se agruparam nos mesmos clados, conforme já esperado. Porém, alguns genomas até então classificados apenas a nível de gênero puderam ser identificados em nível de espécie a partir desta análise. Além disso, foi possível confirmar que determinadas espécies como *P. saccharolyticum*, *P. lubricantis* e *P. algeriensis* são mais similares entre si, e se encontram bem distantes das espécies *P. asaccharolyticum* e *P. kiredjianiae*. A análise de pan-genoma possibilitou identificar que apenas 8,69% dos genes deste gênero pertencem ao core-genoma, ou seja, são compartilhados por todos os organismos até então analisados nesta espécie, o que evidencia a grande diversidade do gênero, até então pouco caracterizado. Conclui-se que apesar de existirem dois principais grupos de espécies mais similares entre si, a variabilidade a nível de gênero é elevada.

Palavras-Chave: Bioinformática, filogenômica, sequenciamento.

Instituição de Fomento: UFLA, CAPES, FAPEMIG, CNPq

Link do pitch: <https://youtu.be/sjVankDJKd8>