

# Detecção de Ilhas Genômicas em *Paenibacillus riograndensis*

Renan Zanini Porto<sup>1 3</sup> Fernando Hayashi Sant'Anna<sup>2 3</sup> Luciane Passaglia<sup>2 3</sup>

<sup>1</sup>Graduando em Biotecnologia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul – UFRGS

<sup>2</sup>Orientador, Universidade Federal do Rio Grande do Sul – UFRGS

<sup>3</sup>Núcleo de microbiologia agrícola, Departamento de Genética, Instituto de Biociências- IB, UFRGS

Contato: renanzaniniporto@hotmail.com

## INTRODUÇÃO

Bactérias do solo geralmente enfrentam maiores variações ambientais do que bactérias patogênicas. Por isso, para sobreviverem no solo, as bactérias possuem genomas maiores e mais diversos, propensos a adquirir genes horizontalmente. Em vista disso, esses genomas bacterianos constituem um valioso repositório de genes e proteínas de potencial biotecnológico. A espécie bacteriana *Paenibacillus riograndensis*, alvo do presente estudo, atende a esses pressupostos.

## OBJETIVOS

Este estudo objetiva identificar ilhas genômicas (IGs), porções de DNA recentemente adquiridas horizontalmente, nos genomas de *P. riograndensis* e linhagens relacionadas (*Paenibacillus graminis*, *Paenibacillus jilunli*, *Paenibacillus* sp. HW567), a fim de elucidar possíveis vantagens adaptativas conferidas por esses elementos genéticos.

## METODOLOGIA

1) Montagem do genoma de *P. riograndensis* CAR114: A montagem foi realizada com os softwares SPADES 3.8.1 e A5 Pipeline. O software QUAST 4.2 foi usado para comparar e avaliar a qualidade das montagens.

	SPADES	A5 PIPELINE
Contigs	592	1156
Maior contig (pb)	134.104	136.638
N50	26.108	11.051

Figura 1. O software SPADES apresentou melhor qualidade na montagem, avaliada pelo valor de N50 e o número menor de contigs.

2) Anotação: Foi usado o servidor RAST para a anotação automática do genoma montado.

3) Detecção de IGs: O servidor ISLANDVIEWER 3 foi utilizado na predição de transferência horizontal em SBR5, detectando padrões de sequência aberrantes ao longo do genoma (análise paramétrica).

4) Detecção de regiões de homologia entre os genomas: Foi utilizado o software BRIG para detectar regiões de homologia entre os genomas de espécies de *Paenibacillus* relacionadas através de tblastn, usando o genoma completo de *Paenibacillus riograndensis* SBR5 como referência.

## RESULTADOS

Foram descobertos duzentos e setenta e nove genes pelo servidor ISLANDVIEWER 3, sendo oitenta e dois genes pelo método DIMOB e cento e noventa e sete pelo método ISLANDPICK. Até o momento foram identificados alguns gaps que coincidem com algumas ilhas genômicas preditas pelo ISLANDVIEWER 3.

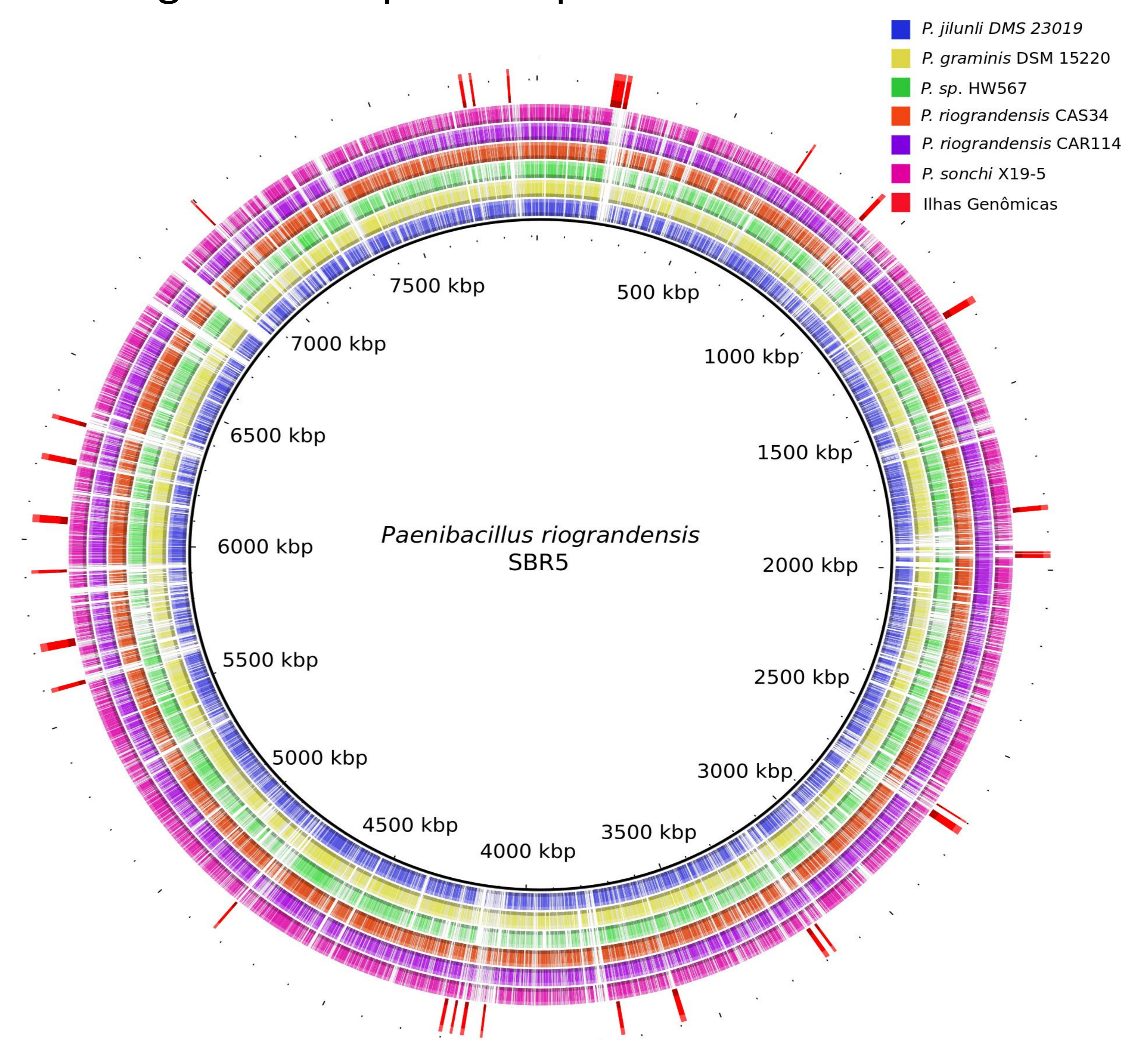


Figura 3. A coincidência entre alguns gaps e ilhas genômicas preditas no ISLANDVIEWER, retiradas dos dados integrados de todos os métodos utilizados, em comparação com o genoma das cinco linhagens disponíveis no GenBank e o genoma montado neste projeto.

## PERSPECTIVAS

Análises filogenéticas por máxima verossimilhança serão realizadas através do software PHYML para reconstruir a história evolutiva de genes detectados pelo ISLANDVIEWER 3 com o objetivo de correlacionar a presença de genes adquiridos horizontalmente com as características fisiológicas e ecológicas das espécies investigadas. Também serão analisados os domínios das proteínas hipotéticas.

## REFERÊNCIAS

1. Brito LF, Bach E, Kalinowski J, Rückert C, Wibberg D, Passaglia LM, Wendisch VF (2015). Complete genome sequence of *Paenibacillus riograndensis* SBR5(T), a Gram-positive diazotrophic rhizobacterium, Elsevier, DOI: 10.1016/j.jbiotec.2015.04.025. PMID: 25959170.
2. NF Alikhan, NK Petty, NL Ben Zakour, SA Beatson (2011). BLAST Ring Image Generator (BRIG): simple prokaryote genome comparisons, BMC Genomics, DOI: 10.1186/1471-2164-12-402. PMID: 21824423.
3. Dhillon BK, Laird MR, Shay JA, Winsor GL, Lo R, Nizam F, Pereira SK, Waglechner N, McArthur AG, Langille MG, Brinkman FS. 2015. IslandViewer 3: More flexible, interactive genomic island discovery, visualization and analysis. Nucleic Acids Res 43:W104 – W108. <http://dx.doi.org/10.1093/nar/gkv401>.