



**Universidade:
presente!**

UFRGS
PROPEAQ



XXXI SIC

21. 25. OUTUBRO • CAMPUS DO VALE

Evento	Salão UFRGS 2019: SIC - XXXI SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2019
Local	Campus do Vale - UFRGS
Título	O papel da bioinformática na análise do microbioma da cavidade bucal
Autor	MAGNUS RIFFEL KERBER
Orientador	RODRIGO ALEX ARTHUR

O papel da bioinformática na análise do microbioma da cavidade bucal

Magnus Riffel Kerber ¹

Rodrigo Alex Arthur ¹

¹Laboratório de Bioquímica e Microbiologia – Universidade Federal do Rio Grande do Sul

RESUMO

A composição do microbioma oral é influenciada pelas condições do ambiente oral. Alterações nas condições locais podem afetar as interações dos micro-organismos que fazem parte deste microbioma e assim, determinar se o estado da relação entre os micro-organismos e o hospedeiro é simbiótico ou não. Quando relações disbióticas são estabelecidas ocorre o aumento da proporção de micro-organismos relacionados a doenças bucais, dentre as quais se destaca a doença cárie dentária. No grupo de pesquisa da Cariologia UFRGS, diversos estudos têm sido conduzidos para avaliar o papel do microbioma na cárie dentária. No entanto, a quantidade de dados oriundos de pesquisa com metagenômica/metatranscriptoma é enorme e faz com que a equipe de trabalho necessite de um bioinformata para uma correta análise dos dados. A bioinformática, então, torna-se uma poderosa ferramenta, sendo pilar fundamental na análise do microbioma. Diversas “pipelines” estão disponíveis para a análise dos dados. A escolha de uma ferramenta adequada é fundamental na obtenção dos resultados. O objetivo desse estudo é analisar sequências brutas do microbioma de amostras clínicas de biofilme supragengival e de dentina radicular pela pipeline SqueezeMeta. Inicialmente, tais sequências serão tratadas com o software Trimmomatic para remoção de fragmentos menores que 150bp e erro de leitura maior do que 0,5. A montagem dos contigs será realizada através do software Megahit em modo “co-assembly”, onde os contigs de diferentes amostras são comparados entre si, possibilitando uma análise mais profunda da funcionalidade do microbioma. A predição dos genes presentes na amostra será realizada pelo software Prodigal e a classificação taxonômica será feita utilizando Diamond. Diamond compara as sequências anotadas com diversos bancos de dados taxonômicos e funcionais: primeiramente com o banco de dados GenBank de sequências não redundantes (GenBank nr database) para realizar a anotação taxonômica; a comparação com o banco de dados EggNOG é responsável por gerar anotações de genes ortólogos (COG/NOG); ocorrerá também a comparação com o banco de dados KEGG para anotação via KEGG ID. Para estimar a abundância de cada contig da amostra e remover sequências do hospedeiro, o software Bowtie2 será a escolha. O processo de “binning”, onde algoritmos agrupam contigs vindos de um mesmo genoma baseado na sua cobertura e covariação entre as amostras, será realizado pelos softwares MaxBin e MetaBat2. A qualidade dos bins será checada por CheckM. Por último, então, o algoritmo de SqueezeMeta combina os dados gerados e seu “output” contém as informações sobre taxonomia, função, abundância de OTU’s por amostra, as sequências gênicas e de aminoácidos. O output gerado será organizado utilizando a linguagem de programação R, com o suporte de pacotes para análises de dados ecológicos (Vegan, BiodiversityR, Phyloseq), será então feita a análise estatística e de diversidade microbiana das amostras analisadas.

Apoio: Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico – CNPq.

Demais autores: Clarissa Cavalcanti Fatturi Parolo, Daniela Corralo, Thuy Do, Lais Daniela Ev, Mariel Barbachan e Silva, Marisa Maltz.