



**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	Genoma completo de um bacteriófago detectado em soros de suínos
Autor	ARTHUR TONIETTO MANGINI
Orientador	PAULO MICHEL ROEHE

Genoma completo de um bacteriófago detectado em soros de suínos

Autores: Arthur Tonietto Mangini

Orientador: Paulo Roehle

Instituição de Origem: Universidade Federal do Rio Grande do Sul

Os bacteriófagos são vírus que infectam bactérias sendo considerados a entidade biológica mais abundante do planeta. Dentre estes, os microvírus (família *Microviridae*), têm sido identificados em diferentes ecossistemas e também em amostras de fezes de diversos hospedeiros. A família *Microviridae* divide-se em duas subfamílias: *Bullavirinae*, formada por fagos que infectam enterobactérias e *Gokushovirinae*, composta por fagos que infectam bactérias intracelulares obrigatórias (como *Chlamydia*, *Spiroplasma* e *Bdellovibrio*). No presente estudo, é apresentada a primeira descrição de um genoma completo de um gokushovirus, membro da subfamília *Gokushovirinae*. O genoma foi identificado a partir de um *pool* de soros de suínos domésticos com sinais de doença respiratória. O *pool* foi submetido a filtração (0,22 µm), ultracentrifugado a 120.000 x g, tratado com endonucleases e o DNA extraído com fenol, sendo então amplificado randomicamente com DNA polimerase do fago phi29. A seguir, o DNA foi purificado e submetido ao sequenciamento de alto desempenho (plataforma *Illumina, Miseq*). As *reads* obtidas a partir do sequenciamento foram tratadas e utilizadas para montagem *de novo* dos *contigs* por meio do programa SPAdes v.13.0.0. Os *contigs* foram então comparados as sequências do banco de dados público do NCBI (GenBank). Um genoma completo de gokushovirus contendo 4290 nt e quatro ORFs (VP1, VP2, VP4 e VP5) foi identificado. A análise filogenética foi realizada com base na sequência de aminoácidos da VP1. A sequência identificada foi comparada com outras 31 sequências disponíveis no banco de dados, mostrando que o genoma identificado trata-se de um membro da subfamília *Gokushovirinae*. Especula-se que esse achado possa ser o reflexo de uma bacteremia, ou de uma transcitose, onde os fagos presentes no lúmen intestinal poderiam cruzar o epitélio intestinal e alcançar a corrente sanguínea do hospedeiro.