

# Análise de ferramentas de genômica comparativa em estudo de caso e elementos genéticos móveis no fitopatógeno *Xylella fastidiosa*

Oséias Feitosa-Junior, Aline da Silva; Luciano Digiampietri

Universidade Virtual do Estado de São Paulo/ Escola de Artes, Ciências e Humanidades da Universidade de São Paulo

oseias.rf.junior@gmail.com

## Objetivos

Os objetivos neste projeto de pesquisa são a análise de genômica comparativa e a análise completa dos EGMs de *Xylella fastidiosa*.

## Métodos e Procedimentos

Foram utilizadas ferramentas integradas em um arcabouço sob três etapas principais: (1) identificação de genes homólogos, (2) comparação de genomas completos e/ou em draft e (3) análise de redes gênicas (SANTIAGO e DIGIAMPIETRI, 2018). Também foi utilizado um pipeline para identificação e estudo de Elementos Genéticos Móveis (EGM) (SETUBAL *et al*, 2016).

## Resultados

Destaca-se a expansão das análises de EGMs para 16 genomas completos (figura 1) e a análise comparativa completa com mais 29 genomas em draft de *X. fastidiosa* entre cepas sul-americanas, norte-americanas e europeias (figura 2). A utilização de um arcabouço para a comparação dos genomas permitiu encontrar um conjunto de 1.300 famílias de proteínas (*core*). A predição computacional de sistemas CRISPR/cas, possibilitou encontrar sistemas incompletos e, portanto, não funcionais. Por outro lado, todas as cepas analisadas possuem uma ou mais EGMs (sequências de inserção, ilhas genômicas e profagos). A figura 1 apresenta exemplos dos resultados gráficos produzidos que permitem visualizar estes elementos ao decorrer do genoma.

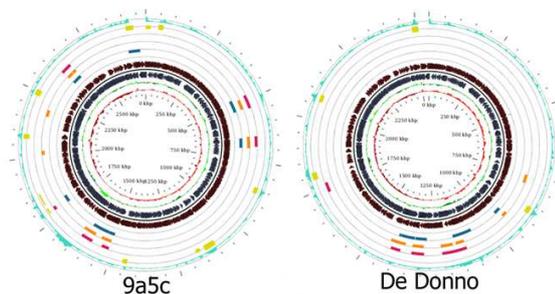


Figura 1: representação gráfica dos EGMs em 4 dos 16 genomas de cepas de *X. fastidiosa*

## Conclusões

Os genes dos profagos presentes no genoma de *X. fastidiosa* podem carregar fatores de virulência e patogenicidade, que impactem o *fitness* de *X. fastidiosa* no hospedeiro. Ainda, a predição da ausência do sistema de imunidade CRISPR em todos os 16 genomas analisados, indica que as cepas de *X. fastidiosa* são consideravelmente mais permissivas e/ou suscetíveis à aquisição de EGMs e interessante para estudos de especificidade ao hospedeiro.

## Referências Bibliográficas

Santiago, C. R. N. ; Pereira, V. M. Y. ; Digiampietri, L. A. . Homology Detection Using Multilayer Maximum Clustering Coefficient. *Journal of Computational Biology*, 2018.

Alvarenga, D. O.; Moreira, L. M.; Chandler, M.; Varani, A. M. A Practical Guide for Comparative Genomics of Mobile Genetic Elements in Prokaryotic Genomes. *Comparative Genomics: Methods and Protocols*. Ed: Setubal, J. C.; Stoye, J.; Stadler, P. F. pg 213-242, 2018.