



MONTAGEM E ANOTAÇÃO DE LEVEDURA COM SUBPRODUTO ALVO: DESAFIOS E PERSPECTIVAS

Matheus Pedron Cassol (VOLUNTÁRIO), Scheila de Avila e Silva (Orientador(a))

O surgimento de técnicas para sequenciamento e análise de material genético providenciou um grande avanço para as ciências da saúde. Com o desenvolvimento tecnológico e a consolidação basal da bioinformática, surgiram novas oportunidades para pesquisa em múltiplas áreas. Na biotecnologia, o sequenciamento de leveduras pode fornecer informações a serem aplicadas para o melhoramento e potencialização de diferentes processos, como na produção de vinho. Assim, pode-se obter informações de genes envolvidos em rotas metabólicas que até o momento não são determinados. Objetivou-se, com o auxílio de ferramentas bioinformáticas, sequenciar e anotar o genoma da levedura *Saccharomyces cerevisiae*. Para o pré-processamento dos dados houve a conversão para o formato fastq, por meio de valores *dummies* de qualidade. Em seguida, por intermédio dos *softwares* FASTQC e TrimGalore, foram realizadas a análise e ajuste necessários dos dados. O novo arquivo gerado passou então pelo processo de montagem em três diferentes *softwares*, SPAdes, IDBA-UD e Velvet, buscando comparar os resultados obtidos com dois genomas de referência, das espécies *Saccharomyces cerevisiae* e *Saccharomyces bayanus*. A comparação ocorreu pelos programas Quast e BUSCO. No primeiro, observou-se a completude e as características do genoma montado com as referências, enquanto no segundo houve a comparação com os genes típicos da família Saccharomycetaceae. Pôde-se observar que as montagens, embora com ajuste de padrões, apresentaram resultados não condizentes com o esperado, indicando que o processo não retornou genomas montados de maneira confiável para a espécie alvo. Entre os fatores de interesse, destaca-se o processo de sequenciamento em si. A obtenção dos dados a serem analisados apresenta larga heterogeneidade e elevado volume, indicando possíveis falso-positivos e sequências redundantes, dificultando a operação de filtragem inicial e da montagem. Em conclusão, mesmo com o tratamento dos dados práticos, em um momento inicial não foi-se capaz de obter uma montagem adequada do genoma alvo. Exacerba-se a importância da fonte de dados a ser trabalhada, assim como o estudo e compreensão das informações contidas, de modo a direcionar o processo e apontar possíveis problemas. Vê-se, em um panorama futuro, a possibilidade de abordar os dados brutos de maneira analítica, com uso de ferramentas como BLASTP, a fim de encontrar possíveis genes de interesse.

Palavras-chave: Montagem, Genoma, Biotecnologia

Apoio: UCS