



MONTAGEM GENÔMICA DE LEVEDURA COM POTENCIAL BIOTECNOLÓGICO: UMA ABORDAGEM PAIR END COM METABOLISMO REFERÊNCIA.

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

O constante alinhamento de técnicas computacionais com objetos de estudo da área da saúde potencializa a análise e compreensão dos dados obtidos. No campo da bioinformática, a construção de algoritmos voltados à montagem e anotação de genomas sequenciados é capaz de fornecer informações metabólicas de relevância biotecnológica. Permite-se, assim, a otimização e a melhoria de diferentes processos agrícolas ou industriais, como a produção de vinho. Deste modo, objetivou-se efetuar a montagem e a anotação de um sequenciamento *pair end* da espécie *Torulaspota delbrueckii*. Inicialmente realizou-se a análise de qualidade e duplicação de ambas leituras pelo *software* *FASTQC*. Após a verificação dos resultados ocorreu o pré-processamento das informações com o auxílio das ferramentas *ConDeTri*, *TrimGalore* e *Cutadapt*, removendo-se os adaptadores e as leituras imprecisas. Embora tenha sido verificado a presença de sequências em duplicidade, devido à abordagem *pair end* do sequenciamento, o ajuste deste parâmetro foi realizado posteriormente. O processo de montagem ocorreu por intermédio dos programas *Abyss* e *SPAdes*. De modo a comparar os resultados obtidos em cada método com o genoma referência do organismo, os arquivos de saída foram submetidos à análise via *QUAST*, onde constatou-se maior fidedignidade na ferramenta *SPAdes*. O pós-processamento foi realizado pelo *software* *RagTag* em duas etapas. Primeiramente, houve a remoção das sequências de baixa contiguidade e, em seguida, o *scaffolding* das *contigs* restantes. O resultado final foi também analisado com base no genoma de referência via *QUAST*, no tangente à completude, assim como pela ferramenta *BUSCO* perante os genes típicos da classe *Saccharomycetes*. Em conclusão, foi-se observado que o processo apresentou uma montagem confiável do genoma trabalhado, porém com maior fragmentação perante a referência. Em um panorama futuro, almeja-se o aprimoramento na contiguidade da montagem obtida, assim como a execução da anotação, permitindo maior compreensão da expressão gênica e das vias metabólicas do indivíduo alvo.

Palavras-chave: Montagem, Genoma, Biotecnologia

Apoio: UCS