



DOI: <http://dx.doi.org/10.21270/archi.v7i0.3910>

DISTRIBUIÇÃO DE MARCADORES MICROBIANOS DE VIRULÊNCIA NO ATLÂNTICO SUL. DADOS METAGENÔMICOS

SCHWEITZER, C. M. (FEIS - Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira); BARRA, R. H. D. (UNESP Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho"); SIMON, M. E. (UNESP – Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho"); SILVA, K. M. R. (FEIS - Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira); GAETTI-JARDIM JÚNIOR, E. (UNESP - Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho")

Tema: Patologia e Propedêutica Clínica

A revolução industrial e o aumento da população global passaram a exigir recursos cada vez mais escassos e acabaram por incluir todas as províncias geológicas em um sistema integrado no qual até os oceanos mais distantes recebem o impacto do modelo produtivo e de exploração. O presente estudo teve como objetivo avaliar a presença de grupos microbianos nitidamente associados e infecções humanas e animais em águas situadas além da plataforma continental sul-americana a partir de dados livres de sequenciamento gênico. Para tanto, os dados referentes às sequências gênicas microbianas obtidas pelo sequenciamento shotgun pelo sistema Illumina® de amostras de água de superfície e de diversas profundidades, submetidas a filtração em membranas éster de celulose, com porosidade de 0,2 µm, colhidas através sistema global pelo estudo da biodiversidade marinha "Tara Oceans", nas estações 76 e 78. Os dados disponíveis junto ao portal EMBL-EBI foram analisados e agrupados a partir de banco contendo aproximadamente 4. 107 OTU (unidades taxonômicas operacionais) e mais de 1,1. 108 sequências gênicas. Os dados foram comparados com diferentes bases de dados gênicos (SILVA Database e NCBI Database) e abundância das OTUs de interesse foi comparada por meio do programa R Statistical. As mesmas sequências foram submetidas a verificação do seu potencial funcional. Os resultados permitiram a detecção de sequências gênicas características de patógenos humanos de diferentes linhagens filogenéticas, cuja identificação em nível de espécie e de gênero não puderam ser, no geral obtidas. A avaliação e predição funcional das sequencias indica importante arsenal de fatores de virulência associado à desorganização de polímeros orgânicos. Entretanto, não se pode afirmar que a origem dessas sequencias denote contaminação externa.

Descritores: Poluição da Água; Metagenômica; Padrões Moleculares Associados a Patógenos.