



SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA  
XXVIII SIC

paz no plural



<b>Evento</b>	Salão UFRGS 2016: SIC - XXVIII SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
<b>Ano</b>	2016
<b>Local</b>	Campus do Vale - UFRGS
<b>Título</b>	Detecção de ilhas genômicas em <i>Paenibacillus riograndensis</i>
<b>Autor</b>	RENAN ZANINI PORTO
<b>Orientador</b>	LUCIANE MARIA PEREIRA PASSAGLIA

## **Detecção de ilhas genômicas em *Paenibacillus riograndensis***

**Renan Zanini Porto / Orientadores: Dra. Luciane Passaglia / Dr. Fernando Hayashi Sant'Anna** – Universidade Federal do Rio Grande do Sul

Bactérias do solo geralmente enfrentam maiores variações ambientais do que bactérias patogênicas. Por isso, para sobreviverem no solo, em geral, as bactérias possuem genomas maiores e mais diversos, propensos a adquirir genes horizontalmente. Em vista disso, esses genomas bacterianos constituem um valioso repositório de genes e proteínas de potencial biotecnológico. A espécie bacteriana *Paenibacillus riograndensis*, alvo do presente estudo, atende a esses pressupostos. Bactérias pertencentes a essa espécie foram originalmente isoladas de raízes de plantas e possuem a capacidade de fixar nitrogênio e sintetizar fitormônios. Até o momento, genomas de quatro linhagens (SBR5, CAR114, CAS34 e X19-5) foram sequenciados, possuindo um tamanho entre 7,3 e 7,9 Mb. Este estudo objetiva identificar “ilhas genômicas”, porções de DNA recentemente adquiridas horizontalmente, nos genomas de *P. riograndensis* e linhagens relacionadas (*Paenibacillus graminis*, *Paenibacillus jilunli*, *Paenibacillus* sp. HW567), a fim de elucidar possíveis vantagens adaptativas conferidas por esses elementos genéticos. Para isso, os genomas serão recuperados do GenBank e analisados por diferentes metodologias. Os softwares GOHTAM e IslandViewer serão usados para a predição da transferência horizontal, detectando padrões de sequência aberrantes ao longo dos genomas (análise paramétrica). Além disso, análises filogenéticas por máxima verossimilhança utilizando o software PHYML serão realizadas para reconstruir a história evolutiva de genes detectados pela análise paramétrica. A ideia será correlacionar a presença de genes adquiridos horizontalmente com as características fisiológicas e ecológicas das espécies investigadas. O projeto está em sua fase inicial e, por enquanto, os dados ainda estão sendo analisados.