



Genoma completo de um bacteriófago detectado em soros de suínos

Mangini, A.¹, Tochetto, C.¹, Roehe, P.M.¹

¹Laboratório de Virologia, Instituto de Ciências Básicas da Saúde, Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS), Porto Alegre, Rio Grande do Sul, Brasil.



Introdução

Os bacteriófagos são vírus que infectam bactérias sendo considerados a entidade biológica mais abundante do planeta. Dentre estes, os microvírus (família *Microviridae*), têm sido identificados em diferentes ecossistemas e também em amostras de fezes de diversos hospedeiros. A família *Microviridae* divide-se em duas subfamílias: *Bullavirinae*, formada por fagos que infectam enterobactérias e *Gokushovirinae*, composta por fagos que infectam bactérias intracelulares obrigatórias (como *Chlamydia*, *Spiroplasma* e *Bdellovibrio*).

Objetivo

Caracterizar genoma completo de um bacteriófago identificado em soro de suínos.

Metodologia

- Amostragem: Pool de soros de suínos domésticos com sinais de doença respiratória
- Filtração (membrana 0,22 µm)
- Ultracentrifugação (~120.000 x g) e tratamento com endonucleases (DNase e RNase)
- Extração de DNA (fenol) e enriquecimento de DNA (DNA polimerase phi29)
- Purificação e quantificação. Sequenciamento de Alto Desempenho (Illumina, Miseq)
- Trimagem das reads (Trimmomatic) --> Montagem de novo (metaSPAdes v.13.0.0)
- Comparação com o banco de dados público do NCBI (GenBank) (Blastx e Blastn)
- Análise do genoma obtido (programa Geneious v. 8.1.7)
- Alinhamento utilizando o MUSCLE (programa Mega v.7.0.18).
- Análise filogenética (PhyML 3.0)

Resultados e discussão

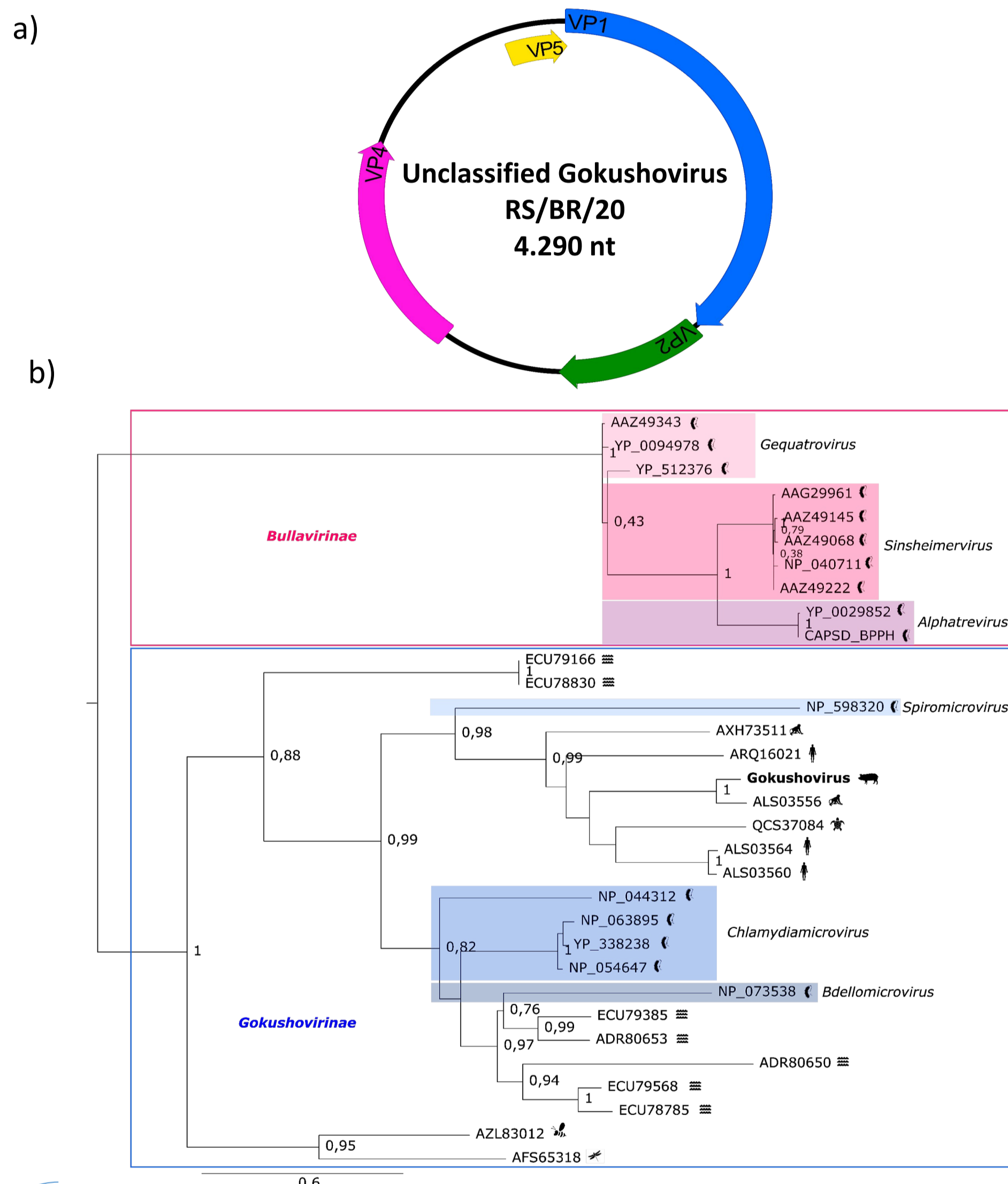


Figura 1. **a)** Desenho esquemático da organização genômica do gokushovirus identificado nesse estudo. O genoma contém 4290 nt e quatro ORFs (VP1, VP2, VP4 e VP5). A VP1 codifica a proteína principal do capsídeo do vírus. **b)** Árvore filogenética baseada na sequência de aminoácidos da VP1 utilizando o método Maximum Likelihood (ML) e modelo LG + I + G. Trinta e uma sequências disponíveis no banco de dados (GenBank) foram analisadas juntamente com a sequência descrita nesse estudo. As sequências já classificadas pelo ICTV estão destacadas em diferentes cores de acordo com o gênero ao qual pertencem. O desenho ao lado do nome de cada sequência representa o hospedeiro de onde o genoma foi isolado. O genoma identificado está destacado em negrito e parece tratar-se de um novo membro da subfamília *Gokushovirinae*.

Conclusão

- O genoma apresentado trata-se de um vírus procariótico pertencente a subfamília *Gokushovirinae*.
- Este trabalho reporta a presença de um bacteriófago detectado em soro de suínos.
- Especula-se que esse achado possa ser o reflexo de uma bacteremia, ou de uma transcitose.

Apoio Financeiro



Referências

Krupovic e Forterre, 2011. Microviridae Goes Temperate: Microvirus-Related Proviruses Reside in the Genomes of Bacteroidetes.
 Door e Fane, 2016. The microviridae: Diversity, assembly, and experimental evolution.
 Roux et al, 2012. Evolution and Diversity of the Microviridae Viral Family through a Collection of 81 New Complete Genomes Assembled from Virome Reads.