



Análises *in silico* de unidades taxonômicas operacionais de microbiota procariótica de insetos xilófagos da família Cerambycidae

Bolsista: Natália Miguel, ex-bolsista: Eduardo Moreira da Silva, Prof. Dra. Renata Medina-Silva (orientador)

¹Escola de Ciências da Saúde e da Vida, PUCRS,

Tipo de bolsa: CNPq

Resumo

A indústria de bioprocessos, que utiliza microrganismos, demanda por linhagens microbianas com potencial biotecnológico de utilizar substratos mais baratos e sustentáveis. Um exemplo de substrato em potencial seriam os bagaços industriais. Bagaços de origem vegetal são ricos em lignocelulose, um polímero altamente energético, porém de difícil catabolização por microrganismos fermentadores tradicionais, e.g. *Saccharomyces cerevisiae*. Diferentes estratégias já foram empregadas na busca por microrganismos com o maquinário metabólico necessário para degradar bagaços derivados de biomassa vegetal. Contudo, poucas linhagens capazes de utilizar substratos majoritariamente compostos por lignocelulose são conhecidas. Nesse contexto, esse trabalho teve como objetivo analisar o conjunto de dados de sequências de DNA de microbiomas de insetos xilófagos (que se alimentam de madeira), previamente geradas em um projeto anterior do Instituto de Petróleo e dos Recursos Naturais (IPR). Para tal, foi utilizado o software *QIIME2*, que possui diversas ferramentas para análises ecológicas e filogenéticas de microbiomas. Primeiramente, foi realizada a reestruturação e curadoria do conjunto de dados para as análises *in silico*. Apenas sequências (*reads*) com um tamanho mínimo de 200 pares de base foram utilizadas, totalizando aproximadamente 350 mil sequências de boa qualidade. A partir das sequências filtradas, foi feita a montagem das unidades taxonômicas operacionais (OTUs) através de um agrupamento do tipo *de novo*, seguido de uma análise de rarefação com a finalidade de avaliar a qualidade do sequenciamento em cada uma das amostras. Em seguida, as OTUs montadas foram classificadas taxonomicamente de acordo com os bancos de dados *SILVA Database* e o *Genome Taxonomy Database*. Posteriormente, as análises de composição da comunidade revelaram os microrganismos mais abundantes e compartilhados entre os microbiomas intestinais dos insetos xilófagos. Ademais, as análises também indicam uma relação entre a filogenia dos hospedeiros e a estrutura da comunidade microbiana dos insetos analisados. Apesar de terem sido encontrados microrganismos compartilhados entre todos os insetos xilófagos analisados, ainda são necessárias mais análises para elucidar a relação entre presença e função de tais microrganismos. Com o intuito de melhor compreender dos padrões aqui encontrados, junto à futuras análises, os dados obtidos também serão relacionados à literatura dos hospedeiros xilófagos analisados.

Palavras-chave: Microbiologia; bioinformática; biotecnologia; microbioma