

# Avaliando a diversidade genética da bactéria *Vibrio coralliilyticus* através de uma rede particionada

Disciplina de Redes Complexas - PESC - COPPE - UFRJ

*Vinícius W. Salazar, Prof. Daniel R. Figueiredo*

*Outubro de 2019*

## Resumo

## Introdução

Estudos de genômica comparativa têm aplicações em diversas áreas das ciências da vida, como epidemiologia [1], taxonomia [2] e biotecnologia [3], entre outras. Uma estratégia comum empregada nesses estudos é a análise do repertório de genes de uma espécie. Esse conjunto que compreende todos os genes de todas os indivíduos da espécie define o **pangenoma** dessa espécie [4]. O pangenoma de um determinado grupo vai incluir genes que ocorrem em alta frequência, ou seja, são comuns a todos os indivíduos (o genoma “core”, ou persistente), em média frequência (genoma “shell”, ou intermediário) e em baixa frequência (genoma “cloud”, ou acessório), sendo geralmente únicos de um indivíduo ou cepa. Dessa forma, o pangenoma pode ser representado por um diagrama de Venn (Figura 1) (retirada de [5]).

## Métodos

## Resultados

## Discussão

## Referências

- [1] J. L. Gardy and N. J. Loman, “Towards a genomics-informed, real-time, global pathogen surveillance system,” *Nat. Rev. Genet.*, vol. 19, no. 1, pp. 9–20, 2018.
- [2] C. C. Thompson, L. Chimetto, R. A. Edwards, J. Swings, E. Stackebrandt, and F. L. Thompson, “Microbial genomic taxonomy,” *BMC Genomics*, vol. 14, no. 1, p. 913, 2013.
- [3] Z. Sun et al., “Expanding the biotechnology potential of lactobacilli through comparative genomics of 213 strains and associated genera,” *Nat. Commun.*, vol. 6, p. 8322, 2015.
- [4] H. Tettelin et al., “Genome analysis of multiple pathogenic isolates of *Streptococcus agalactiae*: Implications for the microbial ‘pan-genome,’” *Proc. Natl. Acad. Sci.*, vol. 102, no. 45, p. 16530, 2005.

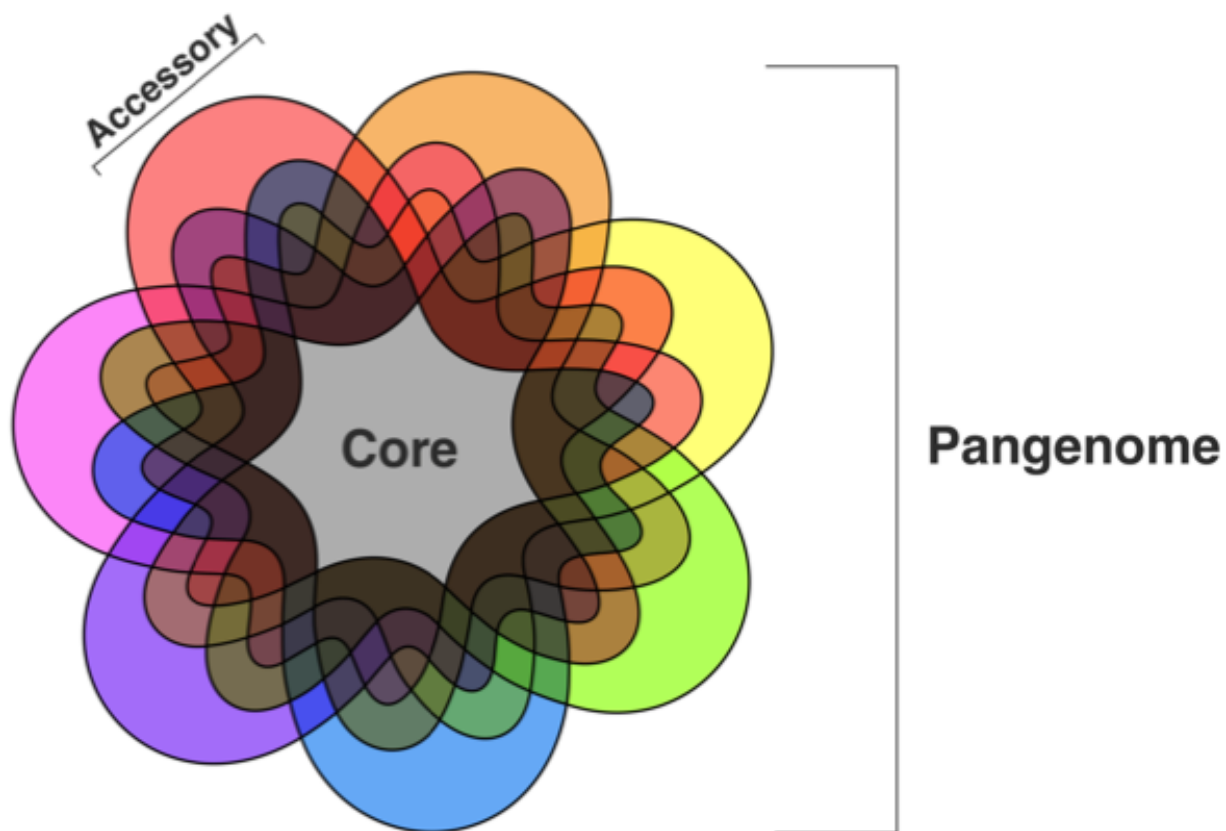


Figure 1: Entendendo o pangenoma como um diagrama de Venn: para um determinado grupo, seu pangenoma compreende os genes comuns a grande maioria dos indivíduos (genoma core), genes únicos de cada indivíduo (genoma acessório), e genes em frequências intermediárias.