

EVIDÊNCIAS GENÔMICAS PARA A RECLASSIFICAÇÃO DE ESPÉCIES DO GÊNERO *SPATHASPORA*

VIANEI D. O.^{1*}; BARROS K. O.²; SOUZA D. L.³; COSTA K.²; SANTOS A. R.²; BATISTA T. M.⁴; ROSA C. A.²; NOGUEIRA W.¹; FRANCO G. R.¹

*E-mail: vianeidafne@gmail.com

¹Departamento de Bioquímica e Imunologia, Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte;

²Departamento de Microbiologia, Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte;

³Departamento de Genética, Ecologia e Evolução, Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte;

⁴Instituto Nacional da Mata Atlântica, Santa Teresa, Espírito Santo.

Leveduras, apresentam ciclos de vida curtos e acumulam mutações rapidamente, favorecendo sua diversificação. Em ambientes naturais sujeitos a pressões seletivas constantes, essas mudanças podem se acumular a ponto de gerar eventos de especiação ou culminar no surgimento de novos gêneros. Por muitos anos, a classificação desses organismos apoiou-se principalmente em características morfológicas e, posteriormente, em filogenias construídas a partir de fragmentos conservados de DNA. Com o avanço do sequenciamento de genomas completos, tornou-se possível realizar análises mais precisas e abrangentes, transformando a forma como compreendemos sua diversidade. Este trabalho tem como objetivo esclarecer a posição filogenética de três espécies de leveduras originalmente descritas como pertencentes ao gênero *Spathaspora*. Para isso, conduzimos uma análise de genômica comparativa *in silico*, comparando os genomas de nossos isolados com 52 genomas de leveduras disponíveis no GenBank, pertencentes aos gêneros *Spathaspora*, *Scheffersomyces* e *Candida*. Os sequenciamentos de genoma completo foram feitos na plataforma Illumina, produzindo leituras de 301pb e cobertura média de 350x. As leituras foram avaliadas quanto à qualidade com o FastQC, montadas com o SPAdes e analisadas com o QUAST e BUSCO. Elementos repetitivos foram identificados com o RepeatModeler e o RepeatMasker, e a predição gênica foi realizada com o BRAKER3. Duas árvores filogenéticas foram construídas utilizando (1) os genes ortólogos de *Saccharomyces* e (2) os genomas completos. O tamanho dos genomas variou de 10,6 a 17,2 Mb, com N50 médio de 537.863 pb e conteúdo repetitivo médio de 5%. Genomas com completude inferior a 90% foram excluídos, totalizando 48 espécies nas análises subsequentes. As métricas de similaridade genômica (FastANI, CompareM e POCP) agruparam consistentemente nossos isolados com *S. boniae* e duas espécies de *Candida*, formando um clado distinto entre *Candida* e *Spathaspora*. Esses resultados fornecem fortes evidências genômicas que sustentam a proposta de um novo gênero de leveduras.

Palavras-chave: Leveduras; Genômica comparativa; Filogenia; *Spathaspora*; Taxonomia.

Agências de Fomento: CNPq, Capes.