

ANÁLISE PANGENÔMICA E DE PLASTICIDADE GENÔMICA DO GÊNERO *STREPTOCOCCUS*

Michele Min San Wu¹, Victor Augusto Sallum Ceballos¹, Siomar de Castro Soares²

¹Programa de Pós-graduação em Medicina Tropical e Infectologia, Instituto de Ciências Biológicas e Naturais, Universidade Federal do Triângulo Mineiro, Uberaba-BR

²Departamento de Microbiologia, Imunologia e Parasitologia. Instituto de Ciências Biológicas e Naturais, Universidade Federal do Triângulo Mineiro, Uberaba-BR

Resumo:

O gênero *Streptococcus* abrange bactérias Gram-positivas de relevância médica, veterinária e industrial, incluindo comensais e patogênicas como *S. pneumoniae*, *S. agalactiae* e *S. mutans*. A plasticidade genômica, mediada por transferência horizontal de genes (HGT), é importante para a evolução, adaptação e aquisição de virulência e resistência antimicrobiana. Este estudo caracterizou a diversidade genômica de 32 espécies do gênero por meio de análises integradas de pangenômica, filogenômica, sintenia e plasticidade genômica. Foram selecionados 1.319 genomas completos do banco RefSeq/NCBI. A predição de ortólogos foi realizada com *OrthoFinder* e os subgrupos do pangenoma (*core*, *shared* e *singletons*) foram classificados funcionalmente com *COGClassifier*. O valor de alfa foi utilizado para avaliação de clonalidade e correlacionado com o número de genes *core* e *singletons*. As cinco espécies com maior e menor alfa foram submetidas a análises filogenômicas com *Gegenees* e *SplitsTree4*, de sintenia com *progressiveMauve* e de identificação de ilhas genômicas com o *GIPSY*. O valor de alfa mostrou-se confiável para a relação clonalidade/plasticidade, com correlação positiva moderada com o *core* ($\rho = 0,48$; $p = 0,0052$) e negativa forte com os *singletons* ($\rho = -0,90$; $p < 0,0001$). Espécies com alfa alto, como *S. sobrinus* (0,97) e *S. pyogenes* (0,91), apresentaram genomas estáveis, *core* genoma associado com funções essenciais, como tradução, replicação e reparo de DNA, e poucos *singletons*. Em contraste, espécies com baixo alfa, como *S. suis* (0,79) e *S. parasuis* (0,78), demonstraram maior plasticidade, predominando de genes *shared* relacionados à transcrição e metabolismo de carboidratos e *singletons* associados a aquisições recentes por HGT. As análises filogenômicas e de sintenia corroboraram os resultados anteriores. A identificação de ilhas de patogenicidade e de resistência em todas as espécies analisadas, com destaque para *S. mitis* (14 PAIs, 14 RIs) e *S. suis* (14 PAIs, 9 RIs), confirmou a importância do HGT na evolução do gênero. Este trabalho estabelece bases para estudos futuros em evolução bacteriana e contribui para estratégias de controle, diagnóstico e vigilância genômica de *Streptococcus*.

Palavras-chave: Pangenoma; *Streptococcus*; Bioinformática;