

RESUMO APRESENTAÇÃO ORAL CURTA - CENTRO DE CIÊNCIAS DA  
SAÚDE (CCS)/GENÉTICA

**MAPEAMENTO DOS MECANISMOS MOLECULARES DE INFECÇÃO DE  
VIBRIO CORALLIOLYTICUS POR BACTERIÓFAGOS**

*João Gabriel Duarte Rosado (joaogabrielr7@gmail.com)*

*Helena Dias Muller Villela (hdmvillela@gmail.com)*

*Leandro De Mattos Pereira (mattosimp@gmail.com)*

*Caroline Frere Martiniuc Oliveira (caroline.martiniuc@gmail.com)*

*Adam Barno (abarno92@gmail.com)*

*Deborah Leite (deborah.leite@gmail.com)*

*Raquel Silva Peixoto (raquelpeixoto@micro.ufrj.br)*

A saúde dos recifes de corais é determinada pela combinação de interações simbióticas que os corais têm com seu microbioma associado. Atualmente, os ecossistemas recifais estão em perigo devido às mudanças climáticas e ao consequente aumento das temperaturas oceânicas que alteram o microbioma e podem levar ao branqueamento e morte dos corais. Um exemplo desses impactos são as doenças causadas por patógenos oportunistas que se aproveitam das temperaturas oceânicas mais altas e induzem branqueamento e perda de tecido nos corais. Um patógeno de corais bem estudado e dependente da temperatura é a bactéria *Vibrio coralliilyticus*, que lisa o tecido da espécie de coral *Pocillopora damicornis* a temperaturas acima de 25°C. Uma estratégia promissora para o controle de patógenos bacterianos é o uso

de vírus bacteriófagos (ou fagos) líticos específicos, através de um processo chamado fagoterapia, sendo esses bacteriófagos ainda muito pouco conhecidos e estudados. Neste estudo, vB\_VcoM- AquaRio, um novo bacteriófago lítico de *V. coralliilyticus*, foi isolado da água do mar ao redor de *P. damicornis* e caracterizado. A análise da morfologia e genoma de vB\_VcoM- AquaRio evidencia que ele pertence à família viral Myoviridae, com um tamanho de genoma grande de 288.650 pb e 301 ORFs anotados. A análise genômica comparativa indica que o genoma viral mais próximo, bacteriófago BONAISHI, possui 94,6% de similaridade genômica. As anotações das proteínas de vB\_VcoM-AquaRio foram feitas utilizando os bancos de dados virais RefSeq e NR do NCBI, pVOGs, Gene Ontology e SUPERFAMILY, em conjunto com os programas de anotação multiPhATE, InterProScan e OmicsBox, além do programa de identificação de ortólogos Orthofinder, fornecendo anotação completa de 89 funções das proteínas. Também foi gerada a rede de interação proteína-proteína de *V. coralliilyticus* (IPP) e identificados os hubs. Por meio da análise topológica da rede, usando o grau de centralidade e conectividade da vizinhança, mostrou-se que as proteínas rpoB e groEL com ortólogos identificados em bacteriófagos de *V. coralliilyticus*, são hubs do mecanismo de replicação e tradução do hospedeiro. Também se identificou analogia intergenômica para a timidilato sintase e helicase e analogia intragenômica para glicosídeo hidrolases em vB\_VcoM-AquaRio, BONAISHI e *V. coralliilyticus*. Isso representa soluções alternativas para o metabolismo da timina, replicação do DNA e a degradação da parede celular bacteriana do hospedeiro. Esses dados fornecem informações sobre as vias de infecção de 7 bacteriófagos de *V. coralliilyticus* (vB\_VcoM- AquaRio, BONAISHI, RYC, YC, CKB-S1, CKB-S2 e pVco-5), contribuindo para futuros estudos de fagoterapia e para o entendimento do papel ecológico de bacteriófagos marinhos.