



TAXONOMIA E ESTUDO DE COMUNIDADES BACTERIANAS ERA DO SEQUENCIAMENTO EM LARGA ESCALA

MARIA CAROLINA QUECINE

Laboratório de Genética de Microrganismos “Prof. João Lucio de Azevedo”, Departamento de Genética, Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” – Universidade de São Paulo (ESALQ-USP), Av. Pádua Dias 11, 13418-900, Piracicaba-SP, Brazil.

No início dos anos 1990 o sequenciamento de DNA pelo método de Sanger começou a ser automatizado dando assim início à era de sequenciamento em larga escala. As tecnologias subsequentes foram denominadas sequenciamentos de nova geração (*Next Generation Sequencing* – NGS), sendo classificadas em segunda, terceira e quarta geração. Cada uma dessas tecnologias possui suas particularidades, entretanto o que todas têm em comum são as aplicações desses sistemas de sequenciamento de alto desempenho no melhor entendimento e classificação de procariotos. Devido à obtenção de grande volume de sequências a custos relativamente baixos pelas novas técnicas de sequenciamento, uma quantidade enorme de genomas bacterianos está sendo sequenciados e/ou ressequenciados, colaborando substancialmente com uma correta classificação desses organismos. Outra utilização é o estudo metagenômico de procariotos, tanto estrutural quanto funcional. Aliado a isso, bancos de dados de sequências de rDNA estão disponíveis online e incluem uma variedade de ferramentas para análise de sequências e identificação bacteriana. Em relação a sua funcionalidade, a coletividade de genomas presentes numa determinada amostra é de suma importância na busca do perfil metabólico da comunidade bacteriana estudada, incluindo muitas vezes de bactérias nunca cultiváveis. Destacam-se assim bactérias do ambiente agrícola, onde, bactérias interagindo com plantas são de vital importância para manutenção e sustentabilidade dos agrossistemas. Finalmente, o esforço de sequenciamento a ser adotado em estudos de taxonomia bacteriana e estudo de diversidade depende do objetivo específico do trabalho o que influenciara diretamente na tecnologia ser adotada, entretanto é evidente que o sequenciamento em larga escala revolucionou o entendimento e a classificação de procariotos.