



XXXIII SIC SALÃO INICIAÇÃO CIENTÍFICA

Evento	Salão UFRGS 2021: SIC - XXXIII SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2021
Local	Virtual
Título	Metabólitos Secundários de Fungos Entomopatogênicos como Potenciais Inseticidas
Autor	LETICIA TERUMI TAMAI
Orientador	CHARLEY CHRISTIAN STAATS

Metabólitos secundários de fungos entomopatogênicos como potenciais inseticidas

Letícia Terumi Tamai
Prof. Dr. Charley Christian Staats
Universidade Federal do Rio Grande do Sul

Avanços nas tecnologias de sequenciamento e ferramentas computacionais têm permitido minerar genomas de fungos entomopatogênicos, que são uma importante fonte de metabólitos secundários e ainda pouco explorados diante do potencial que apresentam. O surgimento de microrganismos e pragas super resistentes e a necessidade de empregar substâncias ambientalmente amigáveis em diversos setores como a agricultura exigem o uso e desenvolvimento de novas estratégias, junto com abordagens bem consolidadas, que permitam a descoberta eficiente de novas moléculas de interesse. Assim, o objetivo deste trabalho foi empregar análises de expressão gênica diferencial para propiciar a identificação de clusters gênicos associados à síntese de metabólitos secundários potencialmente envolvidos na virulência de fungos entomopatogênicos. Para isso, clusters gênicos foram preditos para quatro espécies de *Beauveria* e sua identidade foi avaliada por ferramentas de bioinformática. Dados experimentais envolvendo duas linhagens de *Beauveria bassiana* em condições de infecção foram obtidos de plataformas públicas a fim de identificar genes diferencialmente expressos em diferentes modelos experimentais. Os resultados da análise da expressão gênica diferencial foram associados aos clusters gênicos preditos para identificar possíveis correspondências. Uma busca dos clusters gênicos que apresentaram genes diferencialmente expressos foi realizada na base de dados especializada MIBiG a fim de avaliar o nível de informação já disponível acerca destes clusters. Como resultado foram identificados 19 clusters gênicos conservados entre as linhagens analisadas apresentando genes com expressão aumentada, sendo que dois desses clusters gênicos com padrão consistente de expressão entre os diferentes modelos já são conhecidamente associados ao evento de infecção, sendo eles o da ooporeína e o da tenelina, a qual apresenta atividade inseticida, sugerindo que os outros clusters com padrão de expressão semelhante assim identificados também podem estar associados à produção de fatores de virulência, podendo ser investigados futuramente com uma análise de conservação mais abrangente e utilizando dados de outros modelos experimentais.