



**REENCONTROS
NOVOS ESPAÇOS
OPORTUNIDADES**

XXXIV SIC Salão Iniciação Científica

**26 - 30
SETEMBRO
CAMPUS CENTRO**

| | |
|-------------------|---|
| Evento | Salão UFRGS 2022: SIC - XXXIV SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS |
| Ano | 2022 |
| Local | Campus Centro - UFRGS |
| Título | Metabólitos secundários de fungos entomopatogênicos como potenciais inseticidas |
| Autor | CAROLINA LEOBORA ANTON |
| Orientador | CHARLEY CHRISTIAN STAATS |

Em fungos entomopatogênicos, como *Beauveria spp.*, *Cordyceps spp.* e *Metarhizium spp.*, metabólitos secundários possuem potencial agroquímico e caracterizam uma alternativa ao uso de pesticidas químicos potencialmente danosos à saúde humana e ao meio ambiente. Os genes relacionados à produção de metabólitos secundários é bem conservada em fungos, estando agrupados nos chamados agrupamentos de genes biossintéticos, os BGCs. Neste estudo, buscamos anotar agrupamentos gênicos associados à produção de classes de metabólitos secundários, como NRPS, T1PKS e terpenos e analisar sua conservação nos genomas dos fungos entomopatogênicos *Beauveria sp.*, *Cordyceps sp.* e *Metarhizium sp.*. Através da análise dos dados, observamos que *Metarhizium spp.* teve o maior número de agrupamentos gênicos normalizados correspondentes aos metabólitos secundários T1PKS, NRPS e NRPS-like. *Beauveria spp.* e *Cordyceps spp.* apresentam um número de agrupamentos gênicos normalizados semelhantes para T1PKS e NRPS. *Metarhizium spp.* e *Cordyceps spp.* apresentam um número de agrupamentos gênicos normalizados de NRPSlike também semelhante, sugerindo a conservação destes clusters gênicos. Em relação aos grupos de ortólogos (OG), OG6_100178 (T1PKS) é o mais abundante, seguido de OG6_100454 (NRPS) e OG6_105886 (NRPS-like). Estes estão mais presentes em *Beauveria spp.*, seguido de *Cordyceps spp.* e *Metarhizium spp.*. Estes dados dão suporte à conservação destes genes em espécies de fungos entomopatogênicos. Concluímos que o número de agrupamentos gênicos normalizados apresentou conservação nos três gêneros de fungos entomopatogênicos. No geral, o número destes clusters conservados foi muito semelhante para os três gêneros analisados. Isso indica a conservação dos clusters ligados à biossíntese dos metabólitos secundários mais abundantes nesta análise, que inclui T1PKS, NRPS, NRPS-like, NAPAA e outros que incluem variados terpenos. Como perspectiva, pretendemos analisar maior número de espécies de fungos entomopatogênicos e realizar a análise de conservação baseado no conjunto completo de genes presentes no BGC.