

ID TRABALHO: 204/3086-0

ÁREA DO TRABALHO: MICROBIOLOGIA DO SOLO

TÍTULO DO TRABALHO: Metabolismo Secundário E Quimiodiversidade De Linhagens De Trichoderma Isolado De Diferentes Fitofisionomia Amazônica

AUTORES: Maria De Fatima Oliveira Almeida, Rafael De Souza Rodrigues, Emerson Freires Viana, Ester Barroncas De Souza Teixeira, Sarethra Franklin Guimarães, William Ernest Magnusson, Gilvanferreira Da Silva

INSTITUIÇÃO: Embrapa Amazônia Ocidental

RESUMO:

Fungos do gênero *Trichoderma* são amplamente distribuídos em solos e rizosferas. Destacam-se pelo potencial biotecnológico, atuando como agentes de biocontrole contra fitopatógenos, produtores de enzimas hidrolíticas, indutores de resistência sistêmica em plantas, promotores do crescimento vegetal por meio de mecanismos diretos e indiretos e fontes de importantes produtos naturais. Na floresta amazônica a exemplo da Reserva de Desenvolvimento de Sustentável Rio Negro (RDS-RN) onde podem ser encontradas diferentes fitofisionomias como áreas alagadas, terra firme e floresta de areia brancas, espera-se diferentes padrões de diversidade de microrganismos de solo. Neste contexto, este estudo teve como objetivo analisar os perfis químicos de metabolismo secundário de 19 linhagens de fungos do gênero *Trichoderma* spp., obtidos da RDS-RN. As linhagens após purificadas e preservadas, foram cultivadas em placa de Petri, em meio de cultura Batata-Dextrose-Ágar-extrato de levedura (BDA+L), a 28 ± 1 °C, por cinco dias. Em seguida, foram preparadas soluções de suspensão de esporos e inoculadas em meio de cultura líquido, em tubos falcons de 15 mL, contendo meio de cultura BD+L, cultivadas nas mesmas condições anteriores. O caldo fermentado foi separado por centrifugação, transferido para frasco de vidro e extraído com 3 mL de Acetato de Etila (AcOEt). Uma alíquota de 2 mL de cada extrato foi transferida para vidros vials e analisados por espectrometria de massas. As análises foram realizadas em um espectrômetro de massa tipo ion-trap, modelo LCQ Fleet (Thermo Scientific, San Jose, CA, USA), equipado com uma fonte de ionização por eletrospray (ESI), operando no modo positivo e negativo, por injeção direta de aproximadamente, 5000 L. Os espectros m/z obtidos (100-1000 m/z) foram autoscalados (centrados na média e divididos pelo desvio-padrão) e submetidos à Análise de Componentes Principais (PCA) através do pacote "FactoMineR". No modo positivo, o gráfico de agrupamento indicou o perfil químico dos isolados CPAA-TC11 e CPAA-TC08 como dois outliers que foram removidos em análise subsequente com objetivo de realçar os resultados obtidos para as demais amostras. Na análise de PCA dos perfis químicos em ionização positiva, PC1 (10,47%) e PC2 (10,2%)

explicam juntas aproximadamente 20,7% da variabilidade, evidenciando uma separação moderada entre os perfis químicos dos isolados. A linhagem CPAA-TC03, apresenta um perfil químico particularmente distinto, indicando a possível presença de metabólitos secundários específicos que não estão amplamente distribuídos entre as demais linhagens. A maioria das demais linhagens formam subagrupamentos que sugerem perfis químicos parcialmente compartilhados. No modo negativo, PC1 (6,61%) e PC2 (6,54%) explicam conjuntamente aproximadamente 13,15% da variância total dos dados, indicando moderada diferenciação química entre as amostras, embora ainda com sobreposição significativa entre algumas linhagens. As linhagens CPAA-TC26, CPAA-TC08 e CPAA-TC28 se destacam claramente indicando perfis metabólicos singulares nesse modo de ionização, possivelmente associado à produção de ácidos orgânicos, compostos fenólicos ou polares com forte afinidade por ionização negativa. Esses resultados reforçam o papel do gênero *Trichoderma* como fonte promissora de metabólitos secundários e demonstram a relevância de abordagens metabolômicas e quimiométricas para a seleção racional de linhagens com potencial biotecnológico voltado à agricultura, farmacologia e indústria de bioinsumos.

Palavras chave: *Trichoderma*, Perfil químico, Metabolismo secundário, Potencial biotecnológico.

Agradecimentos: Os autores agradecem à Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado do Amazonas (FAPEAM) e ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) pelo apoio financeiro (Processo nº: 445406/2024-0 / CNPq Edital Pró-Amazônia).