

ID TRABALHO: 204/3237-0

ÁREA DO TRABALHO: GENÉTICA DE MICROORGANISMOS E BIOINFORMÁTICA

TÍTULO DO TRABALHO: Caracterização De Clusters De Genes Biossintéticos De Produtos Peptídicos Ribossomais (Ripp) Em Espécies Amazônicas De Trichoderma

AUTORES: Daniel Vanderlei De Oliveira, Gleucinei Dos Santos Castro, Thiago Fernandes Sousa, Michel Eduardo Beleza Yamagishi, Iohanna Letícia Monteiro Meirelles Viana, Gilvan Ferreira Da Silva

INSTITUIÇÃO: CPAA - Embrapa Amazônia Ocidental

RESUMO:

Peptídeos têm ganhado destaque como soluções promissoras para desafios terapêuticos, agrícolas e no combate à resistência bacteriana. Dentre eles, os RiPPs (peptídeos ribossomais modificações pós-tradução) despertam interesse crescente devido à sua diversidade estrutural e funcional. A biossíntese desses compostos é codificada por clusters de genes biossintéticos (BGCs), que apresentam variabilidade na composição de genes entre diferentes organismos, o que reflete em sua diversidade estrutural. Com o avanço das ferramentas genômicas e bioinformáticas, tornou-se possível identificar in silico esses BGCs e prever a estrutura dos produtos naturais associados. Nesse contexto, o gênero *Trichoderma*, reconhecido por sua capacidade de produzir compostos bioativos, representa uma fonte promissora para a prospecção de novos RiPPs. O objetivo deste trabalho foi identificar e caracterizar os BGCs relacionados a RiPPs em 10 genomas de espécies de *Trichoderma* isoladas de sedimentos de rios da Amazônia, além de avaliar as variações na composição de genes desses clusters. Os genomas analisados pertencem à coleção da Embrapa Amazônia Ocidental e foram sequenciados na plataforma Illumina, utilizando leituras pareadas (paired-end) de 150 pares de bases (pb). A montagem de novo foi realizada com o software SPAdes e a anotação de genes foi realizada com a ferramenta Augustus. A identificação de BGCs do tipo RiPPs foi realizada via FungiSMASH. Para explorar a diversidade de RiPPs no conjunto de genomas foi utilizado BiG-SCAPE. No total, foram identificados 60 BGCs relacionados a RiPPs, distribuídos entre as seguintes linhagens: CPAA-TM8 (6), CPAA-TM14 (6), CPAA-TM15 (7), CPAA-TM26 (5), CPAA-TM42 (8), CPAA-TM44 (6), CPAA-TM58 (1), CPAA-TM63 (8), CPAA-TM67 (9) e INPA 2475 (4). A análise de similaridade revelou a formação de sete famílias gênicas distintas contendo clusters de RiPPs, duas dessas famílias são compostas pelas mesmas linhagens (CPAA-TM67, CPAA-TM42, CPAA-TM14, CPAA-TM63 e CPAA-TM15). Curiosamente, a maioria das RiPPs formaram singletons (35), revelando clusters não compartilhados e linhagem-específica. Uma outra família agrupou seis linhagens (CPAA-TM26, TM42, TM8, TM67, TM14 e TM15), todos contendo o gene *ustYa*, que codifica uma proteína de modificação pós-traducional associada à biossíntese de peptídeos cíclicos como a ustiloxina. Apesar de compartilharem esse núcleo, o genoma

CPAA-TM14 apresentou uma inserção de um gene biossintético, sugerindo possível diversificação funcional que pode resultar na produção de novas variantes de RiPPs. Os isolados CPAA-TM42 e CPAA-TM67 foram presentes na maioria dos agrupamentos. As análises genômicas e bioinformáticas empregadas forneceram uma base robusta para futuras abordagens funcionais, incluindo expressão heteróloga, caracterização estrutural e testes de bioatividade. Estes resultados destacam o potencial inexplorado da biodiversidade microbiana amazônica e reforçam a importância da genômica de fungos na descoberta de novos scaffolds químicos com aplicação farmacológica e agrícola.

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)

Palavras-chave: RiPPs; Trichoderma; Clusters de genes biossintéticos (BGCs); Predição in silico; Diversidade genômica.