



**XXXIII SIC** SALÃO INICIAÇÃO CIENTÍFICA

<b>Evento</b>	Salão UFRGS 2021: SIC - XXXIII SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
<b>Ano</b>	2021
<b>Local</b>	Virtual
<b>Título</b>	Detecção de RiPPs em <i>Metarhizium Anisopliae</i>
<b>Autor</b>	RAIANA GAIARDO GIRARDI
<b>Orientador</b>	CHARLEY CHRISTIAN STAATS

## Detecção de RiPPs em *Metarhizium anisopliae*

Autor: Raiana Gaiardo Girardi

Orientador: Charley Christian Staats

Universidade Federal do Rio Grande do Sul

Metabólitos secundários fúngicos representam um conjunto de produtos naturais amplamente utilizados em aplicações farmacêuticas e agrícolas. Peptídeos sintetizados ribossômicamente e modificados pós-tradução (RiPPs) são um grupo amplo e diverso de metabólitos secundários de origem bacteriana e fúngica. Com poucas classes descritas na literatura, sabe-se muito pouco acerca de RiPPs fúngicos, apesar do crescente interesse considerando suas propriedades bioativas. A maioria das técnicas utilizadas para identificação de RiPPs consistem no emprego de *software* de bioinformática que realizam mineração de genoma. Apesar da disponibilidade, a maioria das ferramentas de mineração de genoma para detecção de *clusters* gênicos que codificam RiPPs são voltadas para genomas bacterianos. Assim, algumas estratégias vêm sendo empregadas por outros pesquisadores para adaptação dessas ferramentas que possam levar à descoberta de novos RiPPs de origem fúngica. Utilizamos algumas destas estratégias para identificar potenciais RiPPs em uma linhagem do fungo filamentosamente entomopatogênico *Metarhizium anisopliae*, consagrado pelas propriedades pesticidas derivadas dos metabólitos secundários, no controle biológico de diversas pragas e doenças agrícolas. Para tanto, aplicamos estratégias que combinam e adaptam ferramentas existentes, dentre elas antiSMASH, RiPPMiner e DeepRiPP. Para testar os *software*, utilizamos sequências de peptídeos precursores de RiPPs fúngicos já conhecidos. Apesar da incorreta classificação, os *software* conseguiram identificar as sequências. Ao inserirmos o genoma de *Metarhizium anisopliae* E6, extraído de banco de dados público, obtivemos resultados de conjuntos vazios de detecção de RiPPs. Após inúmeras tentativas de detecção de RiPPs por segmentos do genoma e com outras ferramentas de bioinformática, reabordamos o tema pelo olhar da conservação genética, a partir de identificação prévia de RiPPs conservados em trabalhos anteriores do grupo de pesquisa. Com esta abordagem, DeepRiPP foi capaz de detectar duas potenciais sequências de RiPPs, entretanto, estes resultados precisam passar por extensa curadoria manual com base em análise filogenética (comparativa) e dados RNASeq para confirmar nossos resultados.