



Conectando vidas
Construindo conhecimento

XXXIII SIC SALÃO INICIAÇÃO CIENTÍFICA

Evento	Salão UFRGS 2021: SIC - XXXIII SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2021
Local	Virtual
Título	Análise genômica e transcriptômica de agrupamentos gênicos envolvidos na biossíntese de metabólitos secundários no fungo fitopatogênico <i>Gaeumannomyces tritici</i>
Autor	FELIPE GEREMIA
Orientador	AUGUSTO SCHRANK

**Análise genômica e transcriptômica de agrupamentos gênicos envolvidos na
biossíntese de metabólitos secundários no fungo fitopatogênico
*Gaeumannomyces tritici***

Aluno: Felipe Geremia

Orientador: Augusto Schrank

Instituição: Universidade Federal do Rio Grande do Sul

Diversas estratégias são utilizadas para mediar a interação fungo-planta e estas interações podem tanto beneficiar quanto prejudicar o hospedeiro. Vários fungos filamentosos são patógenos vegetais de importância econômica. O mal-do-pé é uma das doenças mais importantes em cereais (trigo, cevada e centeio). A doença é causada pelo fungo *Gaeumannomyces tritici* (Magnaporthaceae: Magnaporthales), e resulta em plantas atrofiadas e desbotadas, com a infecção progredindo para lesões negras nas raízes que se estendem para o tecido da coroa. Diversos organismos tiveram seu genoma sequenciado nos últimos anos, sendo o caso de *G. tritici* e várias espécies pertencentes à ordem Magnaporthales, permitindo, assim, análises comparativas a fim de identificar determinantes de virulência putativos. Metabólitos secundários são moléculas com diversas atividades biológicas que desempenham funções importantes no processo de infecção de fitopatógenos. Assim, o objetivo deste trabalho foi identificar agrupamentos gênicos responsáveis pela biossíntese de metabólitos secundários (AGBMS) no genoma de *G. tritici* e avaliar a conservação e evolução destes genes. A identificação dos AGBMS de *G. tritici* foi realizada utilizando as ferramentas antiSMASH e SMIPS. Através desta etapa, foram identificados 35 AGBMS no genoma de *G. tritici* (14 PKS, 5 NRPS, 3 NRPS-like, 5 terpenos, 3 PKS-NRPS e 5 indóis). Dentre estes AGBMS, 3 se destacaram (GtPKS1, GtPKS14 e GtPKS-NRPS3) por apresentarem similaridade com AGBMS já caracterizados em outras espécies (alternariol, ACR-toxina e tricoseína). Para analisar a conservação dos AGBMS em outras espécies foram empregadas diferentes abordagens, como BLASTP e a ferramenta MultiGeneBlast. Inferência filogenética e genômica comparativa foram realizadas para estes AGBMS, a fim de melhor explorar estas possíveis rotas de biossíntese. Os resultados indicam que *G. tritici* pode produzir metabólitos secundários assemelhados ao alternariol, a ACR-toxina e a tricoseína, sendo estes compostos potenciais determinantes de virulência.