

# 8º CDMICRO | Evento Presencial



## CONGRESSO SOBRE DIVERSIDADE MICROBIANA DA AMAZÔNIA

DIVERSIDADE MICROBIANA:  
DESAFIOS E OPORTUNIDADES

# ANAIS 2023

24 a 27 de abril de 2023 | UFAM - MANAUS - AM

### Organização



UEA  
UNIVERSIDADE  
DO ESTADO DO  
AMAZONAS



Ministério da Saúde  
FIOCRUZ  
Fundação Oswaldo Cruz  
Instituto Leônidas e Maria Orlan



### Apoio



Secretaria de  
Desenvolvimento  
Econômico, Ciência,  
Tecnologia e Inovação



# Arquitetura genômica de genes que flanqueiam o regulador LaeA em *Trichoderma* spp.

**Joelma dos Santos Fernandes**<sup>1</sup>; **Claudia Afras de Queiroz**<sup>1</sup>; **Thiago Fernandes Sousa**<sup>1,4</sup>; **Rogério Eiji Hanada**<sup>2</sup>; **Gilvan Ferreira da Silva**<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Bolsista. Embrapa Amazônia Ocidental. Estrada AM 010, KM29, Manaus;<sup>2</sup>Pesquisador. Instituto Nacional de Pesquisa da Amazônia. Av. do Sol, Campus III - V8, Aleixo;<sup>3</sup>Pesquisador. Embrapa Amazônia Ocidental. Estrada AM 010, KM29, Manaus;<sup>4</sup>Discente. Universidade Federal do Amazonas. Av. Rodrigo Otávio, Japiim.

## Resumo

Ferramentas de bioinformática e sequenciamento de genoma cada vez mais eficientes e com menor custo tem contribuído com a identificação de um vasto número de grupos de genes relacionados a síntese metabólica, os BGCs. A identificação de compostos bioativos crípticos por meio da estratégia de mineração não é suficiente para obtenção de metabolitos secundários de interesse, uma vez que, fatores epigenéticos podem influenciar na expressão de genes crípticos. O regulador LaeA é considerado um fator importante para desbloquear a expressão de metabolitos crípticos, já constatado em vários fungos. Este trabalho teve como objetivo realizar análise de sintenia das sequências dos genes que flanqueiam o LaeA em 16 espécies de *Trichoderma* e analisar a correlação filogenética dos isolados, com intuito de verificar a conservação gênica da região. A análise ocorreu com a busca da sequência que codifica o regulador global LaeA e cerca de cinco genes a montante e a jusante ao LaeA nos genomas de dezesseis isolados, utilizando o software Genious Prime. As sequências foram analisadas por meio do pipeline clinker & clustermap.js para análise de sintenia. A árvore filogenética foi obtida por meio da comparação do genoma das dezesseis linhagens no programa MEGA 7. Alguns dos genes que flanqueiam o *laeA* ainda não tem suas funções bem definidas no gênero *Trichoderma*, outros já possuem suas proteínas bem identificadas neste gênero e em outros, conforme analisado no NCBI. Dentre elas, estão enzimas relacionadas com a síntese de metabolitos primários e secundários. Grupos de genes específicos com alta similaridade também foram observados em quatro isolados, que podem ter se inserido na região por meio da transposição de genes. Essas análises podem ser importantes para fornecer informações a respeito da conservação de proteínas em espécies de *Trichoderma*. Ficando evidente a alta identidade do gene *laeA* nos dezesseis isolados, demonstrando ser um gene conservado em *Trichoderma* spp.

**Palavras-Chave:** *Trichoderma*; Sintenia; Regulador LaeA.