

Mineração Genômica em *Trichoderma harzianum* BRM 29600: Identificação e Caracterização de Clusters Gênicos Biossintéticos

Vanislene Borges da Silva¹; Kássia Lorrany Marques de Paula¹; Márcio Vinicius
de Carvalho Barros Cortes²; Murillo Lobo Junior²

¹Universidade Federal de Goiás / Programa de Pós-Graduação em Agronomia. ²Embrapa Arroz e Feijão. E-mail: vanisleneborges13@gmail.com

O gênero *Trichoderma* é amplamente reconhecido por seu potencial no controle biológico de doenças de plantas e produção de bioativos para aplicações biotecnológicas e industriais. Objetivou-se realizar a mineração genômica para identificar e caracterizar o potencial biossintético do isolado *Trichoderma harzianum* BRM 29600. Utilizando o genoma completo desse isolado, foi empregada a ferramenta antiSMASH Fungal Version 7.0 a fim de identificar Clusters Gênicos Biossintéticos. Os resultados demonstraram que o genoma de *T. harzianum* BRM 29600 possui uma grande diversidade de clusters gênicos dedicados à biossíntese de compostos secundários, com um total de 48 clusters identificados. Destacaram-se 11 clusters de peptídeos não ribossomais (NRPS), incluindo um com 75% de similaridade ao cluster de metachelinas e ácidos dimerúnicos de *Metarhizium robertsii* ARSEF 23, conhecidos por sua função na biossíntese de sideróforos, moléculas essenciais em condições de deficiência de ferro. Outro NRPS de destaque, encontrado na região 239.1, compartilha 100% de similaridade com o cluster de peramina de *Epichloe festucae*, um alcaloide que confere proteção à planta hospedeira contra herbívoros. Além disso, o fungo possui 19 clusters associados à produção de policetídeos tipo I (T1PKS), como o da região 4.1, que é 75% similar ao cluster do tricóxido em *Trichoderma virens* Gv29-8, um composto com propriedades antifúngicas. A região 45.1, por sua vez, apresenta 55% de similaridade com o cluster da tricolignana A em *T. harzianum*, um metabólito secundário com potencial aplicação em biocontrole devido às suas propriedades antifúngicas. Já a região 50.1 mostrou 18% de similaridade com o cluster da aurofusarina em *Fusarium graminearum* PH-1, um pigmento policetídeo com propriedades antimicrobianas. O híbrido T1PKS/NRPS/betalactona, presente na região 40.1, exibe 70% de similaridade com o cluster de harzianopiridona em *T. harzianum*, e o híbrido na região 107.1 compartilha 100% de similaridade com compostos bioativos como harzifilona e isoharzifilona de *Trichoderma guizhouense*. A análise genômica realizada evidenciou o potencial biotecnológico deste isolado, especialmente em termos de produção de compostos com aplicações em biocontrole e defesa vegetal. Destacou-se a presença de clusters gênicos que conferem vantagens adaptativas e ecológicas em ambientes competitivos. Em suma, o presente estudo endossou o potencial deste isolado como agente de biocontrole para a agricultura sustentável.

Palavras-chave: Controle biológico; AntiSMASH; Metabolitos secundários.

Agradecimentos: CAPES, CNPq, FAPED.