



Evento	Salão UFRGS 2018: SIC - XXX SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2018
Local	Campus do Vale - UFRGS
Título	Caracterização de fatores de transcrição que regulam a expressão de enzimas lignocelulolíticas em <i>Penicillium echinulatum</i>
Autor	FERNANDA PESSI DE ABREU
Orientador	SCHEILA DE AVILA E SILVA

UNIVERSIDADE DE CAXIAS DO SUL
**Caracterização de fatores de transcrição que regulam a expressão de enzimas
lignocelulolíticas em *Penicillium echinulatum*.**

Fernanda Pessi de Abreu e Scheila de Ávila e Silva

Em razão do alto custo dos complexos enzimáticos, a etapa de hidrólise enzimática corresponde a 40% do total dos gastos no processo de produção de etanol 2G. O fungo filamentosso *Penicillium echinulatum* é um eficiente degradador de biomassa lignocelulósica, devido ao potencial do seu sistema enzimático extracelular. Uma grande variedade de enzimas CAZy é secretada pelo fungo, particularmente celulases e hemicelulases que são classificadas em famílias de glicosil hidrolases. Essas enzimas atuam sinergicamente na degradação da parede celular vegetal. A hidrólise enzimática transforma a celulose, um polissacarídeo insolúvel, em unidades de glicose. Esse processo é importante para que a fermentação possa ocorrer, e por conseguinte a produção de etanol a partir de fontes alternativas de biomassa vegetal. Nos mecanismos de regulação gênica estão envolvidos fatores de transcrição que regulam a expressão de enzimas lignocelulolíticas, dentre os quais destacam-se: CLR1/CLRA, CLR2/CLRB, ACE1/ACEA, CRE1/CREA e XYR1/XLNR, que atuam na ativação ou repressão dos genes das enzimas lignocelulolíticas. O sequenciamento do DNA da linhagem 2HH foi realizado através da plataforma Illumina HiSeq 2500. As *reads paired-end* filtradas pelo Illumina foram montadas usando o programa de montagem *SPAdes* v3.11.0. A predição e anotação dos genes foi realizada utilizando o *pipeline Funannotate* v1.3.4. O genoma possui tamanho igual a 30,5 MB, foram preditas 8744 proteínas, sendo 132 anotadas como IPR07219: *Fungal-specific TF domain* e 162 anotadas como IPR01138: *Fungal Zn(2)-Cys(6) binuclear cluster domain*. Para a análise evolutiva dos principais fatores de transcrição de *P. echinulatum* foram utilizadas suas sequências de proteínas preditas além das proteínas ortólogas em outras 11 espécies de Ascomycota, cujas sequências foram extraídas do banco de dados Uniprot e a ortologia foi verificada utilizando o software *Proteinortho5* v5.16.b. Através do Software *MEGA7* v7.0.26, opção *Align By Muscle*, foram realizados os alinhamentos e os dendrogramas foram geradas pelo método de máxima verossimilhança com 1000 replicações. A análise dos dendrogramas mostrou que o alinhamento das proteínas de todos os fatores de transcrição analisados de *P. echinulatum* 2HH estão mais próximos do fungo *P. oxalicum* 114-2. Essa informação sugere que *in vivo* os fatores de *P. echinulatum* atuam de forma equivalente aos fatores de transcrição do fungo *P. oxalicum*. Em *P. oxalicum* os fatores de transcrição CLR1/CLRA e CLR2/CLRB são regulados por celulose e regulam positivamente a transcrição de genes de celulases. CRE1/CREA é regulado pela fonte preferida de carbono, sendo um regulador negativo de celulases e hemicelulases, já ACE1/ACEA é regulado por celulose e reprime a transcrição de genes de celulases. A expressão de celulases e hemicelulases também é ativada pelo fator de transcrição XYR1/XLNR, o qual é regulado por celulose e hemicelulose. São necessárias análises experimentais *in vivo* para comprovar a atuação dos respectivos fatores de transcrição em *P. echinulatum*. A caracterização dos fatores de transcrição é fundamental para compreender os mecanismos de regulação das enzimas lignocelulolíticas. Tendo em vista que a engenharia dos fatores de transcrição, bem como dos sítios de ligação dos mesmos nas regiões promotoras das enzimas, pode permitir a potencialização da expressão gênica e a otimização da produção enzimática, tornando mais acessível o processo de hidrólise enzimática da biomassa lignocelulósica. A diminuição dos custos dos complexos enzimáticos é fundamental para alavancar a produção de biocombustível de segunda geração, contribuindo para transição energética global.