



XXV ENCONTRO DE JOVENS PESQUISADORES
VII MOSTRA ACADÊMICA DE INOVAÇÃO E TECNOLOGIA

De 17 a 19 de outubro de 2017
Campus-Sede da UCS • Caxias do Sul



ANÁLISE DE ELEMENTOS PROMOTORES-NÚCLEO NA EXPRESSÃO DO GENE DA CELOBIOHIDROLASE (CBH1) DE *PENICILLIUM ECHINULATUM* (S1M29).

Fernanda Pessi de Abreu (VOLUNTÁRIO), Alexandre Rafael Lenz, Scheila de Ávila e Silva e Aldo José Dillon, Daniel Luis Notari (Orientador(a))

Devido ao alto custo dos complexos enzimáticos, a etapa de hidrólise enzimática do processo de produção de etanol 2G corresponde a 40% do custo total da produção deste biocombustível. O fungo filamentosso *Penicillium echinulatum* é um dos mais eficientes degradadores de biomassa lignocelulósica, devido ao potencial do seu sistema enzimático extracelular. Quando comparada a produção de enzimas da linhagem mutante (S1M29) com a selvagem (2HH) de *P. echinulatum*, a mutante se mostrou mais eficiente. A linhagem S1M29 secreta grande diversidade de enzimas CAZy, principalmente da família GHs (Glicosil hidrolases), um grupo de enzimas que hidrolisam ligações glicosídicas. A celobiohidrolase (CBH1) é uma das enzimas celulolíticas produzida pelo *P. echinulatum*, esta enzima pertence à família GH7 e atua na hidrólise de ligações 1,4- β -D-glicosídicas da celulose, liberando celobiose das extremidades redutoras das cadeias. Assim, a análise de elementos promotores que regulam a expressão do gene da celobiohidrolase é fundamental para, através de engenharia genética, possibilitar a otimização da produção dessa enzima. O sequenciamento do DNA da linhagem S1M29 foi realizado através da plataforma Illumina HiSeq 2500. As *reads paired-end* filtradas foram montadas usando o programa Velvet e a predição dos genes foi realizada com o software Augustus. Foram mapeados 8285 genes, sendo 174 pertencentes à família das GHs e 615 proteínas secretadas preditas, correspondendo a um genoma de tamanho igual a 30,5 Mb. A extração da sequência promotora do gene foi feita utilizando as informações do códon de iniciação do gene predito. Foi extraída a sequência compreendida entre -200 *upstream* e +40 *downstream* em relação ao códon de iniciação, a qual foi analisada com a ferramenta ElemeNT. Utilizando o consenso de localização dos elementos promotores-núcleo em eucariotos, a possível combinação está localizada entre as posições 78 e 146. Os elementos encontrados pela ferramenta ElemeNT foram: (i) TATA-BOX com posição de início 78, sequência TATATAAG; (ii) Inr (iniciador) com posição de início 111, sequência TTGTTCT; (iii) Bridge 1 com posição de início 130, sequência CCTCC e Bridge 2 com posição de início 142, sequência TCTCCT. Assim, a compreensão desses elementos promotores-núcleo pode contribuir para a otimização da produção da celobiohidrolase (CBH1) através da criação de novos mutantes, tornando mais acessível o processo de hidrólise enzimática da biomassa lignocelulósica.

Palavras-chave: celobiohidrolase, promotores-núcleo, *Penicillium echinulatum*

Apoio: UCS