



ANÁLISE DE ELEMENTOS REGULADORES DE CELULASES DE *PENICILLIUM ECHINULATUM*: MAPEAMENTO *IN SILICO* DE SÍTIOS DE LIGAÇÃO DE FATORES DE TRANSCRIÇÃO E PROMOTORES-NÚCLEO.

Fernanda Pessi de Abreu (PIBIC-CNPq), Alexandre Rafael Lenz, Nikael Souza de Oliveira, Eduardo Balbinot, Marli Camassola, Aldo José Pinheiro Dillon, Scheila de Avila e Silva (Orientador(a))

A eficiente degradação dos resíduos de biomassa lignocelulolítica, utilizados na produção do etanol de segunda geração (2G), requer a etapa de hidrólise enzimática. O coquetel enzimático necessário é composto por enzimas CAZy que, por seu alto custo, limita a produção do biocombustível. O fungo filamentosso *Penicillium echinulatum* destaca-se por sua capacidade de produção de enzimas CAZy, sendo alvo de pesquisas biotecnológicas que visam a concepção de linhagens hiperprodutoras de coquetéis enzimáticos. Uma forma para aumentar a produção enzimática é a análise da regulação gênica que pode ocorrer a nível transcricional, etapa na qual estão envolvidos elementos regulatórios como os promotores-núcleo, essenciais para o processo da transcrição, e os sítios de ligação dos fatores de transcrição (TFBS). O objetivo deste trabalho foi identificar *in silico* os TFBS e os promotores-núcleo dos genes das enzimas: *bgl1* (beta-glucosidase), *cbh1* (celobiohidrolase), *egl1* e *egl2* (endoglucanases). Foram extraídas as sequências promotoras compreendidas entre -200 upstream e +40 downstream em relação ao códon de iniciação para cada gene. Para predição dos promotores-núcleo foi utilizada a ferramenta ElemeNT. A predição dos TFBS foi realizada pela ferramenta TFTools, utilizando os fatores de transcrição (TFs) disponíveis no CIS-BP Database do fungo *P. oxalixum* devido à sua proximidade filogenética a *P. echinulatum*. Foram preditos TFBS de nove TFs reguladores de celulases verificados em *P. oxalixum*: CreA, Hsf1, CxrB, Flbc, HAP2, RhaR, StuA, AreA e Homeobox. Em *bgl1*, foi identificado o TFBS de CreA (regulador negativo). Já CxrB (regulador positivo) foi predito nas sequências promotoras de *cbh1* e *egl2*. Hsf1 (Heat-shock - regulador de stress) foi identificado em todos os genes. Os TFs preditos pela ferramenta já foram caracterizados em *P. oxalixum*, sugerindo que diversos motivos de ligação permanecem conservados entre as duas espécies. A ferramenta ElemeNT identificou promotes-núcleo como TATA-box, Iniciador, Bridge e DPE. Os elementos TATA-box, em *cbh1*, e Iniciador, em *egl2*, apresentaram PWM-score máximo, indicando a conservação das sequências promotoras presentes em eucariotos. O mapeamento *in silico* dos elementos regulatórios é crucial para concepção de linhagens hiperprodutoras de enzimas, já que a identificação de alvos potenciais reduz custos, impactando na otimização da produção enzimática e na produção de etanol 2G, contribuindo para transição energética global.

Palavras-chave: Etanol 2G, Hidrólise enzimática, Regulação gênica

Apoio: UCS, CNPq