



ANÁLISE DA REDE REGULATÓRIA DO FATOR DE TRANSCRIÇÃO CXRB ENVOLVIDO NA REGULAÇÃO DO SISTEMA LIGNOCELULOLÍTICO DE *PENICILLIUM ECHINULATUM*

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

A etapa de hidrólise na produção de etanol de segunda geração requer um robusto consórcio enzimático que possui alto custo devido as enzimas utilizadas no processo. Nesse sentido, microrganismos biofábricas, como o fungo filamentoso *Penicillium echinulatum*, tornam-se alvos na biotecnologia. A indução do sistema lignocelulolítico ocorre pela ação dos fatores de transcrição (TFs), que são elementos-chave na transcrição gênica. Além disso, a concentração de açúcares pode promover uma sinalização em cascata e, conjuntamente com os TFs, regular a expressão dos genes-alvo. CxrB, um TF da superfamília *Zinc finger C2H2*, atua como ativador de celulases e xilanases. Visto isso, o objetivo deste trabalho foi realizar a análise da rede regulatória de CxrB, enfatizando genes das enzimas CAZy, transportadores de açúcares (STs) e TFs. A rede global de regulação de *P. echinulatum* foi anteriormente inferida com base na ortologia entre três organismos: *Aspergillus nidulans*, *Neurospora crassa* e *Saccharomyces cerevisiae*. Em seguida, foi constituída a rede específica para CxrB por meio do *software* Cytoscape v.3.8.0, sendo consideradas somente as interações diretas com TFs, enzimas CAZy e STs. Para inferir uma possível ação molecular verificou-se a presença de sítios de ligação para CxrB nos genes das enzimas Cazy por meio das ferramentas Rsat e TFTools. A rede gerada possui 128 interações e 71 genes, sendo 27 enzimas Cazy, 9 STs e 35 TFs. Dentre as enzimas que degradam a biomassa vegetal, CxrB mostrou potencial para regulação da monooxigenase lítica de polissacarídeos e celobiohidrolase II. Os sítios de ligação para CxrB foram identificados em ambos os genes. Além disso, embora celobiohidrolase I, importante para clivagem de regiões redutoras, ausente na rede, também apresenta provável regulação por CxrB visto o sítio de ligação predito para este TF. Foram identificados 9 STs, pertencentes à superfamília MFS que direciona a translocação de solutos em resposta a gradientes eletroquímicos. Os STs apresentaram potencial para transporte de pentoses, hexoses, glicerol, maltose e sacarose. Por fim, CxrB apresentou interação com ClrA e ClrB - TFs que regulam positivamente genes de celulase. Outros TFs que atuam em resposta à diferentes condições, como sinalização luminosa e reprodução assexuada, também foram identificados. Assim, este estudo possui *insights* sobre a regulação gênica de *P. echinulatum* e proporciona subsídios para concepção de linhagens hiperprodutoras de enzimas.

Palavras-chave: Rede de regulação, Transportadores de açúcar, Enzimas Cazy

Apoio: UCS, CNPq