

EXPRESSÃO DIFERENCIAL DE GENES DE CELULASES E XILANASES DE *Penicillium echinulatum*

Autores: Luísa Czamanski Nora¹, Gabriela Felix Persinoti³, Thiago Augusto Gonçalves³, Fabio M. Squina³, Scheila de Ávila e Silva², Aldo J. P. Dillon¹, Marli Camassola¹

Instituições: ¹Universidade de Caxias do Sul, Instituto de Biotecnologia, Laboratório de Enzimas e Biomassa, Caxias do Sul - RS/Brasil. E-mail: lcnora@gmail.com

²Universidade de Caxias do Sul, Centro de Ciências Exatas e Tecnologia, Caxias do Sul - RS/Brasil

³Laboratório Nacional de Tecnologia do Bioetanol (CTBE), CNPEM, Campinas - SP/Brasil

Resumo:

Celulases e xilanases são enzimas produzidas por fungos que têm sido amplamente estudadas devido ao seu potencial de utilização em processos de biorrefinarias, para obtenção de etanol de segunda geração a partir de resíduos agrícolas, além de outras aplicações, como no branqueamento de polpa de papel. Celulases são um complexo de enzimas que degradam a celulose – composto por endoglicanases, celobiohidrolases e β -glicosidases – e xilanases degradam a hemicelulose presente na parede celular vegetal. A linhagem mutante com melhor desempenho na produção dessas enzimas do fungo filamentosso *Penicillium echinulatum* é a SIM29, obtida através de diversas rodadas de mutagênese a partir da linhagem selvagem 2HH. A fim de analisar a expressão diferencial dessas enzimas dependendo da fonte de carbono, a linhagem mutante de *P. echinulatum* foi crescida tanto em bagaço de cana-de-açúcar (BCA) quanto em glicose e um sequenciamento de RNA em larga escala foi realizado. As sequências *paired-end* geradas utilizando Illumina HiSeq foram filtradas de acordo com sua qualidade utilizando o Trimmomatic e montadas em transcritos através do Trinity. O pacote EdgeR/Bioconductor foi utilizado para análise de expressão diferencial. A anotação do transcriptoma foi obtida de acordo com o *pipeline* sugerido pelo Trinotate, integrando informações de transcritos com os resultados de expressão diferencial e as proteínas preditas pelo programa TransDecoder. Adicionalmente, análises de BLASTp e BLASTx foram conduzidas para identificar possíveis funções dos genes. Os genes de celulases e xilanases, em sua maioria, foram positivamente expressos quando o fungo cresceu utilizando BCA como fonte de carbono, quando comparados com o meio contendo glicose. Estes genes positivamente expressos chegaram a valores muito altos de expressão, como de 10 vezes mais para algumas endoglicanases e de 9 vezes mais para algumas xilanases. Alguns poucos genes não apresentaram expressão diferencial significativa, e apenas dois genes de β -glicosidases foram mais expressos em glicose do que em BCA. Esses resultados mostram que o bagaço de cana-de-açúcar contém substâncias que atuam como indutores de genes de celulases e xilanases, sendo um promissor substrato para produção de enzimas para a indústria de etanol de segunda geração e outros produtos de biorrefinaria.

Palavras-chave: celulases, xilanases, fungo filamentosso, expressão diferencial, RNA-seq.

Agência de fomento: FAPERGS