



## **Prospecção de sequencias de nucleotídeos para enzimas relacionadas com a biodegradação de plástico em genomas de fungos endofíticos da Antártica.**

Steffany Virgolino, discente de graduação, Universidade Federal do Pampa, Campus São Gabriel

Guilherme Afonso, discente do Programa de Pós-graduação, Universidade Federal do Pampa, Campus São Gabriel

Maria Victoria, discente do Programa de Pós-graduação, Universidade Federal do Pampa, Campus São Gabriel

Sara Bohi, discente de graduação, Universidade Federal do Pampa, Campus São Gabriel

Margéli Pereira de Albuquerque, NEVA4Science, São Gabriel  
Filipe Victoria, docente, Universidade Federal do Pampa.

Steffanynobre.aluno@unipampa.edu.br<sup>1</sup>

Os plásticos são polímeros que podem ter origem sintética ou orgânica, e seu uso se estende em diferentes setores industriais, como em bens de consumo, maquinaria industrial, automóveis, área da saúde, entre outros. O plástico substitui materiais como madeira ou vidro e pode ser misturado com aditivos químicos para deixá-los mais duráveis ou flexíveis, baixando custos e facilitando a comercialização. No início da década de 1980 o plástico descartável já havia substituído grande parte dos materiais que constituíam os bens de consumo, e a falsa ideia de que só a reciclagem seria a solução para a quantidade de resíduos descartados influenciou no aumento do consumo. Alguns mecanismos podem ser utilizados como alternativa de tratamento eficaz e limpa para esses resíduos, a biorremediação por exemplo, se dá a partir do uso de processos biológicos para a degradação ou transformação de contaminantes a fim de reduzir o impacto ambiental causado por estes poluentes. Algumas espécies de fungos podem realizar processos como a biodegradação, que ocorre através de reações químicas catalisadas por enzimas específicas, a fim de que os polímeros sejam usados como fonte de nutrientes e carbono para os fungos. A Antártica possui características extremas, conseqüentemente os organismos que vivem nesse ambiente podem ser capazes de produzir enzimas com melhor capacidade de degradação. Portanto, neste resumo foram feitas análises via web acerca do alinhamento genético de enzimas apontadas em literatura capazes de biodegradar polímeros, com genes de fungos endofíticos antárticos. As bases de dados utilizadas para a realização desta revisão foram o NCBI e na plataforma Mycocosm-JGI. As enzimas selecionadas foram as lipases, lacases, lignina peroxidase e cellobiohidrolase, onde 4 sequências diferentes de cada enzima foram selecionadas e submetidas à análise por alinhamento Local (*Blast*) em comparação com os genomas dos fungos Antárticos *Arthrinium esporlens*, *Alternaria sp* e *Thelebolus globosus*. Ao todo, foram analisadas 16 sequências oriundas das

enzimas escolhidas na ferramenta Blastn, e como resultado, 7 das 16 sequências foram compatíveis. Todas os homólogos putativos foram identificados e suas sequências alinhadas com auxílio do Mafft. Árvores de máxima verossimilhança foram obtidas por meio do Fasttree, sendo as imagens dos cladogramas criadas e anotadas no ITOL. Para a enzima lipase, das 4 sequências analisadas, a única que teve semelhança com os fungos foi a NW\_006763057.1, onde os fungos *Alternaria* sp, *Arthrinium esporlens* e *Thelebolus globosus*, com valores de identidade (e-value) inferiores a  $1e-10$ . Estes resultados implicam em uma baixa significância para a sequência analisada, não podendo relacionar com segurança estas sequências como homólogos putativos. Para a enzima lacase, duas sequências apresentaram compatibilidade com os fungos comparados, onde em NC\_017849.1, houve compatibilidade com os 3 fungos e em NC\_026507.1, com apenas um. Os resultados obtidos para NC\_017849.1 mostraram que *Arthrinium esporlens* obteve 75 hits, *Thelebolus globosus* 22 hits e *Alternaria* sp. 20 hits, todos com valores de identidade superiores a  $1e-10$ , demonstrando significância como homólogos. Todas as sequências da enzima de lignina peroxidase tiveram como resultado 0 hits, o que indica a que os homólogos putativos não apresentam similaridade significativa com os genomas analisados. O alinhamento local dos nucleotídeos de cellobiohidrolase, por outro lado, demonstraram que todas as sequências são compatíveis com os fungos Antárticos. O resultado mais interessante é que as enzimas lacases, lipases e cellobiohidrolase ocorrem em um único *scaffold* nos genomas das três espécies selecionadas para o presente estudo, o que sugere que essas regiões são conservadas em colinearidade nos genomas de diferentes fungos endofíticos. As análises filogenéticas sugerem a existência de três linhagens evolutivas para as todas as enzimas com hits positivos nos genomas selecionados. Deste modo, pode-se concluir que os homólogos para lipase, lacase e cellobiohidrolase estão presentes em colinearidade nos genomas e são conservados em três linhagens distintas nos fungos antárticos avaliados. Uma vez que estas enzimas que participam ativamente de processos naturais de degradação, com essa comprovação pode-se ainda refletir sobre a possibilidade de potencial biotecnológico para aqueles homólogos de origem em organismos antárticos que compartilham a mesma linhagem das enzimas mais utilizadas em processos de biodegradação, com o diferencial de poderem ser utilizados em ambientes extremos.

**Agradecimentos:** Agradeço ao CNPq pelo fomento para pesquisa (Processos 442675/2018-6, 407591/2018-4 e 443237/2019-0) e a UNIPAMPA pela Bolsa PIBITI/CNPQ.

**Palavras-chave:** biorremediação, lipase, lacase, cellobiohidrolase, filogenia molecular.