

**RECONSTRUÇÃO COMPUTACIONAL DE REDES BIOQUÍMICAS DE FUNGOS
FILAMENTOSOS COM INTERESSE BIOTECNOLÓGICO UTILIZANDO
TRICHODERMA REESEI COMO ORGANISMO-ALVO**

Joyce RIBEIRO¹; Tatiane Beltramini SOUTO²; Jéssica Renata NOGUEIRA³

RESUMO

Neste trabalho, pelo uso de ferramentas computacionais, foram identificadas e organizadas as vias metabólicas de fungos filamentosos bons produtores de enzimas. O conhecimento dessas redes metabólicas é importante para que, antes de iniciar experimentos de otimização da produção e caracterização enzimática, pesquisadores e indústrias possam explorar genes e buscar organismos com grande potencial de produção de enzimas específicas de maneira mais econômica. Desse modo, esse produto pode beneficiar indústrias e pesquisadores que utilizam fungos filamentosos para extração de enzimas em ramos biotecnológicos, tais como: alimentos, produção de sabão em pó, indústria têxtil, produção de etanol a partir de biomassa lignocelulósica.

Palavras-chave:

Biotecnologia; Fungos filamentosos; *Trichoderma reesei*; Enzimas; Vias metabólicas.

1. INTRODUÇÃO

Através do estudo de enzimas produzidas por fungos filamentosos, foi verificado o potencial da utilização destes micro-organismos na indústria (SAID; PIETRO, 2004). Ainda, empregar enzimas secretadas por fungos é mais economicamente viável que utilizar as extraídas de bactérias. Isso ocorre pois fungos filamentosos secretam suas enzimas para o meio externo, o que não ocorre com as enzimas bacterianas. Para elas, são necessárias técnicas finas de centrifugação para a extração da enzima e separação das células, sendo que este procedimento encarece o processo de obtenção e conseqüentemente o valor final do produto (GUIMARÃES et al., 2006).

Segundo Feist (2009), algumas das primeiras reconstruções metabólicas foram voltadas para modelagens de bactérias, fato que permitiu conhecer suas estruturas e suas aplicações. Um exemplo pode ser encontrado no trabalho de Francês (2016). O aumento da utilização de fungos em estudos, de sua aplicação biotecnológica e de suas enzimas permitem que as vias metabólicas dos mesmos possam ser elucidadas, o que contribui com o campo da pesquisa para essa área e para o setor industrial.

¹ Bolsista do Programa Institucional de Incentivo ao Desenvolvimento de Inovação Tecnológica, IFSULDEMINAS – Campus Passos. E-mail: riber.joy@gmail.com.br.

² Orientadora, IFSULDEMINAS – Campus Passos. E-mail: tatiane.souto@ifsuldeminas.edu.br.

³ Co-orientadora, IFSULDEMINAS – Campus Passos. E-mail: jessica.nogueira@ifsuldeminas.edu.br.

Ferramentas computacionais podem ser aplicadas para auxiliar esse estudo, uma vez que sua utilização permite identificar e organizar as vias de fungos produtores de enzimas. Neste trabalho, essas ferramentas são empregadas para o estudo do fungo celulolítico *Trichoderma reesei* QM6a. Esse fungo destaca-se por ser um ótimo produtor de celulase, com potencial aplicação industrial (SILVA, 2013). Ao identificar e organizar as vias metabólicas desse fungo, é possível prever suas aplicações industriais, mesmo sem a realização de experimentos laboratoriais. Nesse sentido, o método computacional proposto auxilia indústrias e pesquisadores que trabalham com o *Trichoderma reesei* QM6a. Como consequência, aplicações desses resultados permitem reduzir tempo e gastos com reagentes.

2. MATERIAL E MÉTODOS

Para organizar e identificar as vias metabólicas do fungo *Trichoderma reesei* QM6a, foi utilizado o GenBank disponibilizado pelo National Center for Biotechnology Information (NCBI) (NCBI, 2019). Posteriormente, foi utilizado o software *Pathway Tools* (PATHWAY TOOLS, 2019) para criar um *Pathway Genome Database* (PGDB). Como saída gerada por esse programa, foi gerado um *draft* sendo este um arquivo gerado pelo *Pathway Tools*, contém as vias metabólicas do fungo considerado. Após a geração do *draft*, o arquivo foi exportado em formato SBML e convertido pelo site *SBtab* (SBTAB, 2019) para o formato XLSX. Como resultado gerado por esse programa, foi gerada uma planilha em que é possível visualizar as reações e metabólitos da rede preliminar gerada no *Pathway Tools*.

3. RESULTADOS E DISCUSSÕES

Com a presente pesquisa, foi possível obter o genoma do fungo *Trichoderma reesei* QM6a, que pode ser observado na Figura 1. Cada fita presente na estrutura apresentada na Figura 1 compõe uma parte de todo o organismo, como pode ser observado na Figura 2.

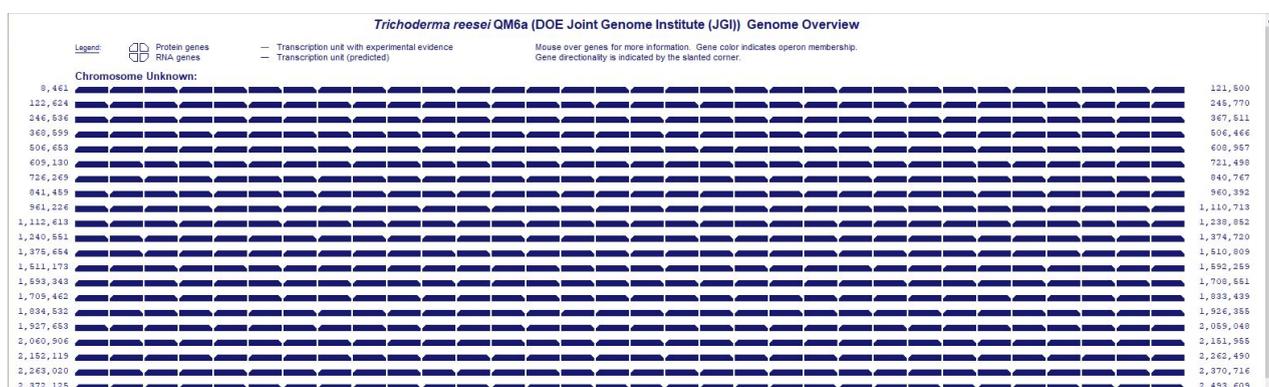


Figura 1: Genoma do fungo *Trichoderma reesei* QM6a.

4. CONCLUSÕES

Com esta pesquisa foi possível obter até o momento as reações e os metabólitos presentes no fungo *Trichoderma reesei* QM6a, a partir destes resultados foi realizado um levantamento das enzimas que realizam a produção de celulases. Com estes resultados, passos futuros referem-se a realização da cura manual das reações químicas, para que seja possível corrigir o máximo de erros que possam surgir a partir da reconstrução automatizada das reações. Estabelecer características específicas do organismo alvo tais como: especificidade do substrato, cofatores e localização subcelular, exige uma ampla busca na literatura bem como a ajuda de especialistas em microrganismos específicos. Para a finalização total do projeto seria necessário um tempo maior de execução, para assim gerar um modelo metabólico deste microrganismo com uma maior precisão.

AGRADECIMENTOS

Este trabalho foi desenvolvido com o apoio financeiro do Programa Institucional de Incentivo ao Desenvolvimento de Inovação Tecnológica, no Edital 72/2018 do IFSULDEMINAS.

REFERÊNCIAS

- FEIST, A. M. et al. **Reconstruction of biochemical networks in microorganisms**. Nature Reviews Microbiology, v. 7, n. 2, p. 129, 2009.
- FRANCÊS, R. S. K. et al. **Reconstrução e modelagem in silico da via de biossíntese de ácidos graxos da bactéria psicotrófica Exiguobacterium antarcticum linhagem B7**. 2016.
- GUIMARÃES, L. H. S. et al. **Screening of filamentous fungi for production of enzymes of biotechnological interest**. Brazilian Journal of Microbiology. São Paulo, v. 37, n. 4, p. 474-480, 2006.
- NCBI. *National Center for Biotechnology Information*. Disponível em: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/> Acesso em: 08 ago. 2019.
- PATHWAY TOOLS. *Pathway Tools Software*. Disponível em: <http://bioinformatics.ai.sri.com/ptools/> Acesso em: 08 ago. 2019.
- SAID, S.; PIETRO, R. C. L. R. **Enzimas como agentes biotecnológicos**. Ribeirão Preto: Legis Summa, p. 412, 2004.
- SBTAB. *Conventions for structured data tables in Systems Biology*. Disponível em: <https://www.sbtanet.net/> Acesso em: 08 ago. 2019.
- SILVA, J. C. R. da. **Estudos da degradação de materiais celulósicos por enzimas de *Scytalidium thermophilum* e do mutante *Trichoderma reesei* RP698**. 2013. 104 slides.