

Identificação dos genes responsáveis pelo transporte de pentose na levedura oleaginosa *Papiliotrema laurentii* UFV-1

Miguel Edmundo Romanizio; Eduardo Luís Menezes de Almeida; João Victor Marques Gonçalves Assis; Wendel Batista da Silveira.

ODS 12 e 13

Trabalho de Iniciação Científica

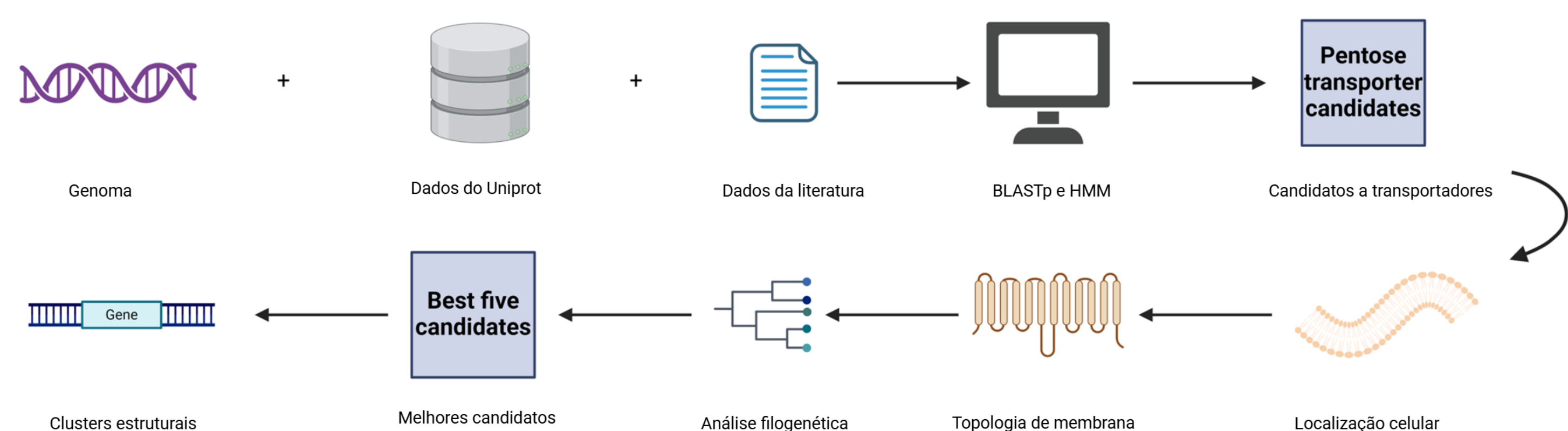
Introdução

Papiliotrema laurentii UFV-1, isolada do solo, é uma levedura oleaginosa capaz de acumular lipídios que podem ser utilizados em processos industriais, como a produção biodiesel de terceira geração, um combustível renovável, e ingredientes para alimentos *plant-based*. Essa levedura metaboliza açúcares presentes em hidrolisados lignocelulósicos, como xilose, como fonte de carbono e energia. Portanto, identificar os transportes de pentoses em *P. laurentii* UFV-1 é fundamental para otimizar a produção de lipídios.

Objetivos

Identificar genes de transportadores de pentoses em *P. laurentii* UFV-1 por meio de abordagens de bioinformática.

Material e Métodos ou Metodologia



Resultados

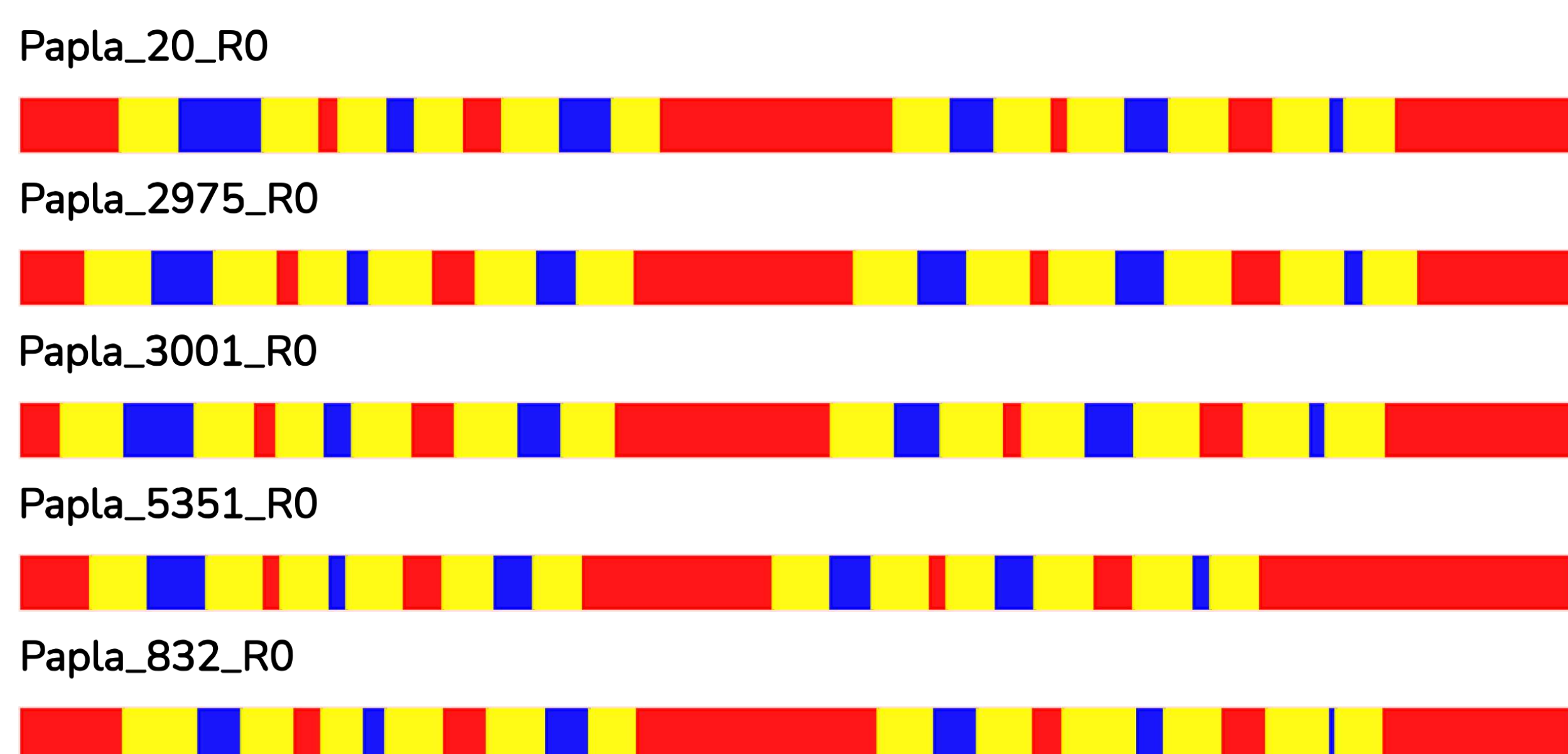


Figura 1. Topologia da membrana dos cinco genes previstos como transportadores de xilose. Os resultados foram previstos usando CCTOP em configurações *default*. Os quadrados vermelhos indicam domínios citosólicos; os amarelos indicam os transmembrana e os azuis indicam domínios extracelulares.

Apoio Financeiro



Conclusões

Identificamos cinco possíveis transportadores de xilose em *P. laurentii* UFV-1 com base nas sequências de aminoácidos. Em estudos futuros, os resultados *in silico* serão validados por meio de testes *in vivo*.

Bibliografia

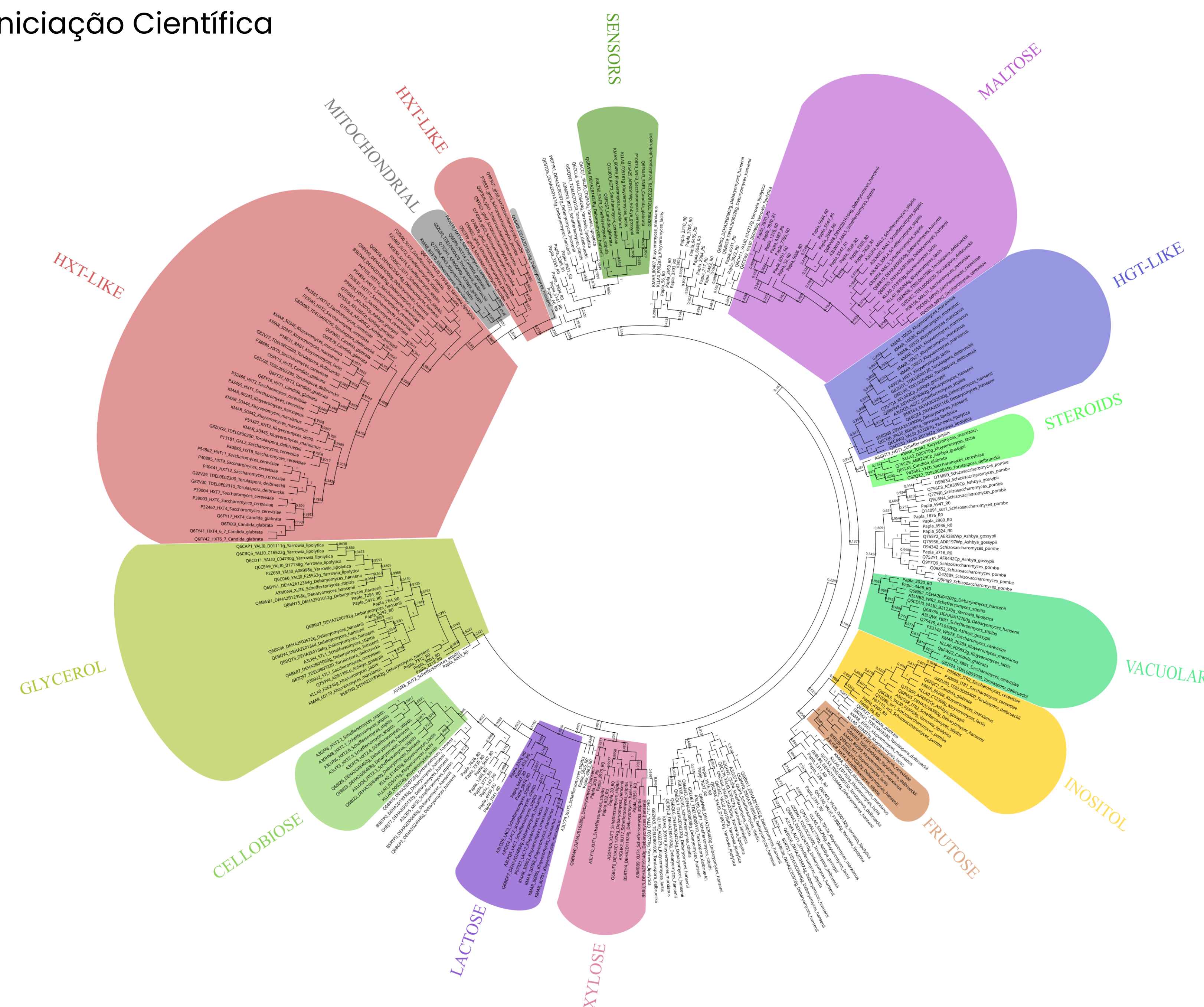


Figura 2. Árvore filogenética de transportadores reconstruída. As sequências proteicas foram alinhadas no MEGA X MUSCLE. A árvore foi reconstruída usando o método *Neighbor-Joining* com *bootstrap* = 500. Grupos de transportadores com funções diferentes são representados com cores diferentes.

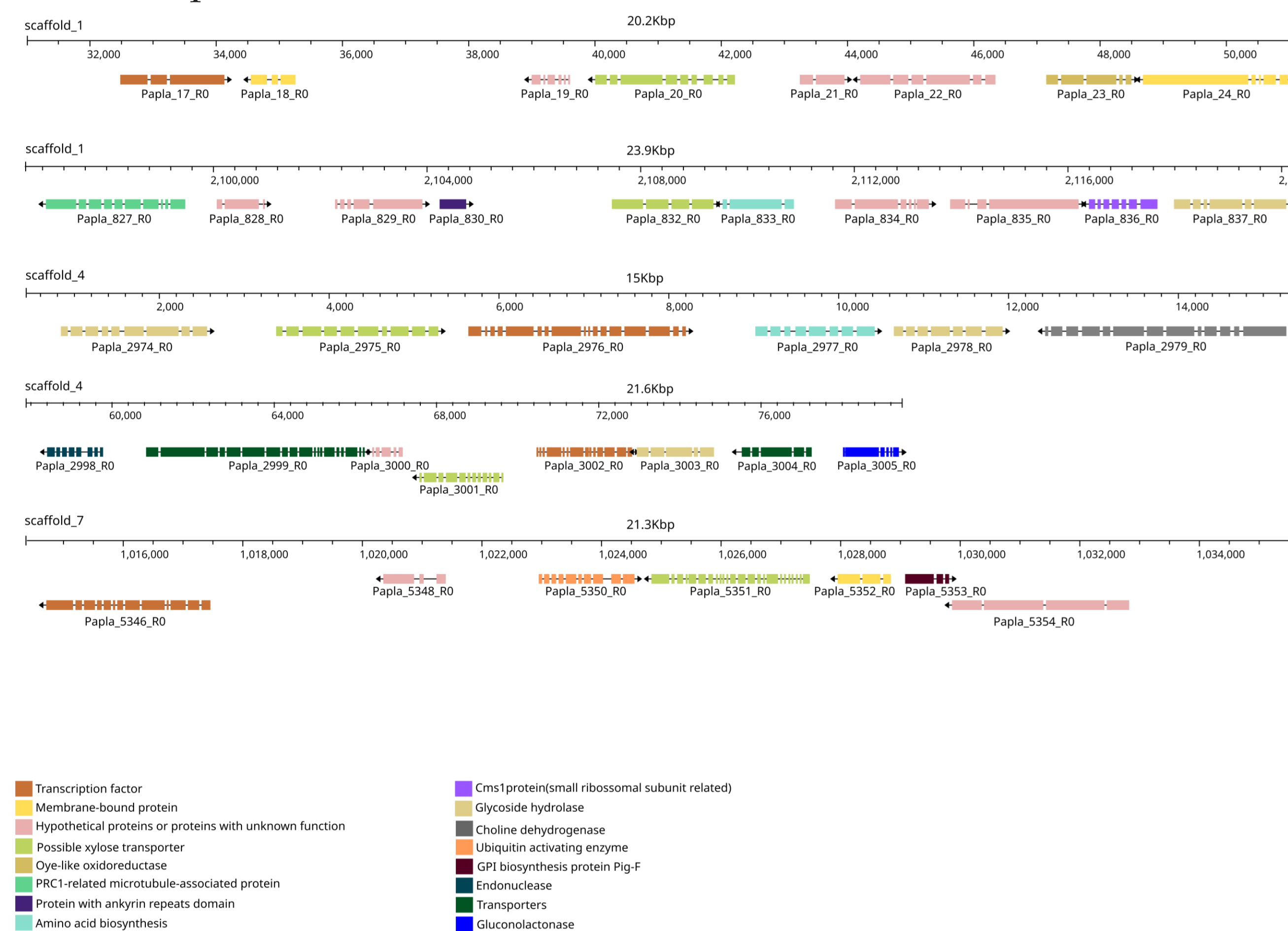


Figura 3. Agrupamento estrutural dos cinco transportadores de xilose previstos. O JBrowse2 foi utilizado para visualização do genoma linear e a função dos genes agrupados foi prevista por meio de um BLASTp e análise pelo InterproScan. Os genes foram agrupados em categorias, representadas por diferentes cores, de acordo com a função prevista.