

# Expressão diferencial de genes em *Pleurotus pulmonarius* associados a degradação enzimática e destoxificação da torta de pinhão-mansoso

Taísa Godoy Gomes<sup>1</sup>, Gabriel Sergio Costa Alves<sup>2</sup>, Sámed Ibrahim Isa Abdel Hadi<sup>3</sup>, Marcos Mota do Carmo Costa<sup>4</sup>, Simone Mendonça<sup>5</sup>, Robert Neil Gerard Miller<sup>6</sup>, Félix Gonçalves de Siqueira<sup>7</sup>

## Resumo

Pinhão-mansoso (*Jatropha curcas*) é uma oleaginosa promissora para produção de biodiesel. A composição do coproduto gerado após a extração do óleo, chamado de torta, o torna um potencial candidato para ser usado na suplementação animal. No entanto, para tais fins, se faz necessária a inativação de compostos tóxicos presentes nesse resíduo, como os ésteres de forbol (EFs). Os EFs são diterpenos que podem induzir respostas inflamatórias agudas e a formação de tumores em animais. No cenário de biodegradação, o basidiomiceto *P. pulmonarius* degrada com eficiência esse composto e ainda produz cogumelos comercialmente viáveis. Neste contexto, o presente trabalho teve como principal objetivo identificar genes envolvidos nesse processo de biodegradação, por meio de sequenciamento paralelo massivo do transcrito de *P. pulmonarius* via Illumina HiSeq 2500. O transcrito do basidiomiceto foi analisado em três momentos distintos e em torta de pinhão-mansoso com presença (bioensaio T) e ausência de EFs (bioensaio NT). Os pontos escolhidos (3, 7 e 11 dias) foram baseados nos resultados da curva de degradação dos EFs ao longo de 30 dias de cultivo sólido. O transcriptoma do fungo foi montado usando o software EvidentialGene e assim mapeados um total de 23.297 genes. Foram identificados 351 genes diferencialmente expressos (DEGs) no cultivo do basidiomiceto em torta de pinhão-mansoso tóxica, dos quais 234 estavam superexpressos e 117 reprimidos. Genes que codificam para proteínas como citocromo P450, hidrofobinas e *heat shock* foram regulados positivamente no tratamento T, em todos os dias avaliados. Além disso, as funções dos genes anotados foram classificadas pelas análises de *gene ontology* (GO). As análises de expressão diferencial de genes obtidos neste trabalho fornecem os primeiros dados sobre os possíveis mecanismos envolvidos no processo de biodegradação, e podem ser usados para elucidar as vias metabólicas e principais proteínas envolvidas nesse bioprocessamento.

Auxílio Financeiro: CNPq (404786/2013-8), Capes.

**Palavras-chaves:** *Jatropha curcas*. transcrito. NGS. pré-tratamento biológico. macrofungos.

<sup>1</sup> Biotecnologista, doutoranda em Biologia Molecular, Universidade de Brasília, taisa.gomes@colaborador.embrapa.br.

<sup>2</sup> Biotecnologista, doutor em Biotecnologia Vegetal, Universidade de Brasília, gscalves@gmail.com.

<sup>3</sup> Biotecnologista, doutorando em Bioinformática, Universidade Federal de Minas Gerais, samed.ibrahim@colaborador.embrapa.br.

<sup>4</sup> Matemático, Analista da Embrapa recursos genéticos e biotecnologia, marcos.costa@embrapa.br.

<sup>5</sup> Farmacêutica, doutora em Saúde Pública, pesquisadora da Embrapa Agroenergia, simone.mendonca@embrapa.br.

<sup>6</sup> Biólogo, professor associado I, Universidade de Brasília, robertmiller@unb.br.

<sup>7</sup> Biólogo, doutor em Ciências Biológicas (Biologia Molecular), pesquisador da Embrapa Agroenergia, felix.siqueira@embrapa.br.