

8º CDMICRO | Evento Presencial



CONGRESSO SOBRE DIVERSIDADE MICROBIANA DA AMAZÔNIA

DIVERSIDADE MICROBIANA:
DESAFIOS E OPORTUNIDADES

ANAIS 2023

24 a 27 de abril de 2023 | UFAM - MANAUS - AM

Organização



UEA
UNIVERSIDADE
DO ESTADO DO
AMAZONAS



Ministério da Saúde
FIOCRUZ
Fundação Oswaldo Cruz
Instituto Leônidas e Maria Orlan



Apoio



Secretaria de
Desenvolvimento
Econômico, Ciência,
Tecnologia e Inovação



Análise comparativa dos fatores de transcrição de inpa 2475 com diferentes linhagens de *Trichoderma*

Aldenor Vinicius Rocha Teixeira ^{1,2} Silva, Gilvan Ferreira

¹Pesquisador EMBRAPA. Rua Deputado Vital Mendonça 69090-000;²Graduando. UEA-ENS. Av. Djalma Batista 2470 69050-01

Resumo

Em uma análise comparativa de promotores de 16 linhagens de trichoderma os genes correspondentes a *LaeA* foram buscados via BLAST na webserver2, logo após 1000 pb upstream do gene que correspondem ao promotor foram capturados e a análise de busca de motivos para fatores de transcrição foi realizada pela web plataforma PROMO. Entre os elementos (motivos) identificados na região promotora, o motivo (TCC/GGA) de reconhecimento para o fator de transcrição FACB, sendo este um fator de transcrição que codifica uma proteína de 867 resíduos que contém características de ativadores transcricionais. principal proteína reguladora envolvida na utilização de acetamida e acetato. O segundo cis-elemento em maior ocorrência foi o motivo (RtrYyNNNNACg) para o fator ABF1 (Enolase-Binding Factor) é responsivo a glicose e é funcionalmente semelhante ao fator de transcrição RAP1. Os genes *abf1* codificam 500 e 758 aminoácidos, respectivamente, incluindo as sequências sinal. A sequência de aminoácidos deduzida de ABFI exibe similaridade de alto nível com a alfa-L-arabinofuranosidase B de *Aspergillus niger*, e as duas podem formar uma nova família de glicosil hidrolases. O terceiro fator de transcrição com maior número de cis-elementos no promotor de *laeA* de *T. agrimazonicum* e depois espécies de *Trichoderma* analisadas é o fator RC2, ligação exclusiva mútua de DNA com HAP1. Tanto o HAP1 quanto o RC2 se ligam ao mesmo lado da hélice e fazem contatos de sulcos maiores e menores semelhantes. O fator de transcrição GCN4 foi o quarto com maior frequência, é um ativador de genes envolvidos na biossíntese de proteínas e purinas, aumento significativo da dimerização por Tax, a expressão de é regulada principalmente no nível translacional por meio de várias ORFs upstream curtas.. A expressão de também é regulada pela degradação rápida através da via da ubiquitina que é inibida em condições de estresse nutricional.

Palavras chave: Análise; Motivos; Transcrição.