



## Identificação de marcas de seleção natural em enzimas metilgloxal redutase de leveduras fermentadoras de xilose com potencial aplicação industrial

Duguay R. M. Silva, Mateus B. Fiamenghi, Guilherme Borelli, Adrielle A. Vasconcellos, Marcelo F. Carazzolle, Gonçalo A. G. Pereira, Juliana Jose

### Resumo

Com o objetivo de viabilizar a produção industrial de etanol de segunda geração (2G) este trabalho visa utilizar genômica comparativa em associação com detecção de evidências de evolução por seleção natural para inferir o papel dos genes de metilgloxal redutases (MGR) no processo de fermentação de xilose em leveduras.

### Palavras-chave:

Genômica comparativa, Etanol 2G, Filogenia Molecular

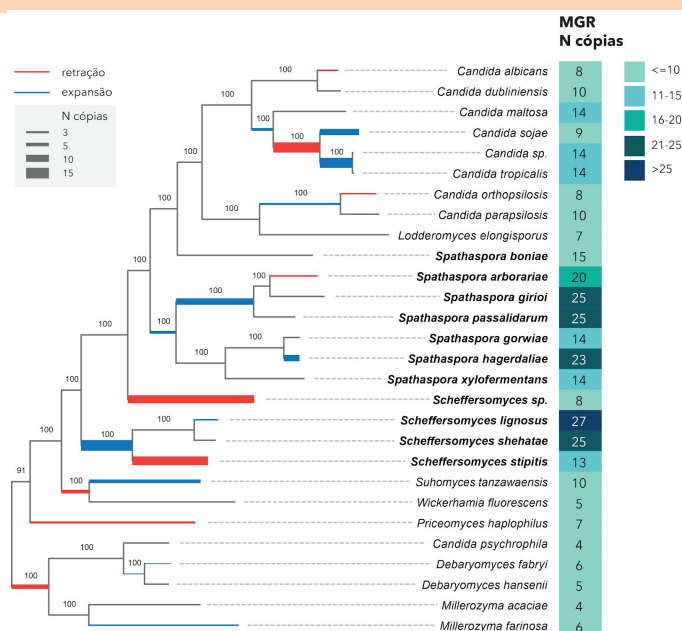
### Introdução

O desenvolvimento de tecnologias para produção de etanol de segunda geração vem suprir a necessidade global de substituir o uso de combustíveis fósseis por energias renováveis (HANSEN et al., 2000). A adição do bagaço e palha da cana na matéria prima para a fermentação traz desafios da fermentação de açúcares tipo pentoses, como a xilose, que não são naturalmente consumidos pelas leveduras industriais (STAMBUK et al., 2008). Para encontrar genes relacionados à fermentação de xilose, um trabalho prévio identificou expansões gênicas e evidências de seleção natural nos genes de metilgloxal redutases (MGR) em leveduras fermentadoras de xilose, indicando a necessidade de uma investigação mais profunda nestes genes (BORELLI et al., 2019). Nós expandimos o nosso dataset original para 180 genomas de leveduras, incluindo novas espécies fermentadoras de xilose, com o objetivo de melhorar a precisão de nossas análises evolutivas.

### Resultados e Discussão

Utilizamos o Orthofinder para inferir homologia entre genes dos diferentes genomas, os agrupando em famílias gênicas e, em seguida, identificamos que os genes MGR se agruparam em uma única família. Foram reconstruídas as filogenias das espécies e dos genes MGR por métodos de máxima verossimilhança. Expansões gênicas significativas foram detectadas por modelos de nascimento e morte de genes, especialmente nas espécies fermentadoras de xilose. Outras evidências de seleção natural foram detectadas com testes de modelos dN/dS (a taxa relativa de substituições não-sinônimas pelas sinônimas), também de forma diferencial para as espécies fermentadoras de xilose. As evidências de evolução por seleção natural detectadas indicam a relação entre as forças evolutivas atuantes sobre estas proteínas na capacidade de utilização de xilose destas espécies.

**Figura 1 - ao lado.** Filogenia do clado que agrupa espécies fermentadoras e taxas de expansão gênicas. As cores e espessuras dos ramos refletem os ganhos e perdas de genes MGR nestas espécies.



### Conclusões

Nossas análises apontam para cópias gênicas de MGR, e modificações de seus aminoácidos, com potencial de melhorar a fermentação de xilose em leveduras industriais.

### Agradecimentos

Meus agradecimentos ao PIBIC por me conceder uma bolsa SAE que viabilizou esta iniciação científica e a todos os membros do Laboratório de Genômica e Bioenergia.

HANSEN, J. et al. Global warming in the twenty-first century: An alternative scenario. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, v. 97, n. 18, p. 9875–9880, 29 ago. 2000.

STAMBUK, B. U. et al. Brazilian potential for biomass ethanol: Challenge of using hexose and pentose cofermenting yeast strains. *Journal of Scientific and Industrial Research*, v. 67, n. 11, p. 918–926, 2008.

BORELLI, G. et al. Positive selection evidence in xylose-related genes suggests methylglyoxal reductase as a target for the improvement of yeasts' fermentation in industry. *Genome biology and evolution*, 2019