



SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA
XXVIII SIC

paz no plural



Evento	Salão UFRGS 2016: SIC - XXVIII SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2016
Local	Campus do Vale - UFRGS
Título	DESENVOLVIMENTO DE UM PROTOCOLO PARA OTIMIZAÇÃO DA TERMORRESISTÊNCIA DE PROTEÍNAS COM APLICAÇÃO BIOTECNOLÓGICA E INDUSTRIAL
Autor	FELIPE CASTRO NEPOMUCENO
Orientador	HUGO VERLI

DESENVOLVIMENTO DE UM PROTOCOLO PARA OTIMIZAÇÃO DA TERMORRESISTÊNCIA DE PROTEÍNAS COM APLICAÇÃO BIOTECNOLÓGICA E INDUSTRIAL

Felipe Castro Nepomuceno, Hugo Verli
Departamento de Biologia Molecular e Biotecnologia
Universidade Federal do Rio Grande do Sul

O uso industrial e biotecnológico de enzimas esbarra na sensibilidade destas moléculas a ambientes distintos daqueles onde são encontradas de forma nativa. Para contornar esta limitação, diversos esforços vêm se somando na busca por organismos extremofílicos, cujos aparatos moleculares apresentariam maiores chances de resistência a ambientes químicos extremos. Contudo, essa busca por enzimas esbarra na sua pré-existência na natureza, e num árduo processo de tentativa e erro. Uma estratégia alternativa é engenharia de proteínas, criando novas proteínas ou aprimorando as já conhecidas para condições de processos industriais. Nesse contexto, o presente projeto visa desenvolver e validar um protocolo de otimização de enzimas para atuarem em temperaturas extremas, usando como modelo inicial uma subtilisina de *Bacillus subtilis*. O protocolo proposto envolve uma série de simulações por dinâmica molecular das enzimas selvagem e mutantes, visando localizar possíveis pontos de (des)estabilização na estrutura proteica quando submetidas a aquecimento. Foram testados tempos de simulação e temperaturas diferentes, buscando as melhores condições para descrever os sistemas. Adicionalmente, mutantes com temperaturas ótimas de ação conhecidas estão sendo usadas como controle do protocolo. Até o momento, foi possível caracterizar adequadamente a estabilidade associada à temperatura, assim como traçar as vias de desnaturação da subtilisina, o que está agora sendo utilizado como base para a proposta de mutações que consigam reduzir esta perda de estrutura secundária. A partir destes resultados, pretendemos obter os mutantes por expressão heteróloga e, ao validar o protocolo, será possível automatizá-lo para funcionamento em larga escala.