



CARACTERIZAÇÃO DE GENES DE LACASE DE *Agaricus blazei*

ANA CAROLINA CORONATO DE OLIVEIRA¹; TAMIRIS DE OLIVEIRA DINIZ²;
LUCIANA PORTO DE SOUZA VANDENBERGHE³; JULIANA SILVEIRA DO
VALLE⁴

¹Aluna de Farmácia, Bolsista PEBIC/CNPq, Universidade Paranaense – UNIPAR; Umuarama – PR. ana-coronato@hotmail.com

²Aluna de Biologia, PIC da Universidade Paranaense – UNIPAR; Umuarama – PR. tamirisc.biológicas@hotmail.com

³Docente da Pós-Graduação em Engenharia de Bioprocessos e Biotecnologia da Universidade Federal do Paraná, Curitiba – PR. lvandenberghe@ufpr.br

⁴Docente da Pós-Graduação em Biotecnologia Aplicada à Agricultura da Universidade Paranaense – UNIPAR, Umuarama – PR. jsvalle@unipar.br

Resumo: Lacases são multicobre polifenol oxidases que reduzem oxigênio à água enquanto oxidam substratos fenólicos. Em fungos é comum a presença de múltiplos genes de lacase. Nesse estudo avaliou-se a capacidade de *primers* desenhados para *Pleurotus sajor-caju* na identificação de genes de lacase de linhagens de *Agaricus blazei* por PCR e padronização das condições de amplificação. Os *amplicons* foram sequenciados e as sequências analisadas. A técnica de PCR mostrou ser eficaz na identificação de genes de lacase de *A. blazei*. As condições ideais de amplificação incluíram a utilização de 0,2 µM de *primer*, 100 µM de dNTPs, 1,5 mM de MgCl₂ e 2,5 U de LongAmpTM *Taq* DNA polimerase. Os ciclos de temperatura incluíram o pareamento dos *primers* a 49°C por 2 minutos e polimerização a 65°C. A análise das sequências revelou a presença de sequências consenso típicas de promotores (TATA Box e CAAT Box), bem como a presença de elementos relacionados à regulação da expressão gênica, como elementos sensíveis a xenobióticos (XRE) e elementos de resposta ao stress (STRE). As sequências protéicas deduzidas mostraram elevada similaridade com outras lacases fúngicas e apresentaram ao menos um domínio conservado pertencente à família das cobre oxidases.

Palavras-chave: Basidiomiceto, *Agaricus brasiliensis*, Ligninase