

UNIVERSIDADE DE SÃO PAULO
FACULDADE DE CIÊNCIAS FARMACÊUTICAS DE RIBEIRÃO PRETO

Estudos proteômicos de *Aspergillus niveus* para avaliar os efeitos de pH, fontes de carbono e nitrogênio em bioprocessos submersos

Tese de Doutorado apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Ciências Farmacêuticas da Faculdade de Ciências Farmacêuticas de Ribeirão Preto/USP para obtenção do Título de Doutora em Ciências

Área de concentração: Produtos Naturais e Sintéticos

Orientada: Juliana Abigail Leite

Orientador: Prof. Dr. Hamilton Cabral

Versão corrigida da Tese de Doutorado apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Ciências Farmacêuticas da Faculdade de Ciências Farmacêuticas de Ribeirão Preto/USP em 18/04/2018. A versão original encontra-se disponível na Faculdade de Ciências Farmacêuticas de Ribeirão Preto/USP.

Ribeirão Preto
2018

RESUMO

LEITE, J. A. **Estudos proteômicos de *Aspergillus niveus* para avaliar os efeitos de pH, fontes de carbono e nitrogênio em bioprocessos submersos**. 2018. 182 f. Tese de Doutorado. Faculdade de Ciências Farmacêuticas de Ribeirão Preto - Universidade de São Paulo, Ribeirão Preto, 2018.

Os fungos filamentosos acionam mecanismos eficientes para sobrevivência nas diferentes condições ambientais e modulam, por exemplo, a produção de proteínas. A abordagem proteômica tem sido utilizada com sucesso para investigar os mecanismos fisiológicos envolvidos nas adaptações metabólicas desses microrganismos, frente às mudanças de parâmetros físicos e químicos do meio extracelular. No presente trabalho foi avaliado o efeito das variações de pH, fontes de carbono e nitrogênio (aminoácidos e fontes complexas) sobre a produção de peptidases e sobre o proteoma intra- e extracelular do fungo *Aspergillus niveus* em bioprocessos submersos. As atividades proteolíticas foram avaliadas durante 96 h de cultivo e as melhores induções, entre os estudos comparativos, foram observadas em pH 6, xilose, cisteína e farinha de pena. O efeito dessas variações sobre o proteoma de *A. niveus* foi avaliado em 96 h de cultivo submerso e, para isso, foram realizados estudos proteômicos nos quais os conteúdos proteicos foram avaliados por eletroforese bidimensional (2-DE); e os spots proteicos selecionados foram identificados por espectrometria de massas (MALDI-TOF/TOF-MS/MS). As proteínas apresentadas no estudo demonstram que as variações de pH, fontes de carbono e nitrogênio influenciaram as proteínas intra- e extracelulares de *A. niveus*. Os perfis de proteínas mostram que os parâmetros avaliados foram capazes de influenciar a síntese ou degradação de polímeros biológicos e a resposta aos efeitos químicos e/ou disponibilidade de nutrientes do meio extracelular modularam proteínas envolvidas em diversas rotas metabólicas. Além disso, a suplementação com fontes de nitrogênio orgânicas promoveram a indução de enzimas com potencial biotecnológico para aplicação industrial, o que reforça a importância dos estudos proteômicos para a determinação do comportamento de fungos filamentosos frente às condições ambientais.

Palavras chave: *Aspergillus niveus*, peptidase, proteômica, efeito de pH, efeito de fontes de carbono, efeito de fontes de nitrogênio, bioprocessos submersos

1. INTRODUÇÃO

1.1 Fungos filamentosos – Prospecção de enzimas

Os microrganismos se tornaram a principal fonte de biomoléculas ao serem cultivados em grandes quantidades e em um curto período de tempo, além disso, estratégias de manipulação genética podem ser utilizadas para o aumento da produção destes agentes (ANBU et al., 2017).

Os produtos obtidos através de microrganismos são amplamente utilizados em escalas comerciais e industriais. Por isso, estudos de isolamento, caracterização de propriedades, de extrapolação para produção em grandes escalas e aplicação bioindustrial destas moléculas têm sido de grande interesse. Microrganismos como bactérias e fungos têm sido globalmente estudados com este intuito (NIGAM, 2013).

Dentre os produtos de interesse, estão as enzimas. Atualmente, a busca de novas enzimas compõe um campo de estudo científico com intenção de aplicá-las nas mais diversas áreas comerciais e industriais (EL-ENSHASY, 2007; KIM; NANDAKUMAR; MARTEN, 2008; SORENSEN et al., 2014, DA SILVA, 2017; FILHO et al., 2018; RIQUELME et al., 2018).

As enzimas são amplamente aplicadas nos mais diversos setores industriais (YONGHUYUN; NANDAKUMAR, 2007; ARCHER; CONNERTON; MACKENZIE, 2008; RIZWAN et al., 2010; KNIEMEYER, 2011; GUO; WANG, 2014; BIANCO; PERROTA, 2015; CUNHA, 2015; SHI et al., 2016), desde a produção de fármacos (JAHROMI et al., 2014; BRANDI; ANDERSEN, 2015), passando pelo enriquecimento de ração animal (VRIES; VISSER, 2001; BRANCOLI et al., 2018) até a obtenção de biocombustíveis (KARNAOURI et al., 2014; FERREIRA et al., 2016).

Dentre as classes de enzimas, as peptidases se destacam. Estas moléculas são caracterizadas por catalisar a clivagem de ligações peptídicas na presença de água, e apresentam como produto de reação peptídeos e/ou aminoácidos. Em fungos, as peptidases atuam em processos fisiológicos como na germinação de esporos, nutrição, patogênese e na regulação pós-traducional (MANDUJANO-GONZÁLEZ et al., 2016).

Em relação ao comércio mundial de enzimas, as peptidases são 25% das biomoléculas produzidas com aplicação industrial e 60% das presentes no mercado (NOVELLI; BARROS; FLEURI, 2016).

Apresentam destaque em indústrias de detergentes e couro (peptidases alcalinas), de cosméticos, farmacêutica e na biorremediação. Além disso, a versatilidade em atuar em diferentes níveis de pH e temperatura permite a aplicação dessas enzimas na obtenção de produtos alimentícios, como em laticínios, que em sua produção apresentam etapas em pH extremo (RAO et al., 1998; MANDUJANO-GONZÁLEZ et al., 2016).

1.2 Fungos filamentosos – *Aspergillus niveus*

Os fungos são representados por um grande grupo de microrganismos eucarióticos (PAPAGIANNI, 2004; WARD, 2012; SORENSEN et al., 2014, RIQUELME et al., 2018), os quais são distribuídos em diferentes ecossistemas, sendo encontrados e isolados, em sua maioria, do solo.

Dentre esses microrganismos, existem os fungos filamentosos, os quais são caracterizados por crescerem de forma ramificada, com a capacidade de se diferenciarem em estruturas morfológicas mais complexas (PAPAGIANNI, 2004; WARD, 2012; SORENSEN et al., 2014, RIQUELME et al., 2018).

Na natureza, desempenham papéis ecológicos fundamentais na reciclagem da matéria orgânica, decomposição de carbono orgânico e recalcitrante, transformação de nitrogênio e fósforo, além da nutrição mineral de plantas (TEDERSOO et al., 2014; TRESEDER; LENNON, 2015; PELLEGRIN et al., 2015; RIQUELME et al., 2018).

Estes microrganismos são capazes de se adaptarem às condições ambientais extremas de água, oxigênio, compostos orgânicos, inorgânicos, temperatura, pH e salinidade (TEDERSOO et al., 2014; TRESEDER; LENNON, 2015; CHAMBERGO; VALENCIA, 2016). Para isto, utilizam mecanismos de adaptação a estas mudanças extremas em seu habitat, detendo um eficiente sistema de produção e secreção de importantes metabólitos, incluindo peptídeos, enzimas, vitaminas, ácidos orgânicos e antibióticos (WARD, 2012; CHAMBERGO; VALENCIA, 2016).

Estes metabólitos participam auxiliando o fungo na obtenção de energia, a partir de degradação de substratos orgânicos (JIN; VAN LEEUWEN; PATEL, 1999), e de decomposição de biomassa lignocelulósica (RABINOVICH et al., 2004), no crescimento (EL-ENSHASY, 2007), e na manutenção celular, em resposta às mudanças do ambiente extracelular (FERREIRA-OLIVEIRA et al., 2010).

Nos últimos tempos, vários estudos foram direcionados para o isolamento de fungos filamentosos a partir destes ambientes inóspitos, com o objetivo de obter diferentes tipos de biomoléculas (ANBU et al., 2017). A possibilidade de prospecção dessas biomoléculas, a partir de fungos filamentosos, desperta interesse de indústrias biotecnológicas (EL-ENSHASY, 2007; KIM; NANDAKUMAR; MARTEN, 2008; SORENSEN et al., 2014, DA SILVA, 2017; FILHO et al., 2018; RIQUELME et al., 2018).

Dentre os fungos filamentosos já utilizados na prospecção de biomoléculas, o gênero *Aspergillus* tem sido bem explorado. Este grupo de microrganismo é constituído por mais de 180 espécies, as quais utilizam em seu metabolismo macroelementos provenientes das fontes de carbono e nitrogênio (DE VRIES, 2003; FLIPPHI et al., 2009; WARD, 2012).

A espécie *Aspergillus niveus* apresenta grande relevância biotecnológica, sendo descrita como produtora de diferentes classes de enzimas, tais como celulasas (TAJ-ALDEEN, ALKENANY, 1993), inulinase (SOUZA-MOTTA et al., 2005), β -frutofuranosidase (GUIMARÃES et al., 2009), xilanase (BETINI et al., 2009), amilases (SILVA et al., 2009; SILVA et al., 2013) e pectinase (MALLER et al., 2013). Entretanto, já foi relatado como patogênico em paciente imunocomprometido (AUBERGER et al., 2008).

Esta espécie foi descrita, primeiramente, em 1929 por Blochwitz, é caracterizada por ser termotolerante, com crescimento sob a forma de filamentos, já tendo sido isolada de solo e plantas, de acordo com outros autores (TAJ-ALDEEN; ALKENANY, 1996, SOUZA-MOTTA et al., 2005, MALLER et al., 2011).

Assim, devido a estas características e à gama de macromoléculas produzidas pelo fungo *A. niveus*, o mesmo tornou-se objeto do presente estudo.

1.3 Bioprocesso – Cultivo submerso

Dentre as alternativas de cultivo em escala laboratorial com intuito de bioprospecção de moléculas com potencial biotecnológico, existem os bioprocessos em meio sólido e submerso, sendo que este último é mais vantajoso por permitir a extrapolação para escala industrial, maior controle de processo, facilitar a recuperação dos metabólitos de interesse, separação de micélios e extratos proteicos (ANTECKA; BIZUKOKC; LEDAKOWICZ, 2016; VOLKE-SEPULVEDA et al., 2016). Além disso, a possibilidade de manipulação dos parâmetros de cultivo que influenciam os mecanismos fisiológicos e a biologia de fungos em geral (HEATH, 1995; BIESEBEKE et al., 2002; PAPAGIANNI, 2004; SOUZA et al., 2015).

Neste bioprocesso, os fungos são inoculados e cultivados em meio líquido, onde é possível monitorar os fatores intrínsecos e extrínsecos com facilidade. Em relação aos substratos utilizados na formulação dos meios, apesar de estarem dispersos em água, é possível selecionar a melhor composição nutricional e controlar a sua disponibilidade (GERVAIS; MARECHAL-MOLIN, 1996; SINHA, 2007).

A manipulação dos parâmetros de cultivo expõe os fungos a alterações físicas, químicas e a meios oligotróficos que podem acionar mecanismos para adaptação e sobrevivência nessas condições, e conseqüentemente, à produção de metabólitos (PAPAGIANNI, 2004; UNIVERSITY OF SYDNEY, 2004; WARD et al., 2005).

A aplicação bem-sucedida de enzimas para os setores industriais, bem como de metabólitos primários e secundários, oriundos de fungos, envolve o conhecimento e a padronização das condições de cultivo desses microrganismos. Esse processo é uma etapa essencial para delinear as características do desenvolvimento morfológico, fisiológico, biológico e metabolismo desses fungos, os quais serão diretamente influenciados pelos bioprocessos (PAPAGIANNI, 2004; FLORENCIO et al., 2016 b; CUNHA, 2015; CHAMBERGO; VALENCIA, 2016; BENOCCI et al., 2017).

Para conhecer a complexidade do sistema biológico de fungos e manipular o cultivo dessas espécies, primeiramente, é preciso aperfeiçoar cada

etapa do processo produtivo e fermentativo. Sendo assim, deverão ser definidos: pH, fontes de carbono e nitrogênio, concentração do inóculo, aeração, temperatura, frequência de agitação e tempo de incubação. Além de controlar a oferta de nutrientes, assegurando que os mesmos sejam ajustados para cada espécie (PEBERDY, 1994; DURAND, 2003; PANDEY, 2003; UNIVERSITY OF SYDNEY, 2004; WARD et al., 2005; ADAV et al., 2011; ERJAVEC et al., 2012; BIANCO; PERROTA, 2015).

Ao delinear os parâmetros de cultivo, os fatores químicos do meio contribuirão para estabelecer as condições fermentativas adequadas para o crescimento fúngico, produção, transporte e secreção proteica, além de conhecer as condições capazes de ativar os mecanismos de resposta ao estresse oxidativo (KIM; NANDAKUMAR; MARTEN, 2007; SZOPINSKA; MORSOMME, 2010; KROLL; PÄHTZ; KNIEMEYER, 2014; CUNHA, 2015).

A complexidade na morfologia e fisiologia observada no ciclo de vida de fungos filamentosos, especialmente, do gênero *Aspergillus*, está diretamente associada aos efeitos dos substratos e das condições de cultivo (KOSSEN, 2000; PAPAGIANNI, 2004; EL-ENSHASY, 2007; KIM; NANDAKUMAR; MARTEN, 2008). De acordo com Wards (2012), ao utilizar substratos formulados com resíduos de origem agroindustrial, a expectativa é elevar a produtividade de enzimas secretadas por fungos filamentosos, sobretudo quando esses microrganismos são expostos ao bioprocessamento submerso, que é um dos processos fermentativos mais utilizados em cultivos fúngicos (GERVAIS; MARECHAL-MOLIN, 1996; SINHA, 2007; ANTECKA; BIZUKOJC; LEDAKOWICZ, 2016; ASHOK; KUMAR, 2017).

1.3.1. Condições de cultivo que influenciam a produção de metabólitos em bioprocessamento submerso

Dentre os parâmetros que influenciam os fungos filamentosos a produzirem novos metabólitos, o presente estudo abordará efeito de pH, fontes de carbono e nitrogênio em bioprocessamentos submersos.

1.3.2. Efeitos de pH

O pH do meio de cultura é um parâmetro importante para o cultivo de fungos, pois pode influenciar nas características morfológicas do microrganismo (JIN et al., 1999) e no perfil de proteínas e enzimas hidrolíticas secretadas (PEÑALVA; ARTS, 2002; XIONG et al., 2004; SCHMIDT et al., 2008; ADAV et al., 2011).

As alterações de pH do meio impactam na utilização de nutrientes para a sobrevivência de microrganismos e podem provocar danos em sua parede celular (LACHKE et al., 2002; SCHMIDT et al., 2008), sendo assim, padronizar o pH é uma etapa importante em cultivos submersos. As variações desse parâmetro podem gerar um ambiente estressante para o crescimento, fisiologia, viabilidade dos esporos, secreção de metabólitos e, até mesmo, provocar alterações irreversíveis no sítio catalítico de enzimas secretadas, o que causa perda de função (RAIMBAULT, 1998; WUBBEN et al., 2000; ARST; PEÑALVA, 2003, NOZAWA et al., 2003; JUNGBLUT et al., 2008; OLIVEIRA et al., 2011).

Para muitos fungos, a resposta ao pH ambiental desempenha um papel importante na transcrição de genes responsáveis por codificarem enzimas, permeases e proteínas intracelulares. Nesse sentido, diferentes trabalhos têm demonstrado que fungos são capazes de controlar a expressão gênica devido a um eficiente mecanismo homeostático que é mediado por uma via de sinalização integrada de sete genes já bem descritos em *Aspergillus nidulans*: *pacC* (responsável por codificar o fator de transcrição) e *palA*, *palB*, *palF*, *palH* e *pall* (participam na transdução de sinais mediados por pH neutro/alcalino) (CADDICK; BROWNLEE; ARST, 1986; PEÑALVA et al., 2008; SCHMIDT et al., 2008; HAKKINEN et al., 2015).

Em fungos, o fator de transcrição PacC pode ser modulado em resposta ao pH ácido ou alcalino e pela disponibilidade das fontes de carbono e fosfato presentes no meio extracelular. Esse sistema de regulação do pH extracelular contribui para expressão de genes que codificam enzimas envolvidas no crescimento, virulência e biossíntese de metabólitos secundários (PEÑALVA; ARTS, 2002; ARTS; PEÑALVA, 2003; CARACUEL et al., 2003; BIGNELL et al., 2005; PEÑALVA et al., 2008, TREVISAN et al., 2011).

Em leveduras, como *Candida glabrata* e *Saccharomyces cerevisiae*, as variações de pH atuaram na fisiologia, ao regularem processos celulares

essenciais para a proliferação e sobrevivência dessas leveduras (ORIJ; BRUL; SMITS, 2011; ORIJ et al., 2012; ULLAH et al., 2013).

Em *Candida albicans* o pH do meio influenciou na fase de diferenciação morfológica, sendo o crescimento na forma de levedura favorecido em condições ácidas, à medida que o crescimento filamentoso foi induzido em pH alcalino (GOW; BROWN; ODDS, 2002). Cabe destacar que, alterações bruscas no pH do meio de cultivo de *C. albicans*, poderá ativar a via de transdução de sinal e fatores de patogenicidade (DAVIS, 2003).

No estudo do proteoma de *Penicillium expansum* observou-se que os pH 2 e 8 inibiram a germinação dos esporos, diminuindo a infecção de plantas. Além disso, esses pH afetaram o pH intracelular, a síntese e dobramento de proteínas (LI et al., 2010).

O fungo *Trichoderma reesei*, submetido ao crescimento em pH ácido, favoreceu a secreção da enzima endoglucanase (QIN et al., 2008). Já Xiong e colaboradores (2004) ao cultivarem *T. reesei* Rut C-30 na presença da fonte de carbono lactose em pH 4 e 6, correlacionaram a ação desses parâmetros com a secreção de diferentes tipos de xilanases. Enquanto que no estudo do *T. reesei* cultivado em pH 3, esse parâmetro foi favorável para a secreção da enzima celulase (ADAV et al., 2011).

Para entender as adaptações de vias metabólicas de microrganismos, os quais foram submetidos a alterações de pH, as ferramentas de proteômica auxiliarão no delineamento do global de proteínas envolvidas nesses processos (ADAV et al., 2011; BIANCO; PERROTA, 2015).

1.3.3. Efeitos de fontes de carbono

Na natureza, os fungos se adaptam com facilidade aos ambientes com disponibilidade de diferentes fontes de carbono: orgânico/inorgânico, proteínas, biomassa vegetal, lignina e polissacarídeos. Esses substratos conferem a estes microrganismos a energia suficiente para produzir e secretar enzimas com potencial para degradar os compostos presentes no ambiente, atuarem no ciclo do carbono e auxiliar em sua sobrevivência (RUIJTER; VISSER, 1997;

GANCEDO, 1998; MICHAL; SCHOMBUG, 2012; BORIN et al., 2015; BENOCCI et al., 2017).

Ao expor microrganismos à diferentes fontes de carbono, o mecanismo de repressão catabólica deste átomo será ativado, para impedir o desperdício de energia na produção de enzimas e auxiliar na adaptação ao ambiente extracelular. Além disso, este sistema pode induzir ou reprimir a expressão de genes que codificam enzimas envolvidas em rotas metabólicas, e pode, também, interferir na resposta ao estresse, respiração, sobrevivência, comunicação celular, produção de metabólitos secundários, na patogenicidade e virulência de alguns fungos (RUIJTER; VISSER, 1997; GANCEDO, 1998; CARLSON, 1999; KANIAK et al., 2004; KAYIKCI; NIELSEN, 2015; BENOCCI et al., 2017; ADNAN et al., 2018; FASOYIN et al., 2018).

No crescimento das leveduras *S. cerevisiae* e *Brettanomyces bruxellensis*, as fontes de carbono ativaram genes responsáveis por induzirem a secreção de enzimas envolvidas no metabolismo do carbono (AHUATZI et al., 2004; CONTERNO et al., 2006). No cultivo de *S. Cerevisiae*, a glicose foi utilizada de forma eficiente e exclusiva, mesmo que na presença de outros substratos. Este efeito dominante da glicose no metabolismo do carbono é regulado por sinalizações e interações metabólicas (GANCEDO, 1998, KAYIKCI; NIELSEN, 2015).

No crescimento de *Aspergillus brasiliensis*, em meios com elevadas concentrações de glicose, ocorreu um aumento na atividade catabólica e baixa produção de enzimas relacionadas ao estresse oxidativo e à proteólise (VOLKE-SEPULVEDA et al., 2016).

Ao analisar o proteoma extracelular de *Botrytis cinerea*, previamente cultivado em meio com pH 4 suplementado com pectina e sacarose, observou-se que as proteínas extracelulares foram expressas em ambas as fontes de carbono e que a maioria dessas proteínas estavam envolvidas no metabolismo de carboidratos (SHAH et al., 2009).

Cepas selvagens de *B. cinerea* submetidas ao cultivo submerso em meio ácido suplementado com sacarose apresentaram proteínas intracelulares envolvidas no metabolismo de carboidratos e obtenção de energia, enquanto as

enzimas mais abundantes no proteoma intracelular foram envolvidas com a degradação da parede celular (GONZÁLEZ-FERNÁNDEZ et al., 2014).

O fungo filamentoso *Aspergillus niger* foi crescido em meios formulados com sorbitol, maltose e xilose, substratos os quais influenciaram no proteoma fúngico. Os perfis proteicos identificados foram envolvidos com: transporte, secreção de proteínas, função mitocondrial, defesa frente ao estresse oxidativo e biossíntese de lipídios (OLIVEIRA et al., 2011).

As fontes de carbono, glicose, avicel e palha de arroz influenciaram na secreção de enzimas por *Aspergillus fumigatus* Z5, mas a partir do resíduo agroindustrial palha de arroz foi possível identificar enzimas com potencial para degradar celulose, hemicelulose e lignina (LIU et al., 2013).

1.3.4. Efeitos de fontes de nitrogênio

Em microrganismos, o nitrogênio é essencial para a reciclagem dos nutrientes, regulação de genes responsáveis por mudanças morfológicas, crescimento, proliferação e sobrevivência (HAN et al., 2012; TDZYNSKI, 2014; OH et al., 2017). Segundo Betocci e colaboradores (2017), a utilização de biomassa vegetal por fungos também é afetada por fontes de nitrogênio, pH e espécies reativas de oxigênio (EROs).

As fontes orgânicas de nitrogênio são uma das responsáveis por ativarem o metabolismo desse elemento que está correlacionado com a obtenção de energia, para o funcionamento da maquinaria celular (FREESE et al, 2011). Os fungos filamentosos e leveduras ao utilizarem potenciais substratos ricos em nitrogênio, como os aminoácidos, poderão utilizá-los como fontes de nitrogênio, carbono e energia (ARCHER; WOOD, 1995; FREESE et al., 2011).

Os fungos utilizam, preferencialmente, os compostos nitrogenados: amônia, glutamato e glutamina. Em meios de cultivo, com baixa concentração de fontes de nitrogênio, poderá ocorrer maior expressão de genes responsáveis por sintetizarem as fontes primárias de nitrogênio. Além disso, para que o crescimento desses microrganismos não seja limitado ocorre a indução da síntese de permeases, as quais utilizarão aminoácidos e proteínas presentes no meio de cultivo. A prolina, ureia e nitrato, não são fontes preferenciais de

nitrogênio, pois proporcionam um crescimento lento desses microrganismos, mas podem ser utilizadas em condições limitantes de outras fontes (MARZLUF, 1997; MAGASANIK; KAISER, 2002; BARROS-PITA et al., 2013; TUDZYNSKI, 2014; SILVA, 2017).

Em fungos, a repressão do metabolismo do nitrogênio permite a utilização preferencial das fontes de nitrogênio facilmente assimiladas, em relação às fontes alternativas de nitrogênio: nitrato, aminoácidos e proteínas. Este mecanismo participa do crescimento, manutenção celular, e evita o desperdício de energia (STARICH et al., 1998; MAGASANIK; KAISER, 2002; BROACH, 2012; SILVA, 2017; BENOCCI et al., 2017). A regulação eficiente deste sistema, certamente, é fundamental para os fungos explorarem diferentes habitats e cultivos (DONOFRIO et al., 2006). Além de responderem com eficiência às mudanças quantitativas e qualitativas na disponibilidade de nitrogênio (TUDZYNSKI, 2014).

Para os fungos *Neurospora crassa*, *A. nidulans* e *Magnaporthe grisea* foi relatado que nos cultivos em meios deficientes de fontes de nitrogênio, ocorreram a ativação ou indução de fatores de transcrição de genes estruturais, os quais codificam enzimas responsáveis pelo catabolismo do nitrogênio (MARZLUF, 1997; DONOFRIO et al., 2006).

A levedura *Dekkera bruxellensis* foi estudada em conjunto com *S. cerevisiae* para simular um bioprocesso contendo o substrato cana-de açúcar, com um meio rico em fontes de carbono, mas pobre em fontes de nitrogênio. Nesse cultivo, *D. bruxellensis* apresentou maior crescimento, pois conseguiu consumir os compostos nitrogenados amônia e nitrato. Por outro lado, o crescimento de *S. cerevisiae* foi aquém do esperado, mas a glicose foi utilizada em maior proporção para ser convertida em etanol (BARROS-PITA et al., 2011).

Em outro estudo, *D. bruxellensis* foi cultivada em bioprocesso submerso em meio suplementado com diferentes fontes de nitrogênio (sulfato de amônio, glutamato, glutamina e prolina) em conjunto com a glicose. Os resultados obtidos demonstraram que a taxa de crescimento foi elevada porque foram assimiladas em conjunto as fontes de nitrogênio e de carbono disponibilizada.

A regulação metabólica do nitrogênio tem papel significativo na patogenicidade de fungos (MARZLUF, 1997), sendo as condições limitantes responsáveis por aumentar a expressão de genes relacionados com a virulência

(TDZYNSKI, 2014; OH et al., 2017). Neste sentido, os estudos proteômicos têm contribuído para compreender os efeitos de fontes de nitrogênio em fitopatógenos como *M. griseae* (DONOFRIO et al., 2006; OH et al., 2017), além de investigarem os mecanismos moleculares e biológicos de resposta às condições de cultivo (TANG et al., 2016).

Por isso, ao escalonar um bioprocesso para o setor industrial, é importante dominar os aspectos do metabolismo do nitrogênio e do carbono, pois os substratos disponibilizados podem interferir nas condições de crescimento e manutenção celular (BARROS-PITA et al., 2013).

1.4. Estudos proteômicos

O estudo de proteínas, com uma abordagem proteômica, é uma estratégia importante para ampliar o conhecimento sobre a biologia de fungos filamentosos e leveduras (MEDINA et al., 2005; MURAD et al., 2014; GARZON et al., 2017).

A diversidade das proteínas intra- e extracelulares de fungos expostos a diferentes condições de crescimento e/ou a estímulos internos e externos têm sido investigadas, com sucesso, através da proteômica. Com esta ferramenta, é possível demonstrar, através das análises de misturas complexas de proteínas, informações sobre quais macromoléculas estão sendo produzidas em um organismo em particular e, assim, determinar o papel dessas moléculas no funcionamento celular e na sobrevivência desses microrganismos em diferentes habitats (GRIFFIN et al., 2001; KOLKMAN; SLIPER; HECK, 2005; BHADAURIA et al., 2007; GSTAIGER; AEBERSOLD, 2009; OLIVEIRA et al., 2011; LY; WASINGER, 2011; ASLAM et al., 2017).

O proteoma é representado pelo conjunto de proteínas expressas pelo genoma de organismos, células e/ou tecidos em um estado biológico e/ou condição determinada. As subpopulações do proteoma englobam o conjunto de proteínas intracelulares (proteoma intracelular) e de proteínas extracelulares que foram secretadas ou que podem estar presentes no meio extracelular devido à lise celular (proteoma extracelular) (WILKING; GOOLEY, 1997; ABBOTT, 1999; GREENBAUM et al., 2001; CHEN; HARMON, 2006; KIM; NANDAKUMAR;

MARTEN, 2007; JUNGBLUT et al., 2008; ANDERSEN; NIELSEN, 2009; JAMESDANIEL et al., 2009; ARMENGAUD et al., 2012; ASLAM et al., 2017).

Através desta ferramenta, é possível reconhecer os substratos capazes de influenciar a produção e secreção de proteínas e enzimas envolvidas no metabolismo, resposta ao estresse, processos moleculares, manutenção e sobrevivência de fungos (BOUWS; WATTERBERG; ZORN, 2008; XIAOJUN et al., 2008; GÓMEZ-MENDOZA et al., 2014; RAHMAD et al., 2014; TANG et al., 2016; LI et al., 2017).

Para os microrganismos, ainda pouco estudados, a proteômica contribui para o conhecimento sobre as proteínas envolvidas nos sistemas fisiológico e biológico. Com isso, aumentou-se a compreensão da sistemática dos eventos envolvidos na manutenção celular, molecular, metabolismo e patogênese (MANN; HENDRICKSON; PANDEY, 2001; PATTERSON; AEBERSOLD, 2003; CHEN; HARMON, 2006; BHADARIA et al., 2007; CRAVATT et al., 2007, FENG et al., 2008; GODOY et al., 2008; KIM; NANDAKUMAR; MARTEN, 2008; KNIEMEYER, 2011; NAVARRETE et al., 2012; CHU et al., 2015).

A proteômica conquistou um importante espaço na quantificação absoluta do global de proteínas e na quantificação relativa de uma proteína com a determinação de sua abundância. Assim, é possível compreender as particularidades do efeito das diversas condições de cultivo que foram avaliadas para um determinado organismo no seu perfil global de proteínas (ISHIHAMA et al., 2005; GÓMEZ MENDOZA, 2013; LINDEMANN et al., 2017).

A diversidade de técnicas utilizadas para explorar o proteoma de microrganismos sob condições de crescimento e estresse variados é elevada (KIM; NANDAKUMAR; MARTEN, 2008; ZHU et al., 2017), sendo a eletroforese bidimensional (2-DE) uma metodologia analítica já estabelecida no estudo de proteínas (KOLKMAN; SLIPER; HECK, 2005; JUNGBLUT et al., 2008; KNIEMEYER, 2011; CAMBRI et al., 2016).

O primeiro passo, para a análise do proteoma, é a obtenção das proteínas, as quais podem ser extraídas por lise da parede celular, a partir do micélio, por separação do extrato proteico e precipitação proteica (KNIEMEYER et al., 2006; ANDERSEN; NIELSEN, 2009; GONZÁLEZ-FERNÁNDEZ; JORRIN-NOVO, 2013).

Apesar da rigidez da parede celular de fungos ser reconhecida, o processamento prévio da massa micelial é essencial para obtenção das proteínas intracelulares (KIM; NANDAKUMAR; MARTEN, 2008). Para *Aspergillus oryzae* e *B. cinerea*, a lise mecânica é um método altamente eficaz para o processamento dos proteomas intracelulares (NANDAKUMAR; MARTEN, 2002; GONZÁLEZ-FERNÁNDEZ et al., 2014).

O primeiro trabalho envolvendo a análise comparativa de mapas bidimensionais de cultivos de *A. niger* foi em meios suplementados com antibiótico e não suplementados (MELIN; SCHNURER; WAGNER, 2002).

Avaliações quantitativas baseadas em géis bidimensionais também foram utilizadas por Salusjarvi et al. (2003) para comparar a ação da xilose e glicose no perfil de proteínas envolvidas no metabolismo da levedura *S. cerevisiae*.

Os estudos proteômicos de *B. cinerea* realizados por Fernández-Acero e colaboradores (2007), através da análise comparativa de linhagens com menor e maior patogenicidade, contribuíram para elucidar o perfil de proteínas envolvidas nos mecanismos de patogenicidade, alvos terapêuticos e metabolismo desse fungo.

Além do estudo do metabolismo, a identificação de enzimas extracelulares é um campo importante na pesquisa de fungos filamentosos, pois muitos desses fungos evoluíram para secretar quantidades elevadas de enzimas que podem ser aplicadas em vários processos biotecnológicos e industriais (OLIVEIRA; GRAAFF, 2011).

2. OBJETIVOS

2.1. Objetivo geral

Avaliar a atividade proteolítica nas variações do pH, fontes de carbono, fontes de nitrogênio e o efeito desses parâmetros no proteoma intra- e extracelular de *Aspergillus niveus* crescido em bioprocessos submersos, através de ferramentas proteômicas, a fim de identificar as proteínas intra- e extracelulares que foram moduladas nessas condições.

realizar a busca por proteomas no catálogo online de informações sobre proteínas do *Universal Protein Resource* (Uniprot - <http://www.uniprot.org/proteomes>) foram identificados 38 proteomas descritos para diferentes espécies desse gênero.

Nas Tabelas 2 até 9 é possível observar que grande parte das indetificações dos proteomas intra- e extracelular de *A. niveus* foram correspondentes com as proteínas de *A. terreus*. Enquanto isso, não foram identificadas proteínas nos bancos de dados pesquisados que estivessem correlacionadas ao *A. niveus*. Esses dados podem ser reforçados pelo apresentado por Varga et al. (2005) e Samson et al. (2011) que ao realizarem a análise filogenética dos fungos *A. niveus* e *A. terreus* demonstraram uma relação de semelhança evolutiva entre essas duas espécies. Além disso, Flippi e colaboradores (2009) relataram que o metabolismo básico entre espécies de um mesmo gênero apresenta poucas variações em seus perfis proteicos.

Outro desafio para a proteômica envolve a análise de *spots* proteicos pouco abundantes por espectrometria de massas, o que pode refletir também no sucesso das análises por bioinformática (KIM; NANDAKUMAR; MARTEN, 2008; MURAD et al., 2014; ZHAO et al., 2014). Segundo Shah e colaboradores (2009), quando as proteínas secretadas por fungos possuem apenas uma sequência de peptídeos ou, então, apresentam alguma modificação na tradução, a cobertura da sequência de aminoácidos da proteína pode ser incerta na análise por espectrometria de massas.

Nas identificações das proteínas representadas no proteoma de *A. niveus* observa-se que algumas proteínas foram identificadas com localização predita. De acordo com Nombela; Gil; Chaffin (2006), essas proteínas poderão executar mais de uma função celular, dependendo da sua localização.

7. CONCLUSÃO

Neste trabalho, pioneiro nos estudos dos efeitos de diferentes condições de pH, fontes de carbono e nitrogênio sobre o proteoma intra e extracelular de *A. niveus* cultivado em bioprocessos submersos. De acordo com os perfis de proteínas intra e extracelulares observou-se que estas foram as responsáveis por influenciarem na síntese ou degradação de polímeros biológicos como carboidratos, lipídios, proteínas e / ou ácidos nucleicos.

O conhecimento sobre o proteoma intra- e extracelular de *A. niveus* destacou a importância do enriquecimento acerca da resposta aos efeitos químicos do meio extracelular e a alteração da disponibilidade de nutrientes que, a princípio, foram condições responsáveis pela produção de proteínas envolvidas em diversas rotas metabólicas. Além disso, a suplementação com fontes de nitrogênio orgânicas influenciaram no proteoma de *A. niveus* e promoveram a indução de enzimas com potencial para aplicação biotecnológica e industrial. Com destaque para a condição de farinha de pena, propícia para a obtenção de peptidase. Os resultados apresentados nesse trabalho podem auxiliar na elucidação de rotas metabólicas utilizadas por *A. niveus*.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABIDI, F.; LIMAM, F.; NEJIB, M. M. Production of alkaline proteases by *Botrytis cinerea* using economic raw materials: assay as biodetergent. **Process Biochemistry**, v. 43, p. 1202-1208, 2008.

ABRASHEV, R.; DOLASHA, P.; CHRISTOVA, R.; STEFANOVA, L.; ANGELOVA, M. Role of antioxidant enzymes in survival of conidiospores of *Aspergillus niger* 26 under conditions of temperature stress. **Journal Applied Microbiological**, v. 99, p. 902-909, 2005.

ADNAN, M.; ZHENG, W.; ISLAM, W.; ARIF, M.; ABUBAKAR, Y. S. Carbon Catabolite Repression in Filamentous Fungi. **International Journal of Molecular Sciences**, v. 19, p. 2-23, 2018.

ADAV, S. S.; CHAO, L. T.; SZE, S.K. Quantitative secretomic analysis of *Trichoderma reesei* strains reveals enzymatic composition for lignocellulosic biomass degradation. **Molecular Cell Proteomics**, v. 11, p. M111.012419, 2012.

ADAV, S. S.; RAVINDRAN, A.; CHAO, L. T.; TAN, L.; SINGH, S.; SZE, S. K. Proteomic Analysis of pH and Strains Dependent Protein Secretion of *Trichoderma reesei*. **Journal of proteome research**, v. 10, p. 4579-4596, 2011.

ADRIO, J. L.; DEMAIN, A. L. Microbial Enzymes: Tools for Biotechnological Processes. **Biomolecules**, v. 4, p. 117-139, 2014.

AGUIRRE, J.; RIOS-MOMBERG, M.; HEWITT, D.; HANSBERG, W.; Reactive oxygen species and development in microbial eukaryotes. **Trends in Microbiology**, v. 13, p. 111-118, 2005.

AHMED, A.; NASIM, F. U. H.; BATOOL, K.; BIBI, A. Microbial β -glucosidase: sources, production and applications. **Journal of Applied & Environmental Microbiology**, v. 5, n. 1, p. 31-46, 2017.

AHN, H. M.; LEE, K. S.; LEE, D. S.; YU, K. JNK/FOXO mediated Peroxiredoxin V expression regulates redox homeostasis during *Drosophila melanogaster* gut infection. **Developmental & Comparative Immunology**, v. 38, p. 466-473, 2012.

AHUATZI D.; HERRERO P.; DE LA C.T.; MORENO F. The glucose regulated nuclear localization of hexokinase 2 in *Saccharomyces cerevisiae* is Mig1-dependent. **Journal Biological Chemistry**, v.279, p.14440-14446, 2004.

AKAO, T.; YAMAGUCHI, M.; YAHARA, A.; YOSHIUCHI, K.; FUJITA, H.; YAMADA, O.; AKITA, O.; OHMACHI, T.; ASADA, Y.; YOSHIDA, T. Cloning and expression of 1,2-alpha-mannosidase gene (fman1B) from filamentous fungus *Aspergillus oryzae*: in

vivo visualization of the FmanIBp-GFP fusion protein. **Bioscience Biotechnology and Biochemistry**, v. 70, p. 471-479, 2006.

ALBRECHT, D.; GUTHKE, R.; BRAKHAGE, A. A.; KNIEMEYER, O. Integrative analysis of the heat shock response in *Aspergillus fumigatus*. **BMC Genomics**, v. 11, n. 31, p. 1-17, 2010.

ALEKSEEV, K. V.; DUBINA, M. V.; KOMOV, V. P. Molecular Genetic and biochemical characteristics of citrate synthase from the citric-acid producing fungus *Aspergillus niger*. **Applied Biochemistry and Microbiology**, v. 52, p. 810-817, 2016.

ALLISON, S. D.; VITOUSEK, P. M. Responses of extracellular enzymes to simple and complex nutrient inputs. **Soil Biology and Biochemistry**, v. 37, n. 5, p. 937– 944, 2005.

AL-TAMMAR, K. A.; OMAR, O.; MURAD, A. M.; ABU BAKAR, F. D. Expression and characterization of a cutinase (AnCUT2) from *Aspergillus niger*. **Open Life Sciences**, v. 11, p. 29-38, 2016.

ANTECKA, A.; BIZUKOJC, M.; LEDAKOWICZ, S. Modern morphological engineering techniques for improving productivity of filamentous fungi in submerged cultures. **World Journal Microbiology Biotechnology**, v. 32, p. 193, 2016.

ANBU, P.; GOPINATH, S. C. B.; CHAULAGAIN, B. P.; LAKSHMIPRIYA, T. Microbial Enzymes and their applications in industries and medicine 2016. **BioMed Research International**, v. 2017, p. 1-3, 2016.

AMSELEM, J.; CUOMO, C.A; VAN KAN, J.A.L; VIAUD, M.; BENITO5, E.P.; et al. Genomic Analysis of the Necrotrophic Fungal Pathogens *Sclerotinia sclerotiorum* and *Botrytis cinerea*. **PLoS Genetics**, v.7, p.1-27, 2011.

ANDERSEN, M. R.; NIELSEN, J. Current status of systems biology in Aspergilli. **Fungal Genetics and Biology**, v. 46, p. 180-190, 2009.

ARCHER, D. B.; CONNERTON, I. F.; MACKENZIE, D. A. Filamentous fungi for production of food additives and processing aids. **Advanced Biochemistry Engineering Biotechnology**, v. 111, p. 99–147, 2008.

ARCHER, D.B.; WOOD, D.A. Fungal exoenzymes. In: GOW, N.A.R.; GAAD, G.M. (Ed.) **The growing fungus**. London: Chapman & Hall, 1995. cap. 7, p. 138-162.

ARIÑO, J.; CASAMAYOR, A.; GONZÁLEZ, A. Type 2C protein phosphatases in fungi. **Eucaryotic Cell**, v. 10, p. 21-33, 2011.

ARMENGAUD, J.; CHRISTIE-OLEZA, J. A.; CLAIR, G.; MALARD, V.; DUPORT, C. Exoproteomics: exploring the world around biological systems. **Expert Review of**

Proteomics, v. 9, p. 561-575, 2012.

ARST, JR. H. N.; PEÑALVA, M. A.; pH regulation in *Aspergillus* and parallels with higher eukaryotic regulatory systems. **Trends in Genetics**, v. 19, p. 224-231, 2003.

ASHOK, A.; KUMAR, D. S. Different methodologies for sustainability of optimization techniques used in submerged and solid state fermentation. **3 Biotech**, v. 7, p. 301, 2017.

ASLAM, B.; BASIT, M.; NISAR, M. A.; KHURSHID, M.; RASOOL, M. H. Proteomics: Technologies and their applications. **Journal of Chromatographic Science**. V. 55, p. 182-196, 2017.

AUBERGER, J.; LASS-FLORL, C.; CLAUSEN, J.; BELLMANN, R.; BUZINA, W.; GASTL, G.; NACHBAUR, D. First case of breakthrough pulmonary *Aspergillus niveus* infection in a patient after allogeneic hematopoietic stem cell transplantation. **Diagnostic Microbiology and Infectious Disease**, v. 62, p. 336–339, 2008.

BARBOSA, M. S.; BÁO, S. N.; ANDREOTTI, P. F.; FARIA, F. P.; FELIPE, M. S. S.; FEITOSA, L. S.; GIANNINI-MENDES, M. J. S.; SOARES, C. M. A. Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase of *Paracoccidioides brasiliensis* is a cell surface protein involved in fungal adhesion to extracellular matrix protein and interaction with cells. **Infection and Immunity**, v. 74, p. 382-389, 2006.

BARBOSA, M. S.; PASSOS, D. A. C.; FELIPE, M. S. S.; JESUÍNO, R. S. A.; PEREIRA, M.; SOARES, C. M. A. The glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase homologue is differentially regulated in phases of *Paracoccidioides brasiliensis*: molecular and phylogenetic analysis. **Fungal Genetics and Biology**, v. 41, p. 667-675, 2004.

BARRIUSO, J.; PRIETO, A.; MARTÍNEZ, M. J. Fungal genomes mining to discover novel sterol esterases and lipases as catalysts. **BCM Genomics**, v. 14, p. 712, 2013.

BARROS-PITA, W.; LEITE, F. C. B.; LIBERAL, A. T. S.; SIMÕES, D. A.; DE MORAIS JR, M. A. The ability to use nitrate confers advantage to *Dekkera bruxellensis* over *S. cerevisiae* and can explain its adaptation to industrial fermentation processes. **Antonie van Leeuwenhoek**, v. 100, p. 99-107, 2011.

BARROS-PITA, W.; SILVA, D. C.; SIMÕES, D. A.; PASSOTH, V.; DE MORAIS JR, M. A. Physiology and gene expression profiles of *Dekkera bruxellensis* in response to carbon and nitrogen availability. **Antonie van Leeuwenhoek**, v. 104, p. 855-868, 2013.

BASAVARAJU, S.; KATHERA, C.; JASTI, P. K. Purification, characterization and application of novel alkaline protease from new *Bacillus cereus* UV-15 mutant. **Journal of Microbiology and Biotechnology Research**, v. 7, p. 1-12, 2017.

BELDMAN, G.; SEARLE-VAN LEEUWEN, M. J. F.; DE RUITER, G. A.; SILIHA, H. A.; VORAGEN, A. G. J. Degradation of arabinans by arabinanases from *Aspergillus aculeatus* and *Aspergillus niger*. **Carbohydrate Polymers**, v. 20, p. 159-168, 1993.

BENSEN, E. S.; MARTIN, S. J.; LI, M.; BERMAN, J.; DAVIS, D. A. Transcriptional profiling in *Candida albicans* reveals new adaptive responses to extracellular pH and functions for Rim101p. **Molecular Microbiology**, v. 54, p. 1335-1351, 2004.

BENOCCI, T.; AGUILAR-PONTES, M. V.; ZHOU, M.; BERNHARD, S.; VRIES, R. P. Regulators of plant biomass degradation in ascomycetous fungi. **Biotechnology for Biofuels**, v. 10, p. 1-25, 2017.

BETINI, J. H.; MICHELIN, M.; PEIXOTO-NOGUEIRA, S. C.; JORGE, J. A.; TERENCEZI, H. F.; POLIZELI, M. L. Xylanases from *Aspergillus niger*, *Aspergillus niveus* and *Aspergillus ochraceus* produced under solid-state fermentation and their application in cellulose pulp bleaching. **Bioprocess Biosystems Engineering**, v. 32, p. 819-824, 2009.

BHADAURIA, V.; ZHAO, W. S.; WANG, L. X.; ZHANG, Y.; LIU, J. H.; KONG, L.A.; PENG, Y. L. Advances in fungal proteomics. **Microbiological Research**, v. 162, p. 193-200, 2007.

BI, F.; BARAD, S.; MENT, D.; LURIA, N.; DUBEY, A.; CASADO, V.; GLAM, N.; MÍNGUEZ, J. D.; ESPESO, E. A.; FLUHR, R.; PRUSKY, D.; Carbon regulation of environmental pH by secreted small molecular that modulate pathogenicity in phytopathogenic fungi. **Molecular Plant Pathology**, v. 17, p. 1178-1195, 2016.

BIANCO, L.; PERROTA, G. Methodologies and Perspectives of Proteomics Applied to Filamentous Fungi: from Sample Preparation to Secretome Analysis. **International Journal of Molecular Sciences**, v. 16, p. 5803-5829, 2015.

BIELY, P. Microbial xylanolytic system. **Trends in Biotechnology**, v. 3, p. 286-290, 1985.

BIELY, P.; CZISZÁROVÁ, M.; AGGER, J. W.; LI, X. L.; PUCHART, V.; VRSANSKÁ, M.; EIJSINK, V. G.; WESTERENG, B. *Trichoderma reesei* CE16 acetyl esterase and its role in enzymatic degradation of acetylated hemicellulose. **Biochimica Biophysica Acta**, v. 1840, 516-525, 2014.

BIGNELL, E.; NEGRETE-URTASUN, S.; CALCAGNO, A. M.; HAYNES, K.; ARTS, H.; ROGERS, T. The *Aspergillus* pH-responsive transcription factor PacC regulates virulence. **Molecular Microbiology**, v. 55, p. 1072-1084, 2005.

BLINKOVSKY, A. M.; BYUN, T.; BROWN, K. M.; GOLIGHTLY, E. J. Purification, Characterization, and Heterologous Expression in *Fusarium venenatum* of a Novel

Serine Carboxypeptidase from *Aspergillus oryzae*. **Applied and Environmental Microbiology**, v. 65, p. 3298-3303, 1999.

BORIN, G. P.; SANCHEZ, C. C.; DE SOUZA, A. P.; DE SANTANA, E. S.; PAES LEME, A. F.; SQUINA, F. M.; BUCKERIDGE, M.; GOLDMAN, G. H.; OLIVEIRA, J. V. Comparative Secretome Analysis of *Trichoderma reesei* and *Aspergillus niger* during Growth on Sugarcane Biomass. **PLoS One**, v. 8, p. 1-20, 2015.

BORNSCHEUER, U. T. Microbial carboxyl esterases: classification, properties and application in biocatalysis. **FEMS Microbiology Reviews**, v. 26, p. 73-81, 2002.

BOUWS, H.; WATTENBERG, A.; ZORN, H. Fungal secretomes – nature`s toolbox for white biotechnology. **Applied Microbiology Biotechnology**, v. 80, p. 381-388, 2008.

BRADFORD, M. M. A rapid and sensitive method for the quantitation of microgram quantities of protein-dye binding. **Analytical Biochemistry**, v. 72, p. 248-254, 1976.

BRANCOLI, P.; FERREIRA, J. A.; BOLTON, K.; TAHERZADEH, M. J. Changes in carbon footprint when integrating production of filamentous fungi in 1st generation ethanol plants. **Bioresource Technology**, v. 249, p. 1069-1073, 2018.

BRANDI, J.; ANDERSEN, M. R. Current state of genome-scale modeling in filamentous fungi. **Biotechnology Letters**, v. 37, p. 1131-1139, 2015.

BRAUC, S.; DE VOOHT, E.; CLAEYS, M.; HOFTE, M.; ANGENON, G. Influence of over-expression of cytosolic aspartate aminotransferase on amino acid metabolism and defence responses against *Botrytis cinerea* infection in *Arabidopsis thaliana*. **Journal of Plant Physiology**, v. 168, p. 1813-1819, 2011.

BROACH, J. R. Nutritional control of growth and development in yeast. **Genetics**, v. 192, n. 1, p. 73–105, 2012.

BUCKER, F. **Biodeterioração de misturas de diesel e biodiesel e seu controle com biocidas**. Porto Alegre: UFRGS, 2009, 147p. (Dissertação de Mestrado) – Programa de Pós-Graduação em Microbiologia Agrícola e do ambiente, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, 2009.

BUGEJA, H. E.; HYNES, M. J.; ANDRIANOPOULOS, A. AreA controls nitrogen source utilisation during both growth programs of the dimorphic fungus *Penicillium marneffeii*. **Fungal Biology**, c. 116, p. 145-154, 2012.

BURNIE, J. P.; CARTER, T. L.; HODGETTS, S. J.; MATTHEWS, R. C. Fungal heat-shock proteins in human disease. **FEMS Microbiology Reviews**, v. 30, p. 53-88, 2006.

BUSSINK, H. J.; BIGNELL, E. M.; MÚNERA-HUERTAS, T.; LUCENA-AGELL, D.; SCAZZOCCHIO, C.; RUDNICKA, J.; NEGRETE-URTASUN, S.; PEÑAS-PARILLA, M.

M.; RAINBOW, L.; PEÑALVA, M. A.; JR, H. N. A.; TILBURN, J. Refining the pH response in *Aspergillus nidulans*: a modulatory triad involving PacX, a novel zinc binuclear cluster protein. **Molecular Microbiology**, v. 98, p. 1051-1072, 2015.

BUZINA, W.; RAGGAM, R. B.; PAULITSCH, A.; HEILING, B. Characterization and temperature-dependent quantification of heat shock protein 60 of the immunogenic fungus *Alternaria alternata*. **Medical Mycology**, v. 46, p. 627-630, 2008.

CADDICK, M. X.; BROWNLEE, A. G.; ARST, H. N. Regulation of gene expression by pH of the growth medium in *Aspergillus nidulans*. **Molecular Genetics and Genomics**, v. 203, p. 346-353, 1986.

CAMBRI, G.; DE SOUSA, M. M.; FONSECA, D. M.; MARCHINI, F.; SILVEIRA, J. L.; PABA, J. Analysis of the Biotechnological potential of a *Lentinus crinitus* isolate in the light of its secretome. **Journal Proteome Research**, v. 15, p. 4557-4568, 2016.

CARACUEL, Z.; RONCERO, M.I.G; ESPESO, E.A.; GONZÁLEZ-VERDEJO, C.I.; GARCÍA-MACEIRA, F.I.; DI PIETRO, A. The pH signalling transcription factor PacC controls virulence in the plant pathogen *Fusarium oxysporum*. **Molecular Microbiology**, v. 48, p.765–779, 2003.

CARLSON, M. Glucose repression in yeast. **Current Opinion in Microbiology**, v. 2, p. 202-207, 1999.

CASTELLANI A. Viability of some pathogenic fungi in distilled water. **Journal of Tropical Medicine and Hygiene**, v. 42, p. 225-226, 1939.

CHAKRABARTY, A. M. Nucleoside diphosphate kinase: role in bacterial growth, virulence, cell signalling and polysaccharide synthesis. **Molecular Microbiology**, v. 28, p. 875-882, 1998.

CHAMBERGO, F.S.; VALENCIA, E.Y. Fungal biodiversity to biotechnology. **Applied Microbiological Biotechnology**., v. 100, p. 2567-2577, 2016.

CHANG, C.; WERB, Z. The many faces of metalloproteases: cell growth, invasion, angiogenesis and metastasis. **Trends in cell biology**, v. 11, n. 11, p. S37–43, nov. 2001.

CHATTERJEE, S. Production and estimation of alkaline protease by immobilized *Bacillus licheniformis* isolated from poultry farm soil of 24 Parganas and its reusability. **Journal of Advanced Pharmaceutical Technology & Research**, v. 6, p. 2-6, 2015.

CHAUHAN, A. S.; KUMAR, A.; SIDDIQI, N. J.; SHARMA, B. Extracellular α -Galactosidase from *Trichoderma* sp. (WF-3): Optimization of Enzyme Production and Biochemical Characterization. **Biotechnology Research International**, v. 2015, p. 1-6, 2015.

CHEN, S.; HARMON, A. C. Advances in plant proteomics. **Proteomics**, v. 6, p. 5504-5516, 2006.

CHEN, S.; SU, L.; CHEN, J.; WU, J. Cutinase: characteristics, preparation and application. **Biotechnology Advances**, v. 31, p. 1754-1767, 2013.

CHEN, Z.; LIU, Y.; YAN, Q.; YANG, S.; JIANG, Z. Biochemical characterization of a novel endo-1,5- α -L-arabinanase from *Rhizomucor miehei*. **Journal of Agricultural and Food Chemistry**, v. 63, p. 1226-1233, 2015.

CHOW, L. P.; LIU, S. L. L.; LIAO, H. K.; TSAI, J. J.; TANG, T. K. Identification and expression of an allergen Asp f 13 from *Aspergillus fumigatus* and epitope mapping using human IgE antibodies and rabbit polyclonal antibodies. **Biochemical Journal**, v. 346, -. 423-431, 2000.

CHRISTOPHER, L. P.; YAO, B.; YUN, J. Lignin biodegradation with laccase-mediator systems. **Frontiers in Energy Research**, v. 2. p. 1-13, 2014.

CHRUNGU, D.; SHARMA, S. C.; MAHMOOD, A. Biochemical study of trehalase activity in *Aspergillus niger* conidia. **World Scientific News**, v. 86, p. 349-356, 2017.

CHU, J.; WEI-FANG, LI.; CHENG, W.; LU, M.; ZHOU, K. H.; ZHU, H. Q.; LI, F. G.; ZHOU, C. Z. Comparative analyses of secreted proteins from the phytopathogenic fungus *Verticillium dahliae* in response to nitrogen starvation. **Biochimica et Biophysica Acta – Proteins and Proteomics**, v. 1854, p. 437-448, 2015.

CLEVES, A. Protein transport: the nonclassical ins and outs. **Current Biology**, p. 318-320, 1997.

COLOGNA, N. M. D.; GÓMEZ-MENDOZA, D. P.; ZANOELO, F. F.; GIANNESI, G. C.; GUIMARÃES, N. C. A.; MOREIRA, L. R. S.; FILHO, E. X. F.; RICART, C. A. O. Exploring *Trichoderma* and *Aspergillus* secretomes: proteomics approaches for the identification of enzymes of biotechnological interest. **Enzyme Microbial Technology**, v. 109, p. 1-10, 2018.

CONG, B.; WANG, N.; LIU, S.; LIU, F.; YIN, X.; SHEN, J. Isolation, characterization and transcriptome analysis of a novel Antarctic *Aspergillus sydowii* strain MS-19 as a potential lignocellulosic enzyme source. **BMC Microbiology**, v. 12, P. 1-14, 2017.

CONTERNO, L.; JOSEPH, C.; ARVIK, T. J.; HENICK-KLING, T.; BISSON, L. F. Genetic and physiological characterization of *Brettanomyces bruxellensis* strains isolated from wines. **American journal of enology and viticulture**, v. 57, n. 2, p. 139, 2006.

COSTA, L. M. A. S. **Caracterização de isolados de *Aspergillus niger* quanto à produção de ácido cítrico e à expressão de genes da citrato sintase**. 2011. 92. f.

Tese (Doutorado) Pós-graduação em Ciência dos Alimentos, Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2011.

CROWE, J. D.; SIVWRIGHT, I. K.; AULD, G. C.; MOORE, N. R.; GROW, N. A.; BOOTHE, N. A. *Candida albicans* binds human plasminogen: identification of eight plasminogen-binding proteins. *Molecular Microbiology*, v. 6, p. 1637-1651, 2003.

CUNHA, F. M. **Estratégias de melhoria do bioprocesso de produção de enzimas celulolíticas por *Aspergillus niger* a partir de bagaço de cana-de-açúcar para a produção de etanol de segunda geração.** 2015. 120 F. TESE (Doutorado em Engenharia Química) - Área de concentração em Pesquisa e Desenvolvimento de Processos Químicos, Universidade Federal de São Carlos, São Carlos, 2015.

DAOU, M.; FAULDS, C.B. Glyoxal oxidases: their nature and properties. **World Journal Microbiological Biotechnological**, v. 33, p. 87, 2017.

DAR, H. H.; PRASAD, D.; VARSHNEY, G. C.; CHAKRABORTI, P. K. Secretory nucleoside diphosphate kinase from both intra- and extracellular pathogenic bacteria are functionally indistinguishable. **Microbiology**, v. 157, p. 3024-3035, 2011.

DASGUPTA, D.; GHOSH, D.; BANDHU, S.; AGRAWAL, D.; SUMAN, S. K.; ADHIKARI, D. K. Purification, characterization and molecular docking study of NADPH dependent xylose reductase from thermotolerant *Kluyveromyces* sp. IPE453. **Process Biochemistry**, v. 51, p. 124-133, 2016.

DA SILVA, R. R. Bacterial and Fungal Proteolytic Enzymes: production, catalysis and potential applications. **Applied Biochemistry and Biotechnology**, v. 183, p. 1-19, 2017.

DAVIS, D. Adaptation to environmental pH in *Candida albicans* and its relation to pathogenesis. **Current Genetics**, v. 44, p. 1-7, 2003.

DEITEREN, K.; SURPATEANU, G.; GILANY, K.; WILLEMSE, J.; HENDRIKS, D. F.; AUGUSTYNS, K.; LAROCHE, Y.; SCHARPE, S.; LAMBEIR, A. M. The role of the S1 binding site of carboxypeptidase M in substrate specificity and turn-over. **Biochimica et Biophysica Acta-Proteins and Proteomics**, v. 1774, p. 267-277, 2007.

DELGADO, M. L.; O'CONNOR, J. E.; AZORIN, I.; RENAUP-PIQUERAS, J.; GIL, M. L.; GOZALBO, D. The glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase polypeptides encoded by the *Saccharomyces cerevisiae* TDH1, TDH2 and TDH3 genes are also cell wall proteins. **Microbiology**, v. 147, p. 411-417, 2001.

DEMARTINO, G. N.; SLAUGHTER, C. A. The proteasome, a novel protease regulated by multiple mechanisms. **Journal of Biological Chemistry**, v. 274, n. 32, p. 22123-22126, 1999.

DE VRIES, R. P. Regulation of *Aspergillus* genes encoding plant cell wall polysaccharide degrading enzymes; relevance for industrial production. **Applied Microbiology Biotechnology**, v. 61, p. 10-20, 2003.

DE VREIS, R. P.; VAN DEN BROECK, H. C.; DEKKERS, E.; MANZERES, P.; GRAAFF, L. H.; VISSER, J. Differential expression of three alpha-galactosidase genes and a single beta-galactosidase gene from *Aspergillus niger*. **Applied Environmental Microbiology**, v. 65, p. 2453-2460, 1999.

DHAR, A.; SAMIOTAKIS, A.; EBBINGHAUS, S.; NIENHAUS, L.; HOMOUZ, D.; GRUEBELE, M.; CHEUNG, M. S. Structure, function, and folding of phosphoglycerate kinase are strongly perturbed by macromolecular crowding. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA**, v.107, n. 41, p. 17586-17591, 2010.

DOEHLEMANN, G.; MOLITOR, F.; HAHN, M. Molecular and functional characterization of a fructose specific transporter from the gray mold fungus *Botrytis cinerea*. **Fungal Genetics and Biology**, v. 42, p. 601-610, 2005.

DONOFRIO, N. M.; OH, Y.; LUNDY, R.; PAN, H.; BROWN, D. E.; JEONG, J. S.; COUGHALAN, S.; MITCHELL, T. K.; DEAN, R. A. Global gene expression during nitrogen starvation in the rice blast fungus, *Magnaporthe grisea*. **Fungal genetics and Biology**, v. 43, p. 605-617, 2006.

DUO-CHUAN, LI. Review of fungal chitinases. **Mycopathologia**, v. 161, p. 345-360, 2006.

DURAND, A. Bioreactor designs for solid state fermentation. **Biochemical Engineering Journal**, v.13, p.113-125, 2003.

EKANAYAKE, D. K.; ANDI, B.; BOBYK, K. D.; WEST, A. H.; COOK, P. F. Glutamates 78 and 122 in the Active Site of Saccharopine Dehydrogenase Contribute to Reactant Binding and Modulate the Basicity of the Acid-Base Catalysts. **Journal of Biological Chemistry**, v. 285, p. 20756-20768, 2010.

ELLIAIAH, P.; SRINIVASULU, B.; ADINARAYANA, K. A review on microbial alkaline proteases. **Journal of Scientific & Industrial Research**, v. 61, p. 690-704, 2002.

EL-ENSHASY, H. A. **Filamentous fungal cultures – process characteristics, products and applications**. Bioprocessing for value-added products from renewable resources new technologies and applications, Chapter 9. Amsterdam: Elsevier, 2007, p. 225-261.

ELEUTHERIO, E.; PANEK, A.; DE MESQUITA, J. F.; TREVISOL, E.; MAGALHÃES, R. Revisiting yeast trehalose metabolism. **Current Genetics**, v. 61, p. 263-274, 2015.

EMRI, T.; POCSI, A.; SZENTIRMAI, A. Glutathione metabolism and protection against oxidative stress caused by peroxides in *Penicillium chrysogenum*. **Free Radical Biology & Medicine**, v. 23, p. 809-814, 1997.

EMRI, T.; SZILÁGYI, M.; LÁSZLO, K.; M-HAMVAS, M.; PÓCSI, I. PepJ is a new extracellular proteinase of *Aspergillus nidulans*. **Folia Microbiological**, v. 54, p. 105-109, 2009.

ENGEL, P. C.; MASSEY, V. Green butyryl-coenzyme A dehydrogenase. An enzyme acyl coenzyme A complex. **Biochemical Journal**, v. 125, p. 889-902, 1971.

ERJAVEC, J.; KOS, J.; RAVNIKAR, M.; DREO, T.; SABOTIC, J. Protein of higher fungi-from Forest to application. **Trends in Biotechnology**, v. 30, p. 259-273, 2012.

EVANS, C. S.; DUTTON, M. V.; GUILLÉN, F.; VENESS, R. G. Enzymes and small molecular mass agents involved with lignocellulose degradation. **FEMS Microbiology Reviews**, v. 13, p. 235-239, 1994.

FASOYIN, O. E.; WANG, B.; QIU, M.; HAN, X.; CHUNG, K. R.; WANG, S. Carbon catabolite repression gene *creA* regulates morphology, aflatoxin biosynthesis and virulence in *Aspergillus flavus*. **Fungal Genetics and Biology**, v. 115, p. 41-51, 2018.

FATEH, R.; ZAINI, F.; KORDBACHEH, P.; FALAHATI, M.; REZAIIE, S.; GHAZVINI, R. D.; BORHANI, N.; SAFARA, M.; FATTAHI, A.; KANANI, A.; FARAHYAR, S.; BOLHASSANI, M.; HEIDARI, M. Identification and Sequencing of *Candida krusei* Aconitate Hydratase Gene Using Rapid Amplification of cDNA Ends Method and Phylogenetic Analysis. **Jundishapur Journal of Microbiology**, v. 8, n. 11, e25218, 1-11, 2015.

FENG, X.; LIU, X.; LUO, Q.; LIU, B. F. Mass spectrometry in systems biology: an overview. **Mass Spectrometry Reviews**, v. 27, p. 635-660, 2008.

FERNÁNDEZ-ACERO, F. J.; JORGE, I.; CALVO, E.; VALLEJO, I.; CARBÚ, M.; CAMAFEITA, E.; GARRIDO, C.; LÓPEZ, J. A.; CANTORAL, J. M.; JORRIN, J. Two-dimensional electrophoresis protein profiles of the phytopathogenic fungus *Botrytis cinerea*. **Proteomics**, v. 6, p. S88-S96, 2006.

FERNÁNDEZ-ACERO, F. J.; JORGE, I.; CALVO, E.; VALLEJO, I.; CARBÚ, M.; CAMAFEITA, E.; GARRIDO, C.; LÓPEZ, J. A.; JORRIN, J.; CANTORAL, J. M. Proteomic analysis of phytopathogenic fungus *Botrytis cinerea* as a potential tool for identifying pathogenicity factors, therapeutic targets and for basic research. **Archives of Microbiology**, v. 187, p. 207-215, 2007.

FERNÁNDEZ-CAÑÓN, J. M.; GRANADINO, B.; BELTRÁN-VALERO DE BERNABÉ, D.; RENEDO, M.; FERNÁNDEZ-RUIZ, E.; PEÑALVA, M. A.; RODRÍGUEZ DE CÓRDOBA, S. The molecular basis of alkaptonuria. **Nature genetics**, v. 14, p. 19-24, 1996.

FERREIRA, J. A.; MAHBOUBI, A.; LENNARTSSON, P. R.; TAHERZADEH, M. J. Waste biorefineries using filamentous ascomycetes fungi: present status and future prospects. **Bioresource Technology**, v. 215, p. 334-345, 2016.

FERREIRA, A. S.; TÓTOLA, M. R.; KASUYA, M. C. M.; ARAÚJO, E. F.; BORGES, A. C. Small heat shock proteins in the development of thermotolerance in *Pisolithus* sp. **Journal of Thermal Biology**, v. 30, p. 595-602, 2005.

FILHO, P. F. S.; NAIR, R. B.; ANDERSSON, D.; LENNARTSSON, P. R.; TAHERZADEH, M. J. Vegan-mycoprotein concentrate from pea-processing industry byproduct using edicle filamentous fungi. **Fungal Biology and Biotechnology**, v. 5, p. 1-10, 2018.

FLECK, C. B.; BROCK, M. *Aspergillus fumigatus* Catalytic Glucokinase and Hexokinase: Expression Analysis and Importance for Germination, Growth and Conidiation. **Eukaryot Cell**, v. 9, p. 1120-1135, 2010.

FLORENCIO, C.; CUNHA, F. M.; BADINO, A. C.; FARINAS, C. S.; XIMENES, E.; LADISCH, M. R. Secretome analysis of *Trichoderma reesei* and *Aspergillus niger* cultivated by submerged and sequential fermentation processes: enzyme production for sugarcane bagasse hydrolysis. **Enzyme and Microbial Technology**, v. 80, p. 53-60, 2016 a.

FLORENCIO, C.; CUNHA, F. M.; BADINO, A. C.; FARINAS, C. S.; XIMENES, E.; LADISCH, M. R. Secretome data from *Trichoderma reesei* and *Aspergillus niger* cultivated in submerged and sequential fermentation methods. **Data in Brief**, v. 8, p. 588-598, 2016.

FREESE, S.; VOGTS, T.; SPEER, F.; SCHÄFER, B.; PASSOTH, V.; KLINNER, U. C- and N-catabolic utilization of tricarboxylic acid cycle-related amino acids by *Scheffersomyces stipitis* and other yeasts. **Yeast**, v.28, p.375–390, 2011.

FRIDOVICH, I. Superoxide radical and superoxide dismutase. **Annual Review Biochemistry**, v. 64, p. 97-112, 1995.

FUNK, J.; SCHAARSCHMIDT, B.; SLESIONA, S.; HALLSTROM, T.; HORN, U.; BROCK, M. The glycolytic enzyme enolase represents a plasminogen-binding protein on the surface of a wide variety of medically important fungal species. **International Journal of Medical Microbiology**, v. 306, p. 59-68, 2016.

FUSHIMI, N.; EE, C. E.; NAKAJIMA, T.; ICHISHIMA, E. Aspzincin, a Family of Metalloendopeptidases with a New Zinc-binding Motif identification of new zinc-binding sites (His¹²⁸, His¹³², and Asp¹⁶⁴) and three catalytically crucial residues RESIDUES (Glu¹²⁹, Asp¹⁴³, and Tyr¹⁰⁶) of deuterolysin from *Aspergillus oryzae* by site-directed mutagenesis. **Journal of Biological Chemistry**, v. 274, p. 24195-24201, 1999.

GALIOTOU-PANAYOTOU, M.; KAPANTAI, M.; KALANTZI, O. Growth conditions of *Aspergillus* sp. ATHUM-3482 for polygalacturonase production. **Applied Microbiology Biotechnology**, v. 47, p. 425-439, 1997.

GANCEDO, J. M. Yeast carbon catabolite repression. **Microbiology and Molecular Biology Reviews**, v. 62, p. 334-361, 1998.

GARRE, E.; PEREZ-TORRADO, R.; GIMENO-ALCANIZ, J. V.; MATA LLANA, E. Acid trehalase is involved in intracellular trehalose mobilization during postdiauxic growth and severe saline stress in *Saccharomyces cerevisiae*. **FEMS Yeast Research**, v. 9, p. 52–62, 2009.

GARZON, N. G. R.; LAURE, H. J.; SOUZA-MOTTA, C. M.; ROSA, J. C.; CABRAL, H. Medium pH in submerged cultivation modulates differences in the intracellular protein profile of *Fusarium oxysporum*. **Preparative Biochemistry and Biotechnology**, v. 47, p. 664-672, 2017.

GERVAIS, P. A.; MARECHAL-MOLIN, P. Water relation to solid state fermentation. **Journal of Scientific and Industrial Research**, v. 55, p. 343-357, 1996.

GESSLER, N. N.; AVER'YANOV, A. A.; BELOZERSKAYA, T. A. Reactive oxygen species in regulation of fungal development. **Biochemistry**, v. 72, p. 1091-1109, 2007.

GÓMEZ-MENDOZA, Diana Paola. **Proteômica aplicada à caracterização do secretoma de *Trichoderma harzianum***. 2013. 117 f. Tese (Doutorado em Biologia Molecular), Universidade de Brasília, Brasília, 2013.

GÓMEZ-MENDOZA, D. P.; JUNQUEIRA, M.; VALE, L. H. F.; DOMONT, G. B.; FILLHO, E. X. F.; SOUSA, M. V. RICART, C. A. O. Secretomic survey of *Trichoderma harzianum* grown on plant biomass substrates, **Journal of Proteome Research**, v. 13, p. 1810-1822, 2014.

GONZÁLEZ-FERNÁNDEZ, R.; ALORIA, K.; VALERO-GALVÁN, J.; REDONDO, I.; ARIZMEDNDI, J. M.; JORRÍN-NOVO, J. V. Proteomic analysis of mycelium and secretome of different *Botrytis cinerea* wild-type strains. **Journal of Proteomics**, v. 31, p. 195-221, 2014.

GONZÁLEZ-FERNÁNDEZ, R.; JORRÍN-NOVO, J. V. **Proteomic protocols for the study of filamentous fungi**. V.K. Gupta, M.G. Tuohy, M. Ayyachamy, K.M. Turner, A. O'Donovan (Eds.), Laboratory protocols in fungal biology: current methods in fungal biology, Springer, New York, Heidelberg, Dordrecht, London, p. 299–308, 2013.

GOODAY, G. W. Aggressive and defensive roles for chitinase. **EXS**, v. 87, p. 157-169, 1998.

GOODSWEN, S. J.; KENNEDY, P. J.; ELLIS, J. T. A novel strategy for classifying the output from an in silico vaccine discovery pipeline for eukaryotic pathogens using machine learning algorithms. **BMC Bioinformatics**, v. 14, p. 315, 2013.

GOW, N. A. R.; BROWN, A. J. P.; ODDS, F. C. Fungal morphogenesis and host invasion. **Current Opinion Microbiological**, v. 5, p. 366-371, 2002.

GRIVENNIKOVA, V. G.; VINOGRADOV, A. D. Mitochondrial Production of Reactive Oxygen Species. **Biochemistry**, v. 78, p. 1490-1511, 2013.

GUIMARÃES, L. H.; SOMERA, A. F.; TERENCE, H. F.; POLIZELI, M. L. T. M.; JORGE, J. A. Production of B-fructofuranosidases by *Aspergillus niveus* using agroindustrial residues as carbon sources: characterization of an intracellular enzyme accumulated in the presence of glucose. **Process Biochemistry**, v. 4, p. 237-241, 2009.

GUO, C. J.; WANG, C. C. C. Recent advances in genome mining of secondary metabolites in *Aspergillus terreus*. **Frontiers in Microbiology**, v. 5, p. 717, 2014.

GUPTA, R.; BEG, Q.; LORENZ, P. Bacterial alkaline proteases: molecular approaches and industrial applications. **Applied Microbiology and Biotechnology**, v. 59, p. 15-32, 2002.

HAMID, M.; REHMAN, K. Potential applications of peroxidases. **Food Chemistry**, v. 115, p. 1177-1186, 2009.

HAN, M. J.; KIM, N. J.; LEE, S. Y.; CHANG, H. N. Extracellular proteome of *Aspergillus terreus* grown on different carbon sources. **Current Genetics**, v. 56, p. 369-382, 2010.

HAN, S.; AUGER, C.; APPANNA, V. P.; LEMIRE, J.; CASTONGUAY, Z.; AKBAROV, E.; APPANNA, V. D. A blue native polyacrylamide gel electrophoretic technology to probe the functional proteomics mediating nitrogen homeostasis in *Pseudomonas fluorescens*. **Journal of Microbiology Methods**, v. 90, p. 206-210, 2012.

HANSCHMANN, E. M.; GODOY, J. R.; BERNDT, C.; HUDEMANN, C.; LILLIG, C. H. Thioredoxins, Glutaredoxins, and Peroxiredoxins—Molecular Mechanisms and Health Significance: from Cofactors to Antioxidants to Redox Signaling. **Antioxidants & Redox Signaling**, v. 19, p. 1539-1605, 2013.

HANSEN, G. H.; LUBECK, M.; FRISVAD, J. C.; LUBECK, P. S.; ANDERSEN, B. Production of cellulolytic enzymes from ascomycetes: comparison of solid state and submerged fermentation, v. 50, p. 1327-1341, 2015.

HASUNUMA, K.; YABE, N.; YOSHIDA, Y.; OGURA, Y.; HAMADA, T. Putative functions of nucleoside diphosphate kinase in plants and fungi. **Journal of Bioenergetics and Biomembranes**, v. 35, p. 57-65, 2003.

HE, X. J.; LI, X. L.; LI, Y. Z. Disruption of *Cerevisia* via *Agrobacterium tumefaciens*-mediated transformation affects microsclerotia formation and virulence of *Verticillium dahliae*. **Plant Pathology**, v. 64, p. 1157-1167, 2015.

HE, W.; WANG, Y.; LIU, W.; ZHOU, C. Z. Crystal structure of *Saccharomyces cerevisiae* 6-phosphogluconate dehydrogenase Gnd1. **BMC Structural Biology**, v. 7, p. 1-9, 2007.

HEATH, I, B. Integration and regulation of hyphal tip growth. **Canadian Journal of Botany**, v. 73, p. 131-139, 1995.

HECHT, K.; O'DONNELL, A. F.; BRODSKY, J. L. The proteolytic landscape of the yeast vacuole. **Cellular Logistics**, v. 4, p. 1-11, 2014.

HSU, K. H.; WANG, S. Y.; CHU, F. H.; SHAW, J. F. Characterization and heterologous expression of a novel lysophospholipase gene from *Antrodia cinnamomea*. **Journal of Applied Microbiology**, v. 108, p. 1712-1722, 2010.

HOELSCH, K.; SUHRER, I.; HEUSEL, M.; WEUSTER-BOTZ, D. Engineering of formate dehydrogenase: synergistic effect of mutations affecting cofactor specificity and chemical stability. **Applied Microbiology and Biotechnology**, v. 97, p. 2473-2481, 2013.

HONG, M. R.; PARK, C. S.; OH, D. K. Characterization of a thermostable endo-1,5- α -L-arabinanase from *Caldicellulosiruptor saccharolyticus*. **Biotechnology Letters**, v. 31, p. 1439-1443, 2009.

HOUTERMAN, P. M.; SPEIJER, D.; DEKKER, H. L.; DE KOSTER, C. G.; CORNELISSEN, B. J. C.; The mixed xylem Sap proteome of *Fusarium oxysporum* infected tomato plants. **Molecular Plant and Pathology**, v. 8, p. 215-221, 2007.

HUANG, Y. M.; HUBER, G. A.; WANG, N.; MINTEER, S. D.; MCCAMMON, J. A. Brownian dynamic study of an enzyme metabolon in the TCA cycle: substrate kinetics and channeling. **Protein Science**, p. 1-35, 2017.

HYNES, M.J.; MURRAY, S.L. ATP-Citrate Lyase Is Required for Production of Cytosolic Acetyl Coenzyme A and Development in *Aspergillus nidulans*. **Eukaryot Cell**, v. 9, p. 1039-1048, 2010.

IBRAHIM-GRANET, O.; D'ENFERT, C. The *Aspergillus fumigatus* mepB gene encodes an 82 kDa intracellular metalloproteinase structurally related to mammalian thimet oligopeptidases. **Microbiology**, v. 143, p. 2247-2253, 1997.

ICHISHIMA, E. Unique catalytic and molecular properties of hydrolases from *Aspergillus* used in Japanese bioindustries. **Bioscience, Biotechnology and Biochemistry**, v. 64, p. 675-688, 2000.

ISHIHAMA, Y.; ODA, Y.; TABATA, T.; SATO, T.; NAGASU, T.; RAPPSILBER, J.; MANN, M. Exponentially Modified protein abundance index (emPAI) for estimation of absolute protein amount in proteomics by the number of sequenced peptides per protein. **Molecular & cellular Proteomics**, v. 4, p. 1265-1272, 2005.

IWATA, H.; KOBAYASHI, Y.; MIZUSHIMA, D.; WATANABE, T.; OGIHARA, J.; KASUMI, T. Complementary functions of two transketolase isoforms from *Moniliella megachiliensis* in relation to stress response. **AMB Express**, v. 7, p. 1-10, 2017.

JAHROMI, M. F.; LIANG, J. B.; HO, Y. W.; MOHANMAD, R.; GOH, Y. M. Lovastatin production by *Aspergillus terreus* using agro-biomass as substrate in solid state fermentation. **Journal of Biomedicine and Biotechnology**, v. 2012, p. 1-11, 2012.

JALVING, R.; BRON, P.; KESTER, H. C. M.; VISSER, J.; SCHAAP, P. J. Cloning of a prolidase gene from *Aspergillus nidulans* and characterization of its product. **Molecular Genetics Genomics**, v. 267, p. 218-222, 2002.

JEFFERY, C. J.; BARRY, T.; DOONAN, S.; PETSKO, G.; RINGE, D. Crystal structure of *Saccharomyces cerevisiae* cytosolic aspartate aminotransferase. **Protein Science**, v. 7, p. 1380-1387, 1998.

JIN, B.; VAN LEEUWEN, J. H.; PATEL, B. Mycelial morphology and fungal protein production from starch processing wastewater in submerged cultures of *Aspergillus oryzae*. **Process Biochemistry**, v. 34, p. 335-340, 1999.

JISHA, V. N.; SMITHA, R. B.; PRADEEP, S.; SREEDEVI, S.; UNNI, K. N.; SAJITH, S.; PRIJI, P.; JOSH, M. S.; BENJAMIN, S. Versatility of microbial proteases. **Advances in Enzyme Research**, v. 1, n. 3, p. 39-51, 2013.

JUHNKE, H.; KREMS, B.; KOTTER, P.; ENTIAN, K. D. Mutants that show increased sensitivity to hydrogen peroxide reveal an important role for the pentose-phosphate pathway in protection of yeast against oxidative stress. **Molecular Genetics and Genomics**, v. 252, p. 456-464, 1996.

JUNGBLUT, P. R.; HOLZHUTTER, H. G.; APWEILER, R.; SCHLUTER, H. The speciation of the proteome. **Chemistry Central Journal**, v. 2, p. 1-10, 2008.

KANG, T. S.; KORBER, D. R.; TANAKA, T. Regulation of dual glycolytic pathways for fructose metabolism in heterofermentative *Lactobacillus panis* PM1. **Applied and Environmental Microbiology**, v. 79, p. 7818-7826, 2013.

KANIAK, A.; XUE, Z.; MACCOOL, D.; KIM, J. H.; JOHNSTON, M. Regulatory network connecting two glucose signal transduction pathways in *Saccharomyces cerevisiae*. **Eukaryotic Cell**, v. 2, p. 221-231, 2004.

KARNAOURI, A.; TOPAKAS, E.; ANTONOPOULOU, I.; CHRISTAKOPOULOS, P. Genomics insights into the fungal lignocellulolytic system of *Myceliophthora thermophila*. **Frontiers in Microbiology**, v. 5, p. 1-22, 2014.

KARPLUS, P. A. A primer on peroxiredoxin biochemistry. **Free Radical Biology and Medicine**, v. 80, p. 183-190, 2015.

KARTHIK, N.; AKANKSHA, K.; PANDEY, A. Production, purification and properties of fungal chitinases a review. **Indian Journal Exp. Biol**, v. 52, p. 1025-1035, 2014.

KASHYAP, D. R.; VOHRA, P. K.; CHOPRA, S.; TEWARI, R. Applications of pectinases in the commercial sector: a review. **Bioresource Technology**, v. 77, p. 215-227, 2001.

KATROLIA, P.; RAJASHEKHARA, E.; YAN, Q.; JIANG, Z. Biotechnological potential of microbial α -galactosidases. **Critical Reviews in Biotechnology**, v. 34, p. 307-317, 2014.

KATO, M.; KUZUHARA, Y.; MAEDA, H.; SHIRAGA, S.; UEDA, M. Analysis of a processing system for proteases using yeast cell surface engineering: conversion of precursor of proteinase A to active proteinase A. **Applied Microbiology and Biotechnology**, v. 72, p. 1229-1237, 2006.

KAUFMANN, S. H. Heat shock protein and the immune response. **Immunology Today**, v. 11, p. 129-136, 1990.

KAYIKCI, O.; NIELSEN, J. Glucose repression in *Saccharomyces cerevisiae*. **FEMS Yeast Research**, v. 15, p. 1-8, 2015.

KHAN, T. K.; NELSON, T. J. Protein kinase C activator bryostatin-1 modulates proteasome function. **Journal of Cell Biochemistry**, p. 1-10, 2018. doi: 10.1002/jcb.26887

KHANTHAWONG, S.; VANITTANAKOM, N. Production of *Talamomyces (Penicillium) marneffei* Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase recombinante protein expressed by *Pichia pastoris*. **Chiang Mai Journal Science**, v. 43, p. 469-475, 2016.

KIM, Y.; NANDAKUMAR, M.; MARTEN, M. Proteome map of *Aspergillus nidulans* during osmoadaptation. **Fungal Genetics and Biology**, v. 44, p. 886-895, 2007.

KIM, J. J.; MIURA, R. Acyl-CoA dehydrogenases and acyl-CoA oxidases. Structural basis for mechanistic similarities and differences. **European Journal Biochemistry**, v. 271, p. 483-493, 2004.

KIM, M. H.; PARK, S.; KIM, Y, H.; WON, K.; LEE, S. H. Immobilization of formate dehydrogenase from *Candida boidinii* through cross-linked enzyme aggregates. **Journal of Molecular Catalysis B: Enzymatic**, v. 97, p. 209-214, 2013.

KIRCHBERG, J.; BÜTTNER, D.; THIEMER, B.; SAWERS, R. G. Aconitase B is Required for Optimal Growth of *Xanthomonas campestris* pv. Vesicatoria in Pepper Plants. **PloS One**, v. 7, p. e34941, 2012.

KNIEMEYER, O. Proteomics of eukaryotic microorganisms: The medically and biotechnologically important fungal genus *Aspergillus*. **Proteomics**, v. 11, p. 3232–

3243, 2011.

KNIEMEYER, O.; LESSING, F.; SCHEIBNER, O.; HERTWECK, C.; BRAKHAGE, A. Optimisation of a 2-D gel electrophoresis protocol for the human pathogenic fungus *Aspergillus fumigatus*. **Current Genetics**, v. 49, p. 178-189, 2006.

KOHÁRYOVÁ, M.; KOLÁROVÁ, M. Oxidative stress and thioredoxin system. **General Physiology and Biophysics**, v. 27, p. 71-84, 2008.

KOHLER, G. A.; BRENOT, A.; HAAS-STAPLETON, E.; AGABIAN, N.; DEVA, R.; NIGAM, S. Phospholipase A2 and phospholipase B activities in fungi. **Biochimica et Biophysica Acta**, v. 1761, p. 1391–1399, 2006.

KOLALLUKUDY, P. E.; SIRAKOVA, T. D. Oryzin. In: RAWLINGS, N. D.; SALVESEN, G. S. **Handbook of proteolytic enzymes**. London UK, Elsevier, 2013. 3765 p.

KOLLI, B. K.; KOSTAL, J.; ZABORINA, O.; CHAKRABARTY, A. M.; CHANG, K. P. *Leishmania*-released nucleoside diphosphate kinase prevents ATP-mediated cytolysis of macrophages. **Molecular Biochemistry and Parasitology**, v. 158, p. 163–175, 2008.

KOLKMAN, A.; SLIPER, M.; HECK, A. J. Development and application of proteomics technologies in *Saccharomyces cerevisiae*. **Trends in Biotechnology**, v. 23, p. 598-604, 2005.

KOMEDA, H.; YAMASAKI-YASHIKI, S.; HOSHINO, K.; ASANO, Y. Identification and characterization of d-xylose reductase involved in pentose catabolism of the zygomycetous fungus *Rhizomucor pusillus*. *Journal of Bioscience and Bioengineering*, v. 119, p. 57-64, 2015.

KONDO, T.; MORIKAWA, Y.; HAYASHI, N.; KITAMOTO, N.; Purification and characterization of formate oxidase from a formaldehyde-resistant fungus. **FEMS Microbiology Letters**, v. 214, p. 137-142, 2002.

KOSSEN, N. W. F. The morphology of filamentous fungi. **Advances in Biochemical Engineering Biotechnology**, v. 70, p. 1-33, 2000.

KOHÁRYOVÁ, M.; KOLÁROVÁ, M. Oxidative stress and thioredoxin system. **General Physiology and Biophysics**, v. 27, p. 71-84, 2008.

KRAHULEC, S.; ARMAO, G. C.; WEBER, H.; KLIMACEK, M.; NIDETZKY, B. Characterization of recombinant *Aspergillus fumigatus* mannitol-1-phosphate 5-dehydrogenase and its application for the stereoselective synthesis of *protio* and *deuterio* forms of d-mannitol 1-phosphate. **Carbohydrate Research**, v. 343, p. 1414-1423, 2008.

KREINER, M.; MCNEIL, B.; HARVEY, L. M. Oxidative stress response in submerged cultures of a recombinant *Aspergillus niger* (B1-D). **Biotechnology and Bioengineering**, v. 70, p. 662-229, 2000.

KROLL, K.; PÄHTZ, V.; KNIEMEYER, O. Elucidating the fungal stress response by proteomic. **Journal of Proteomics**, v. 97, p. 151-163, 2014.

KUMAR, J. K.; TABOR, S.; RICHARDSON, C. C. Proteomic analysis of thioredoxin-targeted proteins in *Escherichia coli*. **Proceeding of the National Academy of Sciences of the United States of America**, v. 101, p. 3759-3764, 2004.

KUMARESAN, V.; GNANAM, A. J.; PASUPULETI, M.; ARASU, M. V.; AL-DHABI, N. A.; HARIKRISHNAN, R.; AROCKIARAJ, J. Comparative analysis of CsCu/Zn SOD defense role by molecular characterization: gene expression enzyme activity-protein level. **Gene**, v. 564, p. 53-62, 2015.

KUNZE, M.; PRACHAROENWATTANA, I.; SMITH, S.; HARTING, A. A central role for the peroxisomal membrane in glyoxylate cycle function. **Biochimica et Biophysica Acta (BBA) Molecular Cell Research**, v. 1763, p. 1441-1452, 2006.

LACHKE, S. A.; JOLY, S.; DANIELS, K.; SOLL, D. R. Phenotypic switching and filamentation in *Candida glabrata*. **Microbiology**, v. 148, p. 2661-2674, 2002.

LAMBOU, K.; LAMARRE, C.; BEAU, R.; DUFOUR, N.; LATGE, J. P. Functional analysis of the superoxide dismutase family in *Aspergillus fumigatus*. **Molecular microbiology**, v. 75, p. 910-923, 2010.

LANGNER, T.; GÖHRE, V. Fungal chitinase: function, regulation and potential roles in plant/pathogen interactions, **Current Genetics**, v. 62, p. 243-254, 2016.

LATGÉ, J. P. *Aspergillus fumigatus* and Aspergillosis. **Clinical Microbiology Reviews**, v. 12, p. 310-350, 1999.

LE BLANC, J. G.; GARRO, M. S.; SAVOY DE GIORI, G. Effect of pH on *Lactobacillus fermentum* growth, raffinose removal, α -galactosidase activity and fermentation products. **Applied Microbiology and Biotechnology**, v. 65, p. 119-123, 2004.

LEDGERWOOD, E. C.; MARSHALL, J. W. A.; WEIJMAN, J. F. The role of peroxiredoxin 1 in redox sensing and transducing. **Archives of Biochemistry and Biophysics**, v. 617, p. 60-67, 2017.

LEE, B. R.; FURUKAWA, M.; YAMASHITA, K.; KANASUGI, Y.; KAWABATA, C.; KENICHI, H.; ANDO, K.; ICHISHIMA, E. Aorsin, a novel serine proteinase with trypsin-like specificity at acid pH. **Biochemistry Journal**, v. 371, p. 541-548, 2003.

LEE, B.; YOSHIDA, Y.; HASUNUMA, K. Photomorphogenetic characteristics are severely affected in nucleoside diphosphate kinase-1 (*ndk-1*)-disrupted mutants in *Neurospora crassa*, **Molecular Genetics and Genomics**, v. 275, p. 9-17, 2006.

LEE, B.; YOSHIDA, Y.; HASUNUMA, K. Nucleoside diphosphate kinase-1 regulates hyphal development via the transcriptional regulation of catalase in *Neurospora crassa*. **FEBS Letters**, v. 583, p. 3291-3295, 2009.

LEGER, R. J. S.; BIDOCHKA, M. J.; ROBERTS, D. W. Characterization of a Novel Carboxypeptidase produced by the entomopathogenic fungus *Metarhizium anisopliae*. **Archives of Biochemistry and Biophysics**, v. 314, n. 2, p. 392-398, 1994.

LEITE, C. L.; GROPOSO, C.; DRESCHLER-SANTOS, E. R.; FIGUEIREDO, N. F.; GODINHO, P. S.; ABRAÃO, R. L. A particularidade de ser um fungo – Constituintes celulares. **Biotemas**, v. 19, p. 17-27, 2006.

LEÓN-RAMÍREZ, C. G.; VALDÉS-SANTIAGO, L.; CAMPOS-GÓNGORA, E.; ORTIZ-CASTELLANOS, L.; ARÉCHIAGA-CARVAJAL, E. T.; RUIZ-HERRERA, J. A molecular probe for *Basidiomycota*: the spermidine synthase-saccharopine dehydrogenase chimeric gene. **FEMS Microbiology Letters**, v. 312, p. 77-83, 2010.

LI, B.; LAI, T.; QIN, G.; TIAN, S. Ambient pH Stress Inhibits Spore Germination of *Penicillium expansum* by Impairing Protein Synthesis and Folding: a Proteomic-Based Study. **Journal of proteome research**, v. 9, p. 298-307, 2010.

LI, B.; WANG, W.; ZONG, Y.; QIN, G.; TIAN, S. Exploring pathogenic mechanisms of *Botrytis cinerea* secretome under different ambient pH based on comparative proteomic analysis. **Journal of proteome research**, v. 11, p. 4249-4260, 2012.

LI, E.; LING, J.; WANG, G.; XIAO, J.; YANG, Y.; MAO, Z.; WANG, X.; XIE, B. Comparative Proteomics Analyses of Two Races of *Fusarium oxysporum* f. sp. *conglutinans* that Differ in Pathogenicity. **Scientific Reports**, v.5, p.1-21, 2015.

LI, Q.; ABRASHEV, R.; HARVEY, L. M.; McNEIL, B. Oxidative stress-associated impairment of glucose and ammonia metabolism in the filamentous fungus, *Aspergillus niger* B1-D. **Mycological Research**, v. 112, p. 1049-1055, 2008.

LI, Q.; McNEIL, B.; HARVEY, L. M. Adaptive response to oxidative stress in the filamentous fungus *Aspergillus niger* B1-D. **Free Radical Biology and Medicine**, v. 44, p. 394–402, 2008.

LI, Q.; YI, L.; MAREK, P.; IVERSON, B. L. Commercial proteases: present and future. **FBS Letters**, v. 587, p. 1155-1163, 2013.

LIMENITAKIS, J.; OPPENHEIM, R. D.; CREEK, D. J.; FORTH, B.; BARRET, M. P.; SOLDATI-FAVRE, D. The 2-methylcitrate cycle is implicated in the detoxification of propionate in *Toxoplasma gondii*. **Molecular Microbiology**, v. 87, p. 894-908, 2013.

LIN, X.; MOMANY, C.; MOMANY, M. SwoHp, a nucleoside diphosphate kinase, is essential in *Aspergillus nidulans*. **Eukaryotic Cell**, v. 2, p. 1169-1177, 2003.

LINDEMANN, C.; THOMANEK, N.; HUNDT, F.; LERARI, T.; MEYER, H. E.; WOLTERS, D.; MARCUS, K. Strategies in relative and absolute quantitative mass spectrometry based proteomics. **Biological Chemistry**, v. 398, p. 687-699, 2017.

LISBOA, Helen Cristina Fávero. **Fungos endofíticos: prospecção de atividade biocatalítica e aplicação biotecnológica**. 2015. 222 f. Tese (doutorado) - Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho, Instituto de Química, 2015. Disponível em: <<http://hdl.handle.net/11449/136030>>.

LIU, D. Y.; LI, J.; ZHAO, S.; ZHANG, R. F.; WANG, M. M.; MIAO, Y. Z.; SHEN, Y. F.; SHEN, Q. R. Secretome diversity and quantitative analysis of cellulolytic *Aspergillus fumigatus* Z5 in the presence of diferente carbono sources. **Biotechnology for Biofuels**, v. 6, p. 2-16, 2013.

LORENTZEN, E.; SIEBERS, B.; HENSEL, R.; POHL, E. Mechanism of the Schiff Base Forming Fructose-1,6-bisphosphate Aldolase: Structural Analysis of Reaction Intermediates. **Biochemistry**, v. 44, p. 4222-4229, 2005.

LY, L.; WASINGER, V. C. Protein and peptide fractionation, enrichment and depletion: tools for the complex proteome. **Proteomics**, v. 11, p. 513-534, 2011.

LYLLOFF, J. E.; HANSEN, L. B. S.; JEPSEN, M.; SANGGAARD, K. W.; VESTER, J. K.; ENGLHILD, J. J.; SORENSEN, S. J.; STOUGAARD, P.; GLARING, M. Genomic and exoproteomic analyses of cold and alkaline-adapted bacteria reveal an abundance of secreted subtilisin-like proteases. **Microbial biotechnology**, v. 9, p. 245-256, 2016.

LYON, G. D.; GOODMAN, B. A.; WILLIAMSON, B. **Botrytis cinerea perturbs redox processes as an attack strategy in plants**. In: ELAD, Y.; WILLIAMSON, B.; TUDZYNSKI, P.; DELEN, N. Botrytis: biology, pathology and control. Kluwer, Dordrecht, 2004.

MACÍAS-SÁNCHEZ, K.L.; GARCÍA-SOTO, J.; RONCERO, M. I. G.; HERNÁNDEZ-MONJARAZ, W.; CAUDILLO-PÉREZ, M. G. Isolation and Expression of Enolase Gene in *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici*. **Applied Biochemistry of Biotechnology**, v. 175, p. 902-908, 2015.

MANDUJANO-GONZÁLEZ, V.; VILLA-TANACA, L.; ANDUCHO-REYES, M. A.; MERCADO-FLORES, Y. Secreted fungal aspartic proteases: a review. **Revista Iberoamericana de Micología**, v. 33, p. 76-82, 2016.

MAGASANIK, B.; KAISER, C. A. Nitrogen regulation in *Saccharomyces cerevisiae*. **Gene**, v. 15, p. 1-18, 2002.

MAGGIO-HALL, L. A.; KELLER, N. P. Mitochondrial β -oxidation in *Aspergillus nidulans*. **Molecular Microbiology**, v. 54, p. 1173-1185, 2004.

MAGGIO-HALL, L. A.; LYNE, P.; WOLFF, J. A.; KELLER, N. A single Acyl-CoA dehydrogenase is required for catabolism of isoleucine, valine and short-chain fatty acids in *Aspergillus nidulans*. **Fungal Genetics Biology**, v. 45, p. 180-189, 2008.

MALATHI, S.; CHAKRABORTY, R. Production of alkaline protease a new *Aspergillus flavus* isolated under solid substrate fermentation conditions for use as a Depilation agent. **Applied and Environmental Microbiology**, v. 57, n. 3, p. 712-716, 1991.

MALLER, A.; DA SILVA, T. M.; DAMASIO, A. R. D.; HIRATA, I. Y.; JORGE, J. A.; TERENCEZI, H. F.; POLIZELI, M. D. T. D. Functional properties of a manganese activated exo-polygalacturonase produced by a thermotolerant fungus *Aspergillus niveus*. **Folia Microbiologica**, v. 58, p. 615-621, 2013.

MAJUMDAR, R.; LEBAR, M.; MACK, B.; MINOCHA, R.; MINOCHA, S.; CARTER-WIENTJES, C.; SICKLER, C.; RAJASEKARAN, K.; CARY, J. W. The *Aspergillus flavus* spermidine synthase (*spds*) Gene, is required for normal development, aflatoxin production, and pathogenesis during infection of maize kernels. **Frontiers in Plant Science**, v. 9, p. 317, 2018.

MANN, M.; HENDRICKSON, R. C.; PANDEY, A. Analysis of Proteins and Proteomes by Mass Spectrometry. **Annual Review Biochemistry**, v. 70, p. 437-473, 2001.

MANTEAU, S.; ABOUNA, S.; LAMBERT, B.; LEGENDRE, L. Differential regulation by ambient pH of putative virulence factor secretion by the phytopathogenic fungus *Botrytis cinerea*. **FEMS Microbiology Ecology**, v. 43, p. 359-366, 2003.

MARCHAND, C.; MARÉCHAL, P. L.; MEYER, Y.; DECOTTIGNIES, P. Comparative proteomic approaches for the isolation of proteins interacting with thioredoxin. **Proteomics**, v. 6, p. 6528-6537, 2006.

MARTINEZ-MOYA, P.; NIEHAUS, K.; ALCAÍNO, J.; BAEZA, M.; CIFUENTES, V. Proteomic and metabolomic analysis of the carotenogenic yeast *Xanthophyllomyces dendrorhous* using different carbon sources. **BMC Genomics**, v. 16, p. 1-18, 2015.

MARTINS, I.; FARCIA, H.; VARELA, A.; NUNEZ, O.; PLANCHON, S.; GALCERAN, M. T.; RENAUT, J.; REBELO, L. P. N.; PEREIRA, C. S. Investigating *Aspergillus nidulans* secretome during colonisation of cork cell walls. **Journal of Proteomics**, v. 98, p. 175-188, 2014a.

MARTINS, I.; HARTMANN, D. O.; ALVES, P. C. A.; GARCIA, H.; LECLERCQ, C. C.; FERREIRA, R.; HE, J.; RENAULT, J.; BECKER, J. D.; PEREIRA, C. S. Elucidating

how the saprophytic fungus *Aspergillus nidulans* uses the plant polyester suberin as carbon source. **BMC Genomics**, v. 15, p. 2-19, 2014b.

MARTINUS, R. D.; RYAN, M. T.; NAYLOR, D. J.; HERD, S. M.; HOOGENRAAD, N. J.; HOJ, P. B. Role of chaperones in the biogenesis and maintenance of the mitochondrion. **The FASEB Journal**, v. 9, n. 5, p. 371-378, 1995.

MARZLUF, G. A. Genetic regulation of nitrogen metabolism in the fungi. **Microbiology and Molecular Biology Reviews**, v. 61, p. 17-32, 1997.

MEDINA, M. L.; HAYNES, P. A.; BRECI, L.; FRANCISCO, W. A. Analysis of secreted proteins from *Aspergillus flavus*. **Proteomics**, v. 12, p. 3153-3161, 2005.

MELIN, P.; SCHNURER, J.; WAGNER, E. Proteome analysis of *Aspergillus nidulans* reveals proteins associated with the response to the antibiotic conoanamycin A, produced by *Streptomyces* species. **Molecular Genetics and Genomics**, v. 267, p. 695-702, 2002.

MENDONÇA, M.; MOREIRA, G. M. S. G.; CONCEIÇÃO, F. R.; HUST, M.; MENDONÇA, K. S.; MOREIRA, A. N.; FRANÇA, R. C.; SILVA, W. P.; BHUNIA, A. K.; ALEIXO, J. A. G. Fructose 1,6-biphosphate aldolase, a novel Immunogenic surface protein on *Listeria* species. **PLoS One**, v. 11, p. 1-20, 2016.

MICHAL, G.; SCHOMBUG, D. **Biochemical Pathways**. Jhon Wiley Sons Inc., Hoboken, New jersey, 2nd edition, 2012.

MIRANDA-OZUNA, J. F. T.; HERNANDEZ-GARCÍA, M. S.; BRIEBA, L. G.; BENÍTEZ-CARDOZA, C. G.; ORTEGA-LÓPEZ, J.; GONZÁLEZ-ROBLES, A.; ARROYO, R. The Glycolytic Enzyme Triosephosphate Isomerase of *Trichomonas vaginalis* Is a Surface-Associated Protein Induced by Glucose That Functions as a Laminin- and Fibronectin-Binding Protein, **Infection and Immunity**, v. 84, p. 2878-2894, 2016.

MOLINA, G.; CONSTESINI, F. J.; MELO, R. R.; SATO, H. H.; PASTORE, G. M. **New and Future Developments in Microbial Biotechnology and Bioengineering**. β -Glucosidase from *Aspergillus*, Chapter 11. Amsterdam: Elsevier, 2016, p. 155-169.

MOOLENAAR, W. H.; MEETEREN, V.; GIEPMANS, B. N. The ins and outs of lysophosphatidic acid signaling. **Bioessays**, v. 26, p. 870-881, 2004.

MOPARTHI, S. B.; SJOLANDER, D.; VILLEBECK, L.; JONSSON, B. H.; HAMMARSTROM, P.; CARLSSON, U. Transient conformational remodeling of folding proteins by GroES – individually and in concert with GroEL. **Journal of Chemical Biology**, v. 7, p. 1-15, 2014.

MOUASSITE, M.; CAMOUGRANDE, M.; SCHWOB, E.; DEMAISON, G.; LACLAU, M.; GUÉRIN, M. The SUN family: yeast SUN4/SCW3 is involved in cell septation. **Yeast**, v. 16, p. 905-919, 2000.

MOYE-ROWLEY, W. S. Regulation of the transcriptional response to oxidative stress in fungi: similarities and differences. **Eukaryotic Cell**, v. 2, p. 381-389, 2003.

MURAD, A. M.; MOLINARI, H. B. C.; MAGALHÃES, B. S.; FRANCO, A. C.; TAKAHASHI, F. S. C.; OLIVEIRA-JUNIOR, N. G.; FRANCO, O. L.; QUIRINO, B. F. Physiological and proteomic Analyses of *Saccharum* spp. Grown under salt stress. **PLoS One**, v. 9, p. e98463-e98463, 2014.

MURRAY, S. L.; HYNES, M. J. Metabolic and developmental effects resulting from deletion of the *citA* gene encoding citrate synthase in *Aspergillus nidulans*. **Eukaryotic Cell**, v. 9, p. 656-666, 2010.

NAIK, R. R.; NEBES, V.; JONES, E. W. Regulation of the proteinase B structural gene *PRB1* in *Saccharomyces cerevisiae*. **Journal of Bacteriology**, v. 179, p. 1469–74, 1997.

NAKAI, K. Protein sorting signals and prediction of subcellular localization. **Advances in Protein Chemistry**, v. 54, p. 277–344, 2000.

NANDAKUMAR, M. P.; MARTEN, M. R. Comparison of lysis methods and preparation protocols for 1-D and 2-D electrophoresis of *Aspergillus oryzae* intracellular proteins. **Electrophoresis**, v. 23, p. 2216–2222, 2002.

NICKEL, W. The mystery of nonclassical protein secretion. **European Journal of Biochemistry**, v. 270, n. 10, p. 2109-2119, 2003.

NIGAN, P. S. Microbial Enzymes with special characteristics for biotechnological applications biomolecules. **Biomolecules**, v. 3, p. 597-611, 2013.

NITSCHKE, B. M.; JORGENSEN, T. R.; AKEROYD, M.; MEYER, V.; RAM, A. F. J. The carbon starvation response of *Aspergillus niger* during submerged cultivation: Insights from the transcriptome and secretome. **BMC Genomics**, v. 13, p. 380- 403, 2012.

NOMBELA, C.; GIL, C.; CHAFFIN, W. L. Non-conventional protein secretion in yeast. **Trends in microbiology**, v. 14, n. 1, p. 15–21, 2006.

NOGUEIRA, S. V.; FONSECA, F. L.; RODRIGUES, M. L.; MUNDODI, V.; ABICHACRA, E. A.; WINTERS, M. S.; ALDERETE, J. F.; DE ALMEIDA SOARES, C. M. *Paracoccidioides brasiliensis* enolase is a surface protein that plasminogen and mediates interaction of yeast forms with host cells. **Infection and Immunity**, v. 78, p. 4040-4050, 2010.

NOVELLI, P. K.; BARROS, M. M.; FLEURI, L. F. Novel inexpensive fungi proteases: production by solid state fermentation and characterization. **Food Chemistry**, v. 198, p. 119-124, 2016.

NOZAWA, S.R.; THEDEI, Jr. G.; CIACAGLINI, P.; ROSSI, A. The adaptive response to ambient pH in *Neurospora crassa*. **Biochemistry and Molecular Biology Education**, v. 30, p. 192-195, 2002.

NYSSOLA, A.; PIHLAJANIEMI, V.; JARVINEN, R.; MIKANDER, S.; KONTKANEN, H.; KRUIUS, K.; KALLIO, H.; BUCHERT, J. Screening of microbes for novel acidic cutinases and cloning and expression of an acidic cutinase from *Aspergillus niger* CBS 513.88. **Enzyme and Microbial Technology**, v. 52, p. 272-278, 2013.

ODONI, D. I.; GAAL, M. P. V.; SXHONWILLE, T.; TAMAYO-RAMOS, J. A.; SANTOS, V. A. P. M.; SUAREZ-DIEZ, M.; SCHAAP, P. J. *Aspergillus niger* secretes citrate to increase iron bioavailability. *Frontiers in Microbiology*, v. 8, p. 1-13, 2017.

OH, Y.; ROBERTSON, S. L.; PARKER, J.; MUDDIMAN, D.; DEAN, R. A. Comparative proteomic analysis between nitrogen supplemented and starved conditions in *Magnaporthe oryzae*. **Proteome Science**, v. 15, p. 1-12, 2017.

OLIVEIRA, J. M. P. F.; GRAAFF, L. H. Proteomics of industrial fungi: trends and insights for biotechnology. **Applied Microbiology Biotechnology**, v. 89, p. 225–237, 2011.

OLIVEIRA, J. M. F.; VAN PASSEL, M. W. J.; SCHAAP, P. J.; GRAAFF, L. H. Proteomic analysis of the secretory response of *Aspergillus niger* to D-maltose and D-xylose. **PLoS One**, v. 6, p. e20865, 2011.

ORIJ, R.; BRUL, S.; SMITS, G. J. Intracellular pH is a tightly controlled signal in yeast. **Biochemistry Biophysical Acta**, v. 1810, p. 933–944, 2011.

ORIJ, R.; URBANUS, M. L.; VIZEACOMAR, F. J.; GIAEVER, G.; BOONE, C.; NISLOW, C.; BRUL, S.; SMITS, G. J. Genome-wide analysis of intracellular pH reveals quantitative control of cell division rate by pH in *Saccharomyces cerevisiae*. **Genome Biology**, v. 13, p. R80, 2012.

PANDEY, A. Solid-state fermentation. **Biochemical Engineering Journal**, v. 13, p. 81-84, 2003.

PANDEY, A.; MANN, M. Proteomics to study genes and genomes. **Nature**, v. 405, p. 837-846, 2000.

PANNEMAN, H.; RUIJTER, G. J. G.; VAN DER BROEK, H. C.; VISSER, J. Cloning and biochemical characterization of an *Aspergillus niger* glucokinase – evidence for the presence of separate glucokinase and hexokinase enzymes. **European Journal of Biochemistry**, v. 240, p. 518-525, 1996.

PAPAGIANNI, M. Fungal morphology and metabolite production in submerged mycelial processes. **Biotechnological Advances**, v. 22, p. 189-259, 2004.

PASSARDI, F.; THEILER, G.; ZAMOCKY, M.; COSIO, C.; ROUHIER, N.; TEIXEIRA, F.; MARGIS-PINHEIRO, M.; LOANNIDIS, V.; PENEL, C.; FALQUET, L.; DUNAND, C. PeroxiBase: the peroxidase database. **Phytochemistry**, v. 68, n. 12, p. 1605-1611, 2007.

PATTERSON, S. D.; AEBERSOLD, R. H. Proteomics: the first decade and beyond. **Nature genetics**, v. 33, p. 311-323, 2003.

PETERSEN, T.N.; BRUNAK, S.; VON HEIJNE, G.; NIELSEN, H. SignalP 4.0: discriminating signal peptides from transmembrane regions. **Nature Methods**, v. 8, p. 785-786, 2011. doi: 10.1038/nmeth.1701.

PLASSARD, C.; FRANSSON, P. Regulation of low- molecular weight organic acid production in fungi, **Fungal Biology Review**. v. 23, p. 30–39, 2009.

PAYTAN, A; MCLAUGHLIN, K. The oceanic phosphorus cycle. **Chemistry Review**, v. 107, p. 563-576, 2007.

PEAK, M. J.; PEAK, J. G.; STEVENS, F. J.; BLAMEY, J.; MAI, X.; ZHOU, Z. H.; ADAMS, M. W. W. The hyperthermophilic glycolytic enzyme enolase in the archaeon, *Pyrococcus furiosus*: Comparison with mesophilic enolase. **Archives Biochemistry and Biophysics**, v. 313, p. 280-286, 1994.

PEBERDY, J. F. Protein secretion in filamentous fungi trying to understand a highly productive black box. **Trends Biotechnology**, v. 12, n. 2, p. 50-7, 1994.

PEGG, A. E. The function of spermine. **IUBMB Life**, v. 66, p. 8-18, 2014.

PELLEGRIN, C.; MORIN, E.; MARTIN, F. M.; VENEULT-FOURREY, C. Comparative Analysis of Secretomes from Ectomycorrhizal Fungi with an Emphasis on Small-Secreted Proteins. **Frontiers Microbiology**, v. 18, p. 1-15, 2015.

PEMBERTON, T. J. Identification and comparative analysis of sixteen fungal peptidyl-prolyl cis/trans isomerase repertoires. **BMC Genomics**, v. 7, p. 244-270, 2006.

PEÑALVA, M. A; ARST, JR. H. N. Regulation of gene expression by ambient pH in filamentous fungi and yeasts. **Microbiology and Molecular Biology Reviews**, v. 66, p. 2426-446, 2002.

PEÑALVA, M. A.; TILBURN, J.; BIGNELL, E.; ARST, H. J. Ambient pH gene regulation in fungi: making connections. **Trends Microbiology**, v. 16, p. 291-300, 2008.

PETERSEN, T.N.; BRUNAK, S.; COM HEIJNE, G.; NIELSEN, H. SignalP 4.0 discriminating signal peptides from transmembrane regions. **Nature Methods**, v. 8, p. 785-786, 2011.

PITSON, S. M.; VORAGEN, A. G. J.; VINCKEN, J. P.; BELDMAN, G. Action patterns and mapping of the substrate-binding regions of endo- 1,5- α -L-arabinanases from *Aspergillus niger* and *Aspergillus aculeatus*. **Carbohydrate Research**, v. 303, p. 207-218, 1997.

POLEK, B.; GODOČÍKOVÁ, J. Responses and Resistance of Microbial Isolates Against Toxic Oxidative Stress. **Current Microbiology**, v. 65, p. 345-349, 2012.

POOLE; L. B.; HALL, A.; NELSON, K. J. Overview of peroxiredoxins in oxidant defense and redox regulation. **Current Protocols in Toxicology**, v. 7.9, p. 1-20, 2011.

PUCKETT, S.; TRUJILLO, C.; EOH, H.; MARRERO, J.; SPENCER, J.; JACKSON, M.; SCHNAPPINGER, D.; RHEE, K.; EHRT, S. Inactivation of Fructose-1,6-Bisphosphate Aldolase Prevents Optimal Co-catabolism of Glycolytic and Gluconeogenic Carbon Substrates in *Mycobacterium tuberculosis*. **Plos Pathogens**, v. 10, p. e1004144, 2014.

PURKAYASTHA, S.; MADAN, T.; SHAH, A.; KRISHNAMURTHY, H. G.; SARMA, P. U. Multifunctional antigens of *Aspergillus fumigatus* and specific antibodies. **Applied Biochemistry and Biotechnology**, v. 83, p. 271-283, 2000.

QIAN, L.; LIU, X. Purification, characterization and structure of nucleoside diphosphate kinase from *Drosophila melanogaster*. **Protein Expression and Purification**, v. 103, -. 48-55, 2014.

QIN, Y.; WEI, Y.; SONG, X.; QU, Y. Engineering endoglucanase II from *Trichoderma reesei* to improve the catalytic efficiency at a higher pH optimum. **Journal of Biotechnology**, v. 135, p. 190–195, 2008.

RABINOVICH, M. L.; BOLOBOVA, A. V.; VASIL`CHENKO, L. G. Fungal decomposition of natural aromatic structures and xenobiotics: a review. **Applied Biochemistry and Microbiology**, v. 40, p. 1-17, 2004.

RADYUK, S. N.; MICHALAK, K.; KLICHKO, V.; BENES, J.; ORR, W. C. Peroxiredoxin 5 modulates immune response in *Drosophila*. **Biochimica et Biophysica Acta**, v. 1800, p. 1153-1163, 2010.

RAGGAM, R. B.; SALZER, H. J.; MARTH, E.; HEILING, B.; PAULISTSCH, A. H.; BUZINA, W. Molecular detection and characterization of fungal heat shock protein 60. **Mycoses**, v. 54, p. 394-399, 2011.

RAHMAD, N.; AL-OBAIDI, J. R.; RASHID, N. M. N.; ZEAN, N. B.; YUSOFF, M. H. Y. M.; SHAHARUDDIN, N. S. S.; JAMIL, N. A. M.; SALEH, N. M. Comparative proteomic analysis of different developmental stages of the edible mushroom *Termitomyces heimmi*. **Biological research**, v. 47, p. 2-8, 2014.

RAIMBAULT, M. General and microbiological aspects of solid substrate fermentation.

Electronic Journal of Biotechnology, v. 1, n. 3, p. 114-140, 1998.

RAMESH, M.; SIRAKOVA, T. D.; KOLATTUKUDY, P. E. Cloning and characterization of the cDNAs and genes (*mep20*) encoding homologous metalloproteinases from *Aspergillus flavus* and *Aspergillus fumigatus*. **Gene**, v. 165, p. 121-125, 1995.

RAO, M. B.; TANKSALE, A. M.; GHATGE, M. S.; DESHPANDE, V. V. Molecular and Biotechnological aspects of microbial protease. **Microbiology and Molecular Biological Reviews**, v. 62, p. 597-635, 1998.

REMENTERIA, A.; LÓPEZ-MOLINA, N.; LUDWING, A.; VIVANCO, A. B.; BIKANDI, J.; PONTÓN, J.; GARAIZAR, J. Genes and molecules involved in *Aspergillus fumigatus* virulence. **Revista Iberoamericana de Micología**, v. 22, p. 1-23, 2005.

REYNOLDS, S. M.; KA'LL, L.; RIFFLE, M. E.; BILMES, J. A.; NOBLE, W. S. Transmembrane Topology and Signal Peptide Prediction Using Dynamic Bayesian Networks. **PLoS Computational Biology**, v. 4, p. e1000213, 2008.

RIQUELME, M.; AGUIRRE, J.; BARTNICKI-GARCIA, S.; BRAUS, G. H.; FELDERUGGE, M.; FLEIG, U.; HANSBERG, W.; HERRERA-ESTRELLA, A.; KAMPER, J.; KUCK, U.; MOURIÑO-PEREZ, R. R.; TAKESHITA, N.; FISCHER, R. Fungal morphogenesis, from the polarized growth of hyphae to complex reproduction and infection structures. **Microbiology and Molecular Biology Reviews**, v. 82, p. e00068-17, 2018.

RIZWAN, M.; MILLER, I.; TASNEEM, F.; BOHM, J.; GEMEINER, M.; RAZZAZI-FAZELI, E. Proteome analysis of *Aspergillus ochraceus*. **Mycotoxin Research**, v. 26, p. 171-180, 2010.

RODACKA, A. Properties and functional diversity of glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase. **Postepy Hig Med Dosw**, v. 67, p. 775-789, 2013.

RODAKI, A.; YOUNG, T.; BROWN, A. J. P. Effects of depleting the essential central metabolic enzyme fructose-1,6-bisphosphate aldolase on the growth and viability of *Candida albicans*: implications for antifungal drug target discovery. **Eukaryotic Cell**, v. 5, p. 1371-1377, 2006.

RODRIGUES-POUSADA, C.; MENEZES, R. A.; PIMENTEL, C. The Yap family and its role in stress response. **Yeast**, v. 27, p. 245-258, 2010.

ROLKE, Y.; LIU, S.; QUIDDE, T.; WILLIAMSON, B.; SCHOUTEN, S.; WELTRING, K. M.; SIEWERS, V.; TENBERGE, K. L.; TDZYNSKI, B.; TDZYNSKI, P. Functional analysis of H₂O₂-generating systems in *Botrytis cinerea*: the major Cu-Zn-superoxide dismutase (BCSOD1) contributes to virulence on French bean, whereas a glucose oxidase (BCGOD1) is dispensable. **Molecular Plant Pathology**, v. 5, p. 17-27, 2004.

ROUMELIOTI, K.; VANGELATOS, L.; SOPHIANOPOULOU, V. A cryptic role of a glycolytic-gluconeogenic enzyme (aldolase) in amino acid transporter turnover in *Aspergillus nidulans*. **Fungal Genetics and Biology**, v. 47, p. 254-267, 2010.

ROWE, A. F.; LOWE, P. N. Modulation of amino acid and 2-oxo acid pools in *Trichomonas vaginalis* by aspartate aminotransferase inhibitors. **Molecular Biochemistry Parasitological**, v. 21, p. 17–24, 1986.

RUIJTER, G. J. G.; PANNEMAN, H.; XU, D. B.; VISSER, J. Properties of *Aspergillus niger* citrate synthase and effects of citA overexpression on citric acid production. **FEMS Microbiology Letters**, v. 184, p. 35-40, 2000.

RUIJTER, G. J.; VISSER, J. Carbon repression in aspergilli. **FEMS Microbiology Letters**, v. 151, p. 103-114, 1997.

SAHA, B. C.; RACINE, F. M. Biotechnological production of mannitol and its applications. **Applied Microbiological Biotechnological**, v. 89, p. 879-891, 2011.

SHARMIN, D.; SASANO, Y.; SUGIYAMA, M.; HARASHIMA, S. Effects of deletion of different PP2C protein phosphatase genes on stress responses in *Saccharomyces cerevisiae*. **Yeast**, v. 31, p. 393-409, 2014.

SALEKDEH, G.H.; KOMATSU, S. Crop proteomics: Aim at sustainable agriculture of tomorrow. **Proteomics**, v. 7, p. 2976–2996, 2007.

SALUSJARVI, L.; POUTANEN, M.; PITKANEN, J. P.; KOIVISTOINEN, H.; ARISTIDOU, A.; KALKKINEN, N.; RUOHONEN, L.; PENTTILA, M. Proteome analysis of recombinant xylose-fermenting *Saccharomyces cerevisiae*. **Yeast**, v. 20, p. 295-314, 2003.

SAMSON, R. A.; PETERSON, S. W.; FRISVAD, J. C.; VARGAS, J. New species in *Aspergillus* section *Terrei*. **Studies in Mycology**, v. 69, p. 39-55, 2011.

SARITHA, M.; SINGH, S.; TIWARI, R.; GOEL, R.; NAIN, L. Do cultural conditions induce differential protein expression: profiling of extracellular proteome of *Aspergillus terreus* CM20, **Microbiological Research**, v. 192, p. 73-83, 2016.

SARKAR, P.; SURAISHKUMAR, G. K. pH and temperature stresses in bioreactor cultures: intracellular superoxide levels. **Industrial & Engineering Chemistry Research**, v. 50; p. 13129-13136, 2011.

SAWANT, R.; NAGENDRAN, S. Protease: an enzyme with multiple industrial applications. **World Journal of Pharmacy and Pharmaceutical Science**, v. 3, p. 568-579, 2014.

SCHIENE, C. Multidomain Peptidyl Prolyl cis/trans isomerase. **Biochimica et Biophysica Acta**, v. 1850, p. 2005-2016, 2015.

SCHMIDT, P.; WALKER, J.; SELWAY, L.; STEAD, D.; YIN, Z.; ENJALBERT, B.; WEIG, M.; BROWN, A. J. P. Proteomic analysis of the pH response in the fungal pathogen *Candida glabrata*. **Proteomics**, v. 8, p. 534–544, 2008.

SCOTT, B.; EATON, C. J. Role of reactive oxygen species in fungal cellular differentiations. **Current Opinion in Microbiology**, v. 11, p. 488-493, 2008.

SEIBOTH, B.; METZ, B. Fungal arabinan and L-arabinose metabolism. **Applied and Microbiology and Biotechnology**, v. 89, p. 1665-1673, 2011.

SHAH, P.; GUTIERREZ-SANCHEZ, G.; ORLANDO, R.; BERGMANN, C. A proteomic study of pectin degradation enzymes secreted by *Botrytis cinerea* grown in liquid culture. **Proteomics**, v. 9, p. 3126-3135, 2009.

SHALLOM, S.; SHOHAM, Y. Microbial hemicellulases. **Current Opinion in Microbiology**, v. 6, p. 219-228, 2003.

SHARMA, A. D.; WAJAPYEE, N.; YADAV, V.; SINGH, P. Stress induced changes in peptidyl-prolyl cis-trans isomerase activity of *Sorghum bicolor* seedlings. **Biologia Plantarum**, v. 47, p. 367-371, 2003.

SHARMA, K. M.; KUMAR, R.; PANWAR, S.; KUMAR, A. Microbial alkaline proteases: optimization of production parameters and their properties. **Journal of Genetic Engineering and Biotechnology**, v. 15, p. 115-126, 2017.

SHERF, A. F. A method for maintaining *Phytopomonas sepedonica* in culture for long periods without transfer. **Phytopathology**, v. 33, p. 330-332, 1943.

SHI, C.; HE, J.; YU, B.; MAO, X.; ZHENG, P.; HUANG, Z.; CHEN, D. Physicochemical Properties analysis and secretome of *Aspergillus niger* in fermented rapeseed meal. **PLoS One**, v. 11, p. 1-16, 2016.

SHI, H.; DING, H.; HUANG, Y.; WANG, L.; ZHANG, Y.; LI, X.; WANG, F. Expression and characterization of a GH43 endo-arabinanase from *Thermotoga thermarum*. **BMC biotechnology**, v. 14, p. 14-35, 2014.

SHIMIZU, M.; YUDA, N.; NAKAMURA, T.; TANAKA, H.; WARIISHI, H. Metabolic regulation at the tricarboxylic acid and glyoxylate cycles of the lignin-degrading basidiomycete *Phanerochaete chrysosporium* against exogenous addition of vanillin. **Proteomics**, v. 5, p. 3919-3931, 2005.

SILVA, L. O. S. **Análise de moléculas envolvidas no metabolismo de nitrogênio no fungo patogênico humano *Paracoccidioides brasiliensis***. 2017. 73 f. (Dissertação Mestrado) – Programa de Genética e Biologia Molecular - Universidade Federal de Goiás, Goiânia, GO, 2017.

SINGH, G.; VERMA, A. K.; KUMAR, V. Catalytic properties, functional attributes and industrial applications of β -glucosidases. **3 Biotech**, v. 6, p. 1-14, 2016.

SINHA, S.; SINHA, S. Studies on the Production of Acid Protease by Submerged Fermentation. **International Journal of Food Engineering**, v. 5, 2009.

SIROVER, M. A. New insights into an old protein: the functional diversity of mammalian glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase. **Biochimica et Biophysica Acta**, v. 1432, p. 159-184, 1999.

SOHAIL, M.; SIDDIQI, R.; AHMAD, A.; KHAN, S. A. Cellulase production from *Aspergillus niger* MS82: effect of temperature and pH. **New Biotechnology**, v. 25, p. 437-441, 2009.

SONAH, H.; DESHMUKH, R. K.; BÉLANGER, R. R. Computational Prediction of Effector Proteins in Fungi: opportunities and challenger. **Frontiers in Plant Science**, v. 7, p. 1-14, 2016.

SOUZA, P. M.; BITTENCOURT, M. L. A.; CAPRARA, C. C.; FREITAS, M.; ALMEIDA, R. P. C.; SILVEIRA, D. et al. A biotechnology perspective of fungal proteases. **Brazilian Journal of Microbiology**, v. 46, p. 337-346, 2015.

SPERSCHNEIDER, J.; GARDINER, D.M.; DODDS, P.N.; TINI, F.; COVARELLI, L.; SINGH, K.B.; MANNERS, J.M.; TAYLOR, J.M. EffectorP: Predicting Fungal Effector Proteins from Secretomes Using Machine Learning. **New Phytologist**, v. 210, p. 743-761, 2015.

STEELE, M. I.; LORENZ, D.; HATTER, K.; PARK, A.; SOKATCH, J. R. Characterization of the mmsAB Operon of *Pseudomonas aeruginosa* PAP encoding methylmalonate-semialdehyde dehydrogenase and 3-hydroxyisobutyrate dehydrogenase. **The Journal of Biological Chemistry**, v. 267, n. 19, p. 13585-13592, 1992.

SIVULA, T.; SALMINEN, A.; PARGENYEV, A. N.; POHJANJOKI, P.; GOLDMAN, A.; COOPERMAN, B. S.; BAYKOV, A. A.; LAHTI, R. Evolutionary aspects of inorganic pyrophosphatase. **FEBS Letters**, v. 454, p. 75-80, 1999.

SKJOET, M.; KAUPPINEN, S.; KOFOD, L. V.; FUGLSANG, C. C.; PAULY, M.; DALBOEGE, H.; ANDERSEN, L. N. Functional cloning of an endo-arabinanase from *Aspergillus aculeatus* and its heterologous expression in *A. oryzae* and tobacco. **Molecular Genetics and Genomics**, v. 265, p. 913-921, 2001.

SOLAR, T.; TURSIC, J.; LEGISA, M. The role of glucosamine-6-phosphate deaminase at the early stages of *Aspergillus niger* growth in a high-citric-acid-yielding medium. **Applied Microbiology and Biotechnology**, v. 78, p. 613-619, 2008.

SOLOMON, P. S.; WATERS, O. D. C.; OLIVER, R. P. Decoding the mannitol enigma in filamentous fungi. **Trends in Microbiology**, v. 15, n. 6, p. 257-262, 2007.

SORENSEN, A.; ANDERSEN, J. J.; AHRING, B. K.; TELLER, P. J.; LUBECK, M. Screening of carbon sources for beta-glucosidase production by *Aspergillus saccharolyticus*. **International Biodeterioration & Biodegradation**, v. 93, p. 78-83, 2014.

SOUZA-MOTTA, C. M.; CAVALCANTI, M. A. Q.; PORTO, A. L. F.; MOREIRA, K. A.; FILHO, J. L. L. *Aspergillus niveus* Blochwitz 4128URM: new source for inulinase production. **Brazilian Archives of Biology and Technology**, v. 48, n. 3, p. 343-350, 2005.

SOUZA, P. M.; BITTENCOURT, M. L. A.; CAPRANA, C. C.; FREITAS, M.; ALMEIDA, R. P. C.; SILVEIRA, D.; FONSECA, Y. M.; FERREIRA FILHO, E. X.; PESSOA JUNIOR, A.; MAGALHÃES, P. O. A biotechnology perspective of fungal proteases. **Brazilian Journal Microbiology**, v. 46, p. 337-346, 2015.

SPALDING, M.D.; PRIGGE, S.T. Lipoic Acid Metabolism in Microbial Pathogens. **Microbiology and Molecular Biology Reviews**, v.74, p.200–228, 2010.

SPORMANN, D. O.; HEIM, J.; WOLF, D. H. Carboxypeptidase yscS: gene structure and function of the vacuolar enzyme. **European Journal Biochemistry**, v. 197, p. 399-405, 1991.

SQUIER, T. C. Oxidative stress and protein aggregation during biological aging. **Experimental Gerontology**, v. 36, p. 1539-1550, 2001.

STARICH, M. R.; WIKSTRÖM, M.; ARST, H. N.; CLORE, G. M.; GRONENBORN, A. M. The solution structure of a fungal AREA protein-DNA complex: an alternative binding mode for the basic carboxyl tail of GATA factors. **Journal of molecular biology**, v. 277, n. 3, p. 605–20, 1998.

STRIJBIS, K.; BURG, J. V. D.; VISSER, W. F.; BERG, M. V. D.; DISTEL, B.; Alternative splicing directs dual localization of *Candida albicans* 6-phosphogluconate dehydrogenase to cytosol and peroxisomes. **FEMS Yeast Research**, v. 12, p. 61-68, 2012.

SUGANTHI, C.; MAGESWARI, A.; KARTHIKEYAN, S.; ANBALAGAN, M.; SIVAKUMAR, A.; GOTHANDAM, K. M. Screening and optimization of protease production from a halotolerant *Bacillus licheniformis* isolated from saltern sediments. **Journal of Genetic Engineering and Biotechnology**, v. 11, p. 47-52, 2013.

SUMANTHA, A.; SANDHYA, C.; SZAKACS, G.; SOCCOL, C. R.; PANDEY, A. Production and partial purification of a neutral metalloprotease by fungal Mixed Substrate Fermentation. **Food Technology and Biotechnology**, v. 4, p. 313-319, 2005.

SUMANTHA, A.; LARROCHE, C.; PANDEY, A. Microbiology and Industrial Biotechnology of Food-Grade Proteases: a perspective. **Food Technology and Biotechnology**, v. 44, p. 211-220, 2006.

SUN, Y.; YI, X.; PENG, M.; ZENG, H.; WANG, D.; LI, B.; TONG, Z.; CHANG, L.; JIN, X.; WANG, X. Proteomics of *Fusarium oxysporum* Race 1 and Race 4 reveals enzymes involved in carbohydrate metabolism and ion transport that might play important roles in banana *Fusarium Wilt*. **Plos One**, v. 9, p. 1-20, 2014.

SZOPINSKA, A.; MORSOMME, P. Quantitative proteomic approaches and their application in the study of yeast stress responses. **OMICS**, v. 14, p. 639-649, 2010.

SWIGONOVÁ, A.; MOHSEN, A. W.; VOCKLEY, J. Acyl-CoA dehydrogenases: dynamic history of protein family evolution. **Journal of Molecular Evolution**, v. 69, p. 176-193, 2009.

TAJ-ALDEEN, S. J.; ALKENANY, K. I. Separation and partial purification of beta-glucosidase and two endoglucanases in *Aspergillus niveus*. **Microbiología**, v. 12, p. 91-98, 1996.

TAKASUKA, T.; SAYERS, N. M.; ANDERSON, M. J.; BENBOW, E. W.; DENNING, D. W. *Aspergillus fumigatus* catalases: cloning of an *Aspergillus nidulans* catalase B homologue and evidence for at least three catalases. **FEMS Immunology & Medical Microbiology**, v. 23, p. 125-133, 1999.

TANG, X.; ZAN, X.; ZHAO, L.; CHEN, H.; CHEN, Y. Q.; CHEN, W.; SONG, Y.; RATLEDGE, C. Proteomics analysis of high lipid-producing strain *Mucor circinelloides* WJ11: an explanation for the mechanism of lipid accumulation at the proteomic level. **Microbial Cell Factories**, v. 15, 2-16, 2016.

TANIMIZU, N.; HAYASHI, R. Changes in vacuolar protease activities during synchronous culture of *Saccharomyces cerevisiae*. **Bioscience, Biotechnology and Biochemistry**, v. 60, p. 1526-1527, 1996.

TDZYNSKI, B. Nitrogen regulation of fungal secondary metabolism in fungi. **Frontiers in Microbiology**, v. 5, p. 656-671, 2014.

TE BIESEBEKE, R.; BOUSSIER, A.; VAN BIEZEN, N.; VAN DEN HONDEL, C.A.M.J.J.; PUNT, P.J. Identification of secreted proteins of *Aspergillus oryzae* associated with growth on solid cereal substrates. **Journal of Biotechnology**, v.121, p.482–485, 2006.

TEDERSOO, L.; BAHRAM, M.; PÖLME, S.; KÖLJALG, U.; YOROU, N.; WIJESUNDERA, R. et al., Global diversity and geography of soil fungi. **Science**, v. 346, p. 1256688, 2014.

TER SCHURE, E. G.; VAN RIEL, N. A.; VERRIPS, C. T. The role of ammonia metabolism in nitrogen catabolite repression in *Saccharomyces cerevisiae*. **FEMS Microbiology Reviews**, v. 24, p. 67-83, 2000.

THE GENE ONTOLOGY CONSORTIUM. Expansion of the Gene Ontology knowledgebase and resources. **Nucleic Acids Research**, v.45, p. D331–D338, 2017.

THYS, R. C. S.; GUZZON, S. O.; CLADERA-OLIVEIRA, F.; BRANDELLI, A. Optimization of protease production by *Microbacterium* sp. In feather meal using response surface methodology. **Process Biochemistry**, v. 41, p. 67-73, 2006.

THORPE, C.; KIM, J. J. Structure and mechanism of action of the acyl-CoA dehydrogenases. **FASEB Journal**, v. 9, n. 9, p. 718-725, 1995.

TIWARI, P.; MISRA, B. N.; SANGWAN, N. S. β -glucosidases from the fungus *Trichoderma*: an efficient cellulase Machinery in Biotechnological Applications. **BioMed Research International**, v. 2013, p. 1-10, 2013.

TODA, T.; SANO, M.; HONDA, M.; RIMOLDI, O. J.; YANG, Y.; YAMAMOTO, M.; TAKASE, K.; HIROZUMI, K. Deletion analysis of the enolsase gene (*enoA*) promoter from the filamentous fungus *Aspegillus oryzae*. **Current Genetics**, v. 40, p. 260-267, 2001.

TRAN, L. H.; NAGANO, H. Isolation and characteristics of *Bacillus subtilis* CN2 and its collagenase production. **Journal of Food Science**, v. 67, n. 3, p. 1184-1187, 2002.

TREVISAN, G. L.; OLIVEIRA, E. H.; PERES, N. T.; CRUZ, A. H.; MARTINEZ-ROSSI, N. M.; ROSSI, A. Transcription of *Aspergillus nidulans* *pacC* is modulated by alternative RNA splicing of *palB*. **FEBS Letters**, v. 21, p. 3442-3445, 2011.

TRUJILLO, C.; BLUMENTHAL, A.; MARRERO, J.; RHEE, K.; SCHNAPPINGER, D.; EHRT, S. Triosephosphate Isomerase is dispensable in vitro yet essential for *Mycobacterium tuberculosis* to establish infection. **mBio**, v. 5, p. 85-14, 2014.

TUDZYNSKI, B. Nitrogen regulation of fungal secondary metabolism in fungi. **Frontiers in Microbiology**, v. 5, p. 1–16, 2014.

TYAGI, T. K.; PONNAN, P.; SINGH, P.; BANSAL, S.; BATRA, A.; COLLIN, F.; GUILLONNEAU, F.; JORE, D.; PATKAR, S. A.; SAXENA, R. K.; PARMAR, V. S.; RASTOGI, R. C.; RAJ, H. G. Moonlighting protein in *Starkeyomyces koorchalomoides*: Characterization of dihydrolipoamide dehydrogenase as a protein acetyltransferase utilizing acetoxycoumarin as the acetyl group donor. **Biochimie**, v. 91, p. 868-875, 2009.

ULLAH, A.; LOPES, M. I.; BRUL, S.; SMITS, G. Intracellular pH homeostasis in *Candida glabrata* in infection-associated conditions. **Microbiology**, v. 159, p. 803-813, 2013.

UNAL, C. M.; STEINERT, M. Microbial Peptidyl-Prolyl cis/trans isomerase (PPIases): virulence factors and potential alternative drugs targets. **Microbiology and Molecular Biology Reviews**, v. 78, p. 544-571, 2014.

UNIVERSITY OF SYDNEY. Fungal biology. Introduction to fungal ecology, 2004 Disponível em: <http://bugs.bio.usyd.edu.au/learning/resources/Mycology/Ecology/introduction.shtml> Acesso em: 20 de outubro de 2017.

VAHIDI, H.; MOJAB, F.; TAGHAVI, N. Effects of carbon sources on growth and production of antifungal agents by *Gymnopilus spectabilis*. **Iranian Journal of Pharmaceutical Research**, v. 3, p. 219-222, 2006.

VAN DEN HAZEL, H. B.; KIELLAND-BRANDT, M. C.; WINTHER, J. R. Review: biosynthesis and function of yeast vacuolar proteases. **Yeast**, v. 12, p. 1-16, 1996.

VALENCIA, E.; CHAMERGO, F. S. Mini-review: Brazilian fungi diversity for biomass degradation. **Fungal Genetics and Biology**, v. 60, p. 9-18, 2013.

VALLEJO, M. C.; NAKAYASU, E. S.; MATSUO, A. L.; SOBREIRA, T. J.; LONGO, L. V.; GANIKO, L.; ALMEIDA, I. C.; PUCCIA, R. Vesicle and vesicle-free extracellular proteome of *Paracoccidioides brasiliensis*: comparative analysis with other pathogenic fungi. **Journal Proteome Research**, v. 11, p. 1676-1685, 2012.

VALENTINE, J. S.; DOUCETTE, P. A.; ZITTIN, P. S. Copper-zinc superoxide dismutase and amyotrophic lateral sclerosis. **Annual Review Biochemistry**, v. 74, p. 563-593, 2005.

VATANAIBOON, P.; VARALUKSIT, T.; SEEANUKUN, C.; MONGKOLSUK. Transaldolase exhibits a protective role against menadione toxicity in *Xanthomonas campestris* pv. *phaseoli*. **Biochemical and Biophysical Research Communications**, v. 297, p. 968-973, 2002.

VÁZQUEZ-LASLOP, N.; TENNEY, K.; BOWMAN, B. J. Characterization of a Vacuolar Protease in *Neurospora crassa* and the Use of Gene RIPing to Generate Protease-deficient Strains. **Journal of Biological Chemistry**, v. 271, p. 21944-21949, 1996.

VENDREL, J.; QUEROL, E.; AVILÉS, E. Metalloproteases and their protein inhibitors. Structure, function and biomedical properties. **Biochimica Biophysica Acta**, v. 1477, p. 284-298, 2000.

VOLKE-SEPULVEDA, T.; SALGADO-BAUTISTA, D.; BERGAMANN, C.; WELLS, L.; GUTIERREZ-SANCHEZ, G.; FAVELA-TORRES, E. Secretomic insight into glucose metabolism of *Aspergillus brasiliensis* in solid-state fermentation. **Journal of proteome research**, v. 15, p. 3856-3871, 2016.

VORAGEN, A. G. J.; ROMBOUTS, F. M.; SEARLE-VAN LEUWEN, M. F.; SCHOLS, H. A.; PILNIK, W. The degradation of arabinans by endo-arabinanase and arabinofuranosidases purified from *Aspergillus niger*. **Food Hydrocolloids**, v. 1, n. 5, p. 423-437, 1987.

VRIES, R. P.; VISSER, J. *Aspergillus* enzymes involved in degradation of plant cell wall polysaccharides. **Microbiology and Molecular Biology Reviews**, v. 65, l. 4, p. 497-522, 2001.

XIAOJUN, F.; LIU, X.; LUO, Q.; LIU, B. F. Mass spectrometry in systems biology: an overview. **Mass Spectrometry Reviews**, v. 27, p. 635-660, 2008.

XIONG, H.; VON WEYMARN, N.; LEISOLA, M.; TURUNEN, O. Influence of pH on the production of xylanase by *Trichoderma reesei* Rut C-30. **Process Biochemistry**, v. 39, p. 729-733, 2004.

XU, H.; WEST, A. H.; COOK, P. F. Overall kinetic mechanism of saccharopine dehydrogenase from *Saccharomyces cerevisiae*. **Biochemistry**, v. 45, p. 12156-12166, 2006.

XUEYAN, G., WANG, C., DAI, W., REN, S., TAO, F., HE, X., HAN, G., WANG, W. Proteomic analysis reveals large amounts of decomposition enzymes and major metabolic pathways involved in algicidal process of *Trametes versicolor* F21a. **Scientific Reports**, v. 7, p. 1-10, 2017.

YANGYONG, L. Proteome-wide profiling of protein lysine acetylation in *Aspergillus flavus*. **PLoS One**, v. 12, p. e0178603, 1-21, 2017.

YAO, S. H.; GUO, Y.; WANG, Y. Z.; ZHANG, D.; XU, L.; TANG, W. H. A cytoplasmic Cu-Zn superoxide dismutase SOD1 contributes to hyphal growth and virulence of *Fusarium graminearum*. **Fungal Genetics and Biology**, v. 91, p. 32-42, 2016.

YIKE, I. Fungal proteases and their pathophysiological effects. **Mycopathologia**, v. 171, p. 299-323, 2011.

YIN, Z.; WILSON, S.; HAUSER, N.; TOURNU, H.; HOHEISEL, J. D.; BROWN, A. J. P. Glucose triggers different global responses in yeast, depending on the strength of the signal, and transiently stabilizes ribosomal protein mRNAs. **Molecular Microbiology**, v. 48, p. 713-724, 2003.

YOSHIDA, Y.; HASUNUMA, K. Light-dependent subcellular localization of nucleoside diphosphate kinase-1 in *Neurospora crassa*. **FEMS Microbiological Letters**, v. 261, p. 64-68, 2006.

YOSHIDA, T.; NAKAJIMA, T.; ICHISHIMA, E. Overproduction of 1,2-alpha-mannosidase, a glycochain processing enzyme, by *Aspergillus oryzae*. **Bioscience Biotechnology Biochemistry**, v. 62, p. 309-315, 1998.

YOSHIMOTO, M.; TAKAKI, N.; YAMASAKI, M. Catalase-conjugated liposomes encapsulating glucose oxidase for controlled oxidation of glucose with decomposition of hydrogen peroxide produced. **Colloids and Surfaces B: Biointerfaces**, v. 79, p. 403-408, 2010.

YU, D.; SONG, L.; WANG, W.; GUO, C. Isolation and characterization of formaldehyde-degrading fungi and its formaldehyde metabolism. **Environmental Science Pollution Research**, v. 21, p. 6016-6024, 2014.

YU, H.; RAO, X.; ZHANG, K. Nucleoside diphosphate kinase (Ndk): A pleiotropic effector manipulating bacterial virulence and adaptive responses. **Microbiological Research**, v. 205, p. 125-134, 2017.

ZÁMOCKY, M.; GASSELHUBER, B.; FURTMULLER, P. G.; OBINGER, C. Molecular evolution of hydrogen peroxide degrading enzymes. **Archives of Biochemistry and Biophysics**, v. 525, p. 131-144, 2012.

ZÁMOCKY, M.; GASSELHUBER, B.; FURTMULLER, P. G.; OBINGER, C. Turning points in the evolution of peroxidase-catalase superfamily: molecular phylogeny of hybrid heme peroxidases. **Cellular and Molecular Life Sciences**, v. 71, n. 23, p. 4681-4696, 2014.

ZAMOČKY, M.; FURTMULLER, P. G.; OBINGER, C. Two distinct groups of fungal catalase/oxidases. **Biochemical Society transactions**, v. 37, p. 772-777, 2009.

ZEILINGER, S.; KRISTUFEK, D.; ARISAN-ATAC, I.; HODITS, R.; KUBICEK, C. P. Conditions of formation, purification, and characterization of α -galactosidase of *Trichoderma reesei* RUT C-30. **Applied and Environmental Microbiology**, v. 59, p. 1347-1353, 1993.

ZHANG, Z.; HENZEL, W. Signal peptide prediction based on analysis of experimental of experimentally verified cleavage sites. **Protein Science**, v. 10, p. 2819-2824, 2004.

ZHAO, Z.; LIU, H.; WANG, C.; XU, J. R. Comparative analysis of fungal genomes reveals different plant cell wall degrading capacity in fungi. **BMC genomics**, v. 14, p. 1-15, 2013.

ZHAO, S.; ZHAO, X.; ZOU, H.; FU, J.; ZHOU, J.; CHEN, J. Comparative proteomic analysis of *Saccharomyces cerevisiae* under different nitrogen sources. **Journal Proteomics**, v. 14, p. 102-112, 2014.

ZHU, Y.; LIANG, X.; ZHANG, H.; FENG, W.; LIU, Y.; ZHANG, F.; LINHARDT, R. A comparative secretome analysis of industrial *Aspergillus oryzae* and its spontaneous mutant ZJGS-LZ-21. **International Journal of Food Microbiology**, v. 249, p. 1-9, 2017.

ZIVERI, J.; TROS, F.; GUERRERA, I. C.; CHHUON, C.; AUDRY, M.; DUPUIS, M.; KORNIOTIS, S.; FILLATREAU, S.; GALES, L.; CAHOREAU, E.; CHARBIT, A. The

metabolic enzyme fructose-1,6-biphosphate aldolase acts as a transcriptional regulator in pathogenic *Francisella*. **Nature Communications**, v. 8, p. 835, 2017.

WANG, G.; YU, X.; CUI, J.; GU, Z.; SONG, Y.; CHEN, Y. Q.; CHEN, H.; ZHANG, H.; CHEN, W. The roles of moonlighting proteins in bacteria. **Current Issues Molecular Biology**, v. 16, p. 15-22, 2013.

WANG, H.; LUO, H.; LI, L.; BAI, Y.; HUANG, H.; SHI, P.; FAN, Y.; YAO, B. An α -galactosidase from an acidophilic *Bispora* sp. MEY-1 strain acts synergistically with β -mannanase. **Bioresource technology journal**, v. 101, p. 8376–8382, 2010.

WANG, J.; LI, S. Catalytic mechanism of 6-phosphogluconate dehydrogenase: a theoretical investigation. **The Journal of Physical Chemistry B**, v. 110, p. 7029-7035, 2006.

WANG, N.; YOSHIDA, Y.; HASUNUMA, K. Catalase-1 (CAT-1) and nucleoside diphosphate kinase-1 (NDK-1) play an important role in protecting conidial viability under light stress in *Neurospora crassa*. **Molecular Genetics and Genomics**, v. 278, p. 235-242, 2007.

WANG, X.; WANG, L.; REN, Q.; YIN, S.; LIANG, F.; JIA, Y. Two superoxide dismutases (SODs) respond to bacterial challenge identified in the marbled eel *Anguilla marmorata*. **Aquaculture**, v. 451, p. 316-325, 2016.

WARD, O. P.; QIN, W. M.; DHANJOON, J.; YE, J.; SINGH, A. Physiology and Biotechnology of *Aspergillus*. **Advances in Applied Microbiology**, v. 58, p. 1-75, 2005.

WARD, O. P. Production of recombinant proteins by filamentous fungi. **Biotechnology Advances**, v. 30, p. 1119-1139, 2012.

WATANABE, T.; IROKAWA, H.; OGASAWARA, A.; IWAI, K.; KUGE, S. Requirement of peroxiredoxin on the stationary phase of yeast cell growth. **The Journal of Toxicological Sciences**, v. 39, p. 51-58, 2014.

WEBER, S. S.; PARENTE, A. F. A.; BORGES, C. L.; PARENTE, J. A.; BAILÃO, A. M.; SOARES, C. M. A. Analysis of the Secretomes of *Paracoccidioides* Mycelia and Yeast Cells. **PLOS One**, v. 7, p. 1-19, 2012.

WEFERS, D.; DONG, J.; ABDEL-HAMID, A. M.; PAUL, H. M.; PEREIRA, G. V.; HAN, Y.; DODD, D.; BASKARAN, R.; MAYER, B.; MACKIE, R. I.; CANN, I. Enzymatic Mechanism for Arabinan Degradation and Transport in the Thermophilic Bacterium *Caldanaerobius polysaccharolyticus*. **Applied and Environmental Microbiology**, v. 83, p. 1-18, 2017.

WIERENGA, R. K.; KAPETANIOU, E. G.; VENKATESAN, R. Triosephosphate isomerase: a highly evolved biocatalyst. **Cellular and Molecular Life Sciences**, v. 67, p. 3961-3982, 2010.

WILKINS, M. R.; GOOLEY, A. A. **Protein Identification in Proteome Projects**. Berlin Heidelberg New York, Springer-Verlag. 1997.

WILLIAMS, J. The decomposition of hydrogen peroxide by liver catalase. **Journal General Physiology**, v. 20, p. 309-337, 1928.

WILSON, R. A.; JENKINSON, J. M.; GIBSON, R. P.; LITTLECHILD, J. A.; WANG, Z. Y.; TALBOT, N. J. Tps1 regulates the pentoses phosphate pathway, nitrogen metabolism and fungal virulence. **The EMBO Journal**, v. 15, p. 3673-3685, 2007.

WINTER, B.H.; TITZE, K.; MARSCHNER, V. Application of phospholipases in the edible oil industry. **European Journal of Lipid Science and Technology**, v. 100, p.152–156, 1998.

WINTERBERG, B.; FALL, L.A.D.; SONG, X.; PASCOVICI, D.; CARE, N.; MOLLOY, M.; OHMS, S.; SOLOMON, P.S. The necrotrophic effector protein SnTox3 reprograms metabolism and elicits a strong defence response in susceptible wheat leaves. **BMC Plant Biology**, v.14, 215, 2014.

WITTEVEEN, C. F.; VISSER, J. Polyol pools in *Aspergillus niger*. **FEMS Microbiology Letters**, v. 134, p. 57-62, 1995.

WRIGHT, J. C.; SUDGEN, D.; FRANCIS-MCLNTYRE, S.; RIBA-GRACIA, I.; GASKELL, S. J.; GRIGORIEV, I. V.; BEYNON, R. J.; HUBBARD, S. J. Exploiting proteomic data for genome annotation and gene model validation in *Aspergillus niger*. **BMC Genomics**, v. 10, p. 1-14, 2009.

WU, C. W.; WU, X.; WEN, C.; PENG, B.; PENG, X. X.; CHEN, X.; HUI, L. Fructose promotes growth and antifungal activity of *Penicillium citrinum*. **Protein Cell**, v. 7, p. 527-532, 2016.

WU, Z.; YANG, Z.; GAN, D.; FAN, J.; DAI, Z.; WANG, X.; HU, B.; YE, H.; MUHAMMAD, A.; XIAOXIONG, Z. Influences of carbon sources on the biomass, production and compositions of exopolysaccharides from *Paecilomyces hepiali* HN1. **Biomass Bioenergy**, v. 67, p. 260-269, 2014.

WUBBEN, J. P.; TEN HAVEN, A.; VAN KAN, J. A.; VISSER, J. Regulation of endopolygalacturonase gene expression in *Botrytis cinerea* by galacturonic acid, ambient pH and carbon catabolite repression. **Current Genetics**, v. 37, p. 152-157, 2000.

WYNN, J. P.; HAMID, A. B. A.; RATLEDE, C. The role of malic enzyme in the regulation of lipid accumulation in filamentous fungi. **Microbiology**, v. 145, p. 1911-1917, 1999.