

RESSALVA

Atendendo solicitação do(a) autor(a), o texto completo desta dissertação será disponibilizado somente a partir de 13/07/2018.

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA
FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E VETERINÁRIAS
CAMPUS DE JABOTICABAL**

**POTENCIAL BIOTECNOLÓGICO DE UM METAGENOMA
DE SOLO SOB CULTIVO DE CANA-DE-AÇÚCAR COM
VISTAS NA DEGRADAÇÃO DA BIOMASSA VEGETAL**

André Ferreira de Camargo

BIÓLOGO

2016

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA
FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E VETERINÁRIAS
CAMPUS DE JABOTICABAL**

**POTENCIAL BIOTECNOLÓGICO DE UM METAGENOMA
DE SOLO SOB CULTIVO DE CANA-DE-AÇÚCAR COM
VISTAS NA DEGRADAÇÃO DA BIOMASSA VEGETAL**

André Ferreira de Camargo

Orientador: Prof. Dr. Jackson Antônio Marcondes de Souza

Dissertação apresentada à Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias – Unesp, Câmpus de Jaboticabal, como parte das exigências para a obtenção do título de Mestre em Microbiologia Agropecuária.

2016

C172p Camargo, André Ferreira de
Potencial biotecnológico de um metagenoma de solo sob cultivo
de cana de açúcar com vistas na degradação da biomassa vegetal /
André Ferreira de Camargo. -- Jaboticabal, 2016
xvi, 92 p. : il. ; 29 cm

Dissertação (mestrado) - Universidade Estadual Paulista,
Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, 2016
Orientador: Jackson Antônio Marcondes de Souza
Co-orientadora: Karla Cristina Stropa Goulart
Banca examinadora: Alessandro de Mello Varani, Maria de
Lourdes Teixeira de Moraes Polizeli
Bibliografia

1. Glicosil hidrolases. 2. Celulases. 3. Hemicelulases. 4.
Metagenômica. 5. Etanol 2G. I. Título. II. Jaboticabal-Faculdade de
Ciências Agrárias e Veterinárias.

CDU 576.8:633.61

Ficha catalográfica elaborada pela Seção Técnica de Aquisição e Tratamento da Informação
– Serviço Técnico de Biblioteca e Documentação - UNESP, Câmpus de Jaboticabal.

CERTIFICADO DE APROVAÇÃO

TÍTULO DA DISSERTAÇÃO: POTENCIAL BIOTECNOLÓGICO DE UM METAGENOMA DE SOLO SOB CULTIVO DE CANA-DE-AÇÚCAR COM VISTAS NA DEGRADAÇÃO DA BIOMASSA VEGETAL


AUTOR: ANDRÉ FERREIRA DE CAMARGO

ORIENTADOR: JACKSON ANTONIO MARCONDES DE SOUZA

Aprovado como parte das exigências para obtenção do Título de Mestre em MICROBIOLOGIA AGROPECUÁRIA, pela Comissão Examinadora:



Prof. Dr. JACKSON ANTONIO MARCONDES DE SOUZA
Departamento de Biologia Aplicada à Agropecuária / FCAV / UNESP - Jaboticabal



Prof. Dr. ALESSANDRO DE MELLO VARANI
Departamento de Tecnologia / FCAV / UNESP - Jaboticabal



Profa. Dra. MARIA DE LOURDES TEIXEIRA DE MORAES POLIZELI
Departamento de Biologia / Faculdade de Filosofia Ciências e Letras - USP - Ribeirão Preto

Jaboticabal, 13 de julho de 2016

DADOS CURRICULARES DO AUTOR

André Ferreira de Camargo – nascido em 5 de março de 1992, no município de São Simão, estado de São Paulo. Ingressou no curso de Ciências Biológicas na Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias da Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” (UNESP), Câmpus de Jaboticabal, em fevereiro de 2010, recebendo o título de bacharel em Ciências Biológicas em fevereiro de 2013. Durante a graduação, participou por dois anos da comissão organizadora da X e XI Jornada Anual Biológica da Unesp (JABU) – gestão 2011/2012. Foi bolsista do Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), no ano de 2011, e bolsista da Fundação de Amparo à Pesquisa no Estado de São Paulo (FAPESP), no período de 2012/2013. Em março de 2014 ingressou no curso de mestrado no programa de pós-graduação em Microbiologia Agropecuária da FCAV/UNESP/Jaboticabal sob orientação do Prof. Dr. Jackson Antônio Marcondes de Souza.

“Só existem dois dias no ano que nada pode ser feito. Um se chama ontem e o outro se chama amanhã, portanto hoje é o dia certo para amar, acreditar, fazer e principalmente viver.”

Dalai Lama

A Deus, aos meus pais, Ismael e Sônia, aos meus irmãos Jorge, Lidi e Ju, a vocês que vivem e lutam comigo e por mim sempre, dedico.

AGRADECIMENTOS

Primeiramente a Deus que me permitiu trilhar este caminho e superar todas as dificuldades e desafios que surgiram, nunca me deixando desamparado. Sou eternamente grato pela presença, pelo amor incondicional, pelas pessoas que colocou em meu caminho e que muito me auxiliaram e pelas aprendizagens que adquiri durante este tempo.

Aos meus amados pais, Ismael e Sônia, sempre presentes independente das circunstâncias, meus sinceros agradecimentos. Obrigado por tudo, por tanta atenção e zelo, presença, amor e alegria que me proporcionam. Obrigado por assim serem, sempre me fortalecendo e me servindo de espelho e ponto de reflexão para continuar seguindo na vida e ajudar a tornar este mundo um lugar melhor. Obrigado por existirem e me fazer sentir tão seguro, certo de que estarão presentes sempre que precisar.

Aos meus irmãos Jorge, Lidi e Ju e suas famílias, obrigado pelos conselhos, abraços, sorrisos, bolos, almoços e por toda atenção e por tudo de bom que me proporcionam, que Deus possa retribuir-lhes tanta generosidade!

À minha amada avó Olga, *in memoriam*, por todas as orações.

A todos os meus familiares, pelas conversas e conselhos que sempre me auxiliam, dão respaldo e aconselham, muito obrigado!

Aos meus amados amigos de Luiz Antônio, ao grupo de jovens UM, por todas as orações, conversas e pensamentos positivos de sempre!! Que consigamos caminhar sempre na unidade! Muito obrigado!

Aos meus amigos da Rep. Tua Ksa, muito obrigado pela convivência animada e tranquila do dia a dia, por toda compreensão, silêncios, filmes, festas e conversas que me ajudaram nesta trajetória. Sou muito grato por tê-los conhecido e por tê-los como amigos, como irmãos que muito estimo. Um forte abraço a todos!

A todos os meus amigos de laboratório, em especial à Karla, ao Omori, ao Valter, ao Barbeta e, por fim, mas não menos importante, ao Claudio. Amigos que agradeço a Deus por tê-los e que me ajudaram de forma inestimável durante esta caminhada, me ajudando nas correções, ideias, idas e vindas, conversas e momentos de descontração. Meus sinceros agradecimentos a vocês!! Que Deus possa abençoar, conservar e multiplicar sempre!

Ao Prof. Dr. Daniel Pinheiro e ao Msc. Wellington Omori pelas colaborações e aprendizagens em bioinformática.

À Profa. Dra. Eliana Lemos, ao LBMP, ao LGA e ao meu orientador Prof. Dr. Jackson A. Marcondes de Souza, primeiramente pela oportunidade de aprendizagem e desenvolvimento, e também por todas as contribuições e colaborações ao longo destes anos de contato.

A todos que contribuíram direta ou indiretamente para a execução deste trabalho.

SUMÁRIO

RESUMO.....	xii
ABSTRACT	xiii
Lista de Figuras.....	xiv
Lista de Tabelas	xvi
1 INTRODUÇÃO.....	17
1.1 Aproveitamento de recursos da indústria sucroalcooleira com vistas na produção de energia	17
2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	21
2.1 Biomassa como fonte de energia renovável	21
2.2 Composição da biomassa lignocelulósica e energia renovável	23
2.2.1 Celulose.....	24
2.2.2 Hemicelulose	25
2.2.3 Lignina	27
2.2.4 Pectina.....	27
2.3 Características das enzimas lignocelulolíticas	28
2.3.1 Celulases.....	29
2.3.2 Hemicelulases	32
2.3.3 Módulo de ligação a carboidratos (CBM).....	33
2.3.4 Atividades Auxiliares (AA) e Carboidrato Esterase (CE)	34
2.3.5 Micro-organismos como fonte de enzimas	34
2.4 Metagenômica.....	35
3 OBJETIVOS.....	38
3.1 Objetivos específicos	38
4 MATERIAL E MÉTODOS	39
4.1 Coleta de solo e extração do DNA metagenômico da amostra	39
4.2 Montagem da biblioteca, sequenciamento <i>high throughput</i> e tratamento das <i>reads</i>	39
4.2.1 Amostra comparativa e obtenção dos dados taxonômicos e funcionais.....	40
4.2.2 Montagem dos dados do metagenoma e obtenção dos novos perfis taxonômico e funcional	41
5 RESULTADOS	44
5.1 Sequenciamento, validação da biblioteca metagenômica e processamento das <i>reads</i>	44

5.2	Quantidade de sequências (<i>reads</i>) resultantes do sequenciamento e comparação do perfil de qualidade das <i>reads</i> antes e após o processamento das mesmas.....	45
5.3	Perfil metagenômico da distribuição taxonômica da comunidade microbiana de solo sob cultivo de cana-de-açúcar (SA) comparado ao metagenoma de Floresta Tropical (FT) através do MG-RAST.....	48
5.4	Perfil funcional metagenômico da comunidade microbiana de solo sob cultivo de cana-de-açúcar (SA) comparado ao metagenoma de Floresta Tropical (FT) através do MG-RAST	49
5.5	Montagem dos dados metagenômicos.....	51
5.6	Perfil taxonômico do metagenoma de solo após montagem dos dados	51
5.7	Enzimas envolvidas na degradação da biomassa lignocelulósica identificadas nos dados montados do metagenoma da comunidade microbiana do solo sob cultivo de cana-de-açúcar	53
6	DISCUSSÃO.....	59
6.1	Distribuição taxonômica do metagenoma das comunidades microbianas presentes em solo sob cultivo de cana-de-açúcar (SA) e floresta tropical (FT).....	59
6.2	Perfil funcional do metagenoma da comunidade microbiana do solo sob cultivo de cana-de-açúcar voltado à degradação do material lignocelulósico	63
6.2.1	Relação das classes de micro-organismos e suas atuações no processo de degradação da biomassa lignocelulósica.....	67
6.2.2	Outras classes de enzimas envolvidas na degradação da biomassa vegetal	69
6.3	Perspectivas futuras.....	70
7	CONCLUSÃO	73
8	REFERÊNCIAS	74

POTENCIAL BIOTECNOLÓGICO DE UM METAGENOMA DE SOLO SOB CULTIVO DE CANA-DE-AÇÚCAR COM VISTAS NA DEGRADAÇÃO DA BIOMASSA VEGETAL

RESUMO – Indústrias e governos buscam pela obtenção de biocombustível celulósico, entretanto a desconstrução do arranjo lignocelulósico para obtenção de açúcares livres de forma eficiente e economicamente viável ainda é um grande desafio. Avanços conquistados através da metagenômica ressaltam sua aplicação como alternativa para compreender e desvendar o grande potencial metabólico presente nos ambientes a fim de superar tais desafios. Contudo, ainda são poucos os trabalhos voltados à cana-de-açúcar. O solo trata-se da maior fonte microbiana de todo o planeta, sendo essa biodiversidade ainda desconhecida, esta comunidade microbiana fornece um ponto de partida para a exploração de novas enzimas responsáveis para a degradação de biomassa vegetal. Este trabalho buscou acessar o panorama do perfil taxonômico e funcional do metagenoma da comunidade microbiana presente em solo sob cultivo de cana-de-açúcar contendo palhada sobre o mesmo, possuindo como foco enzimas envolvidas na hidrólise de materiais lignocelulósicos. Os dados encontrados demonstraram uma variedade de famílias enzimáticas envolvidas na degradação do complexo lignocelulósico. Verificou-se a presença de 27 famílias de *Glycoside Hydrolases* (GH), 21 famílias de *Carbohydrate-Binding Module* (CBM), 11 famílias de *Carbohydrate Esterases* (CE) e 4 famílias de *Auxiliary Activities* (AA). Os filos mais abundantes neste ambiente foram Proteobacteria e Actinobacteria, possuindo o último reconhecida importância industrial dadas suas enzimas com resistências a variações de pH e temperatura. Tal comunidade microbiana apresentou um grande potencial como fonte de enzimas promissoras para a pesquisa na construção de coquetéis enzimáticos voltados à degradação do material lignocelulósico para obtenção otimizada do etanol celulósico.

Palavras-chave: glicosil hidrolases, celulasas, hemicelulasas, metagenômica, etanol

BIOTECHNOLOGICAL POTENTIAL IN A SOIL METAGENOME UNDER SUGARCANE CULTIVATION VIEWING THE DEGRADATION OF PLANT BIOMASS

ABSTRACT – Industries and governments seek for obtaining cellulosic biofuel, but the deconstruction of lignocellulosic arrangement to obtain free sugars efficiently and economically viable is still a big challenge. Advances made by metagenomics emphasize their application as an alternative to understand and unravel the great metabolic potential present in the environment in order to overcome such challenges. However, there are few studies related to sugarcane. The soil is the largest source of microbial whole planet, and its biodiversity still unknown, this microbial community provides a starting point for the exploration of new enzymes responsible for the degradation of plant biomass. This study aimed to access the overview of taxonomic and functional profile of the metagenome of soil under sugarcane cultivation containing straw on it, having focused on enzymes involved in the hydrolysis of lignocellulosic materials. The soil metagenome under sugarcane cultivation showed a variety of enzyme families involved in the degradation of the lignocellulosic complex. The presence of 27 Glycoside Hydrolases (GH) families, 21 Carbohydrate-Binding Module (CBM) families, 11 Carbohydrate Esterases (CE) families and 4 Auxiliary Activities (AA) families has been verified. Proteobacteria and Actinobacteria were the abundest phyla in this environment, which the last has recognized industrial importance given their enzymes with resistance to changes in pH and temperature. Such microbial community showed great potential as a source of promising enzymes for research regarding the construction of enzyme cocktails facing degradation of lignocellulosic material to reach the optimized cellulosic ethanol production.

Keywords: glycosyl hydrolases, cellulases, hemicellulases, metagenomic, 2G ethanol

LISTA DE FIGURAS

- Figura 1.** Percentual de área total de cana-de-açúcar por região.....p. 21
- Figura 2.** Os principais componentes e estrutura da lignocelulose das células vegetais.....p.24
- Figura 3.** Representação esquemática dos grupos enzimáticos envolvidos na hidrólise (celulossoma) das frações celulose (A) e hemicelulose (B) do complexo lignocelulósico.....p.29
- Figura 4.** Mecanismo de ação das enzimas que atuam na degradação da celulose.....p. 31
- Figura 5.** Mecanismo de ação de enzimas que atuam na degradação da hemicelulose.....p.32
- Figura 6.** Eletroforese do DNA metagenômico da comunidade microbiana de solo sob cultivo de cana-de-açúcar contendo o padrão de fragmentos com cerca de 300 kb (~80 segundos) originados para a construção da biblioteca para o sequenciamento.....p. 44
- Figura 7.** Validação da qualidade da montagem da biblioteca para o sequenciamento. Fragmentos com cerca de 300 pb (80 segundos) após a quebra mecânica do DNA metagenômico de solo sob cultivo de cana-de-açúcar.....p. 45
- Figura 8.** Perfil de qualidade *phred* das sequências R1 analisado antes o processamento das mesmas.....p. 46
- Figura 9.** Perfil de qualidade *phred* das sequências R1 analisado após o processamento das mesmasp. 46
- Figura 10.** Perfil de qualidade *phred* das sequências R2 analisado antes o processamento das mesmasp. 47

- Figura 11.** Perfil de qualidade *phred* das sequências R2 obtido após o processamento das mesmasp. 47
- Figura 12.** Perfis taxonômicos a nível de Filos das amostras dos metagenomas SA e FT, processados no servidor MG-RAST. Abundâncias com diferenças significativas ($P < 0.05$) calculadas no programa STAMP v. 2.1.3.....p. 49
- Figura 13.** Perfil funcional no nível 1 dos metagenomas SA e FT, originado a partir do servidor MG-RAST e estatisticamente analisado pelo programa STAMP v. 2.1.3. *($P < 0.05$)p. 50
- Figura 14.** Distribuição taxonômica a nível de filo do metagenoma da comunidade microbiana em relação ao domínio *Bacteria* presente em solo sob cultivo de cana-de-açúcarp. 52
- Figura 15.** Atribuição taxonômica a nível de filo das sequências montadas que apresentaram as famílias de GHs.....p. 57
- Figura 16.** Via da degradação lignocelulósica e da pectina e suas enzimas relacionadas encontradas no metagenoma de solo sob cultivo de cana-de-açúcar.....p. 58

LISTA DE TABELAS

- Tabela 1.** Composição de algumas plantas com potencial prospectivo para bioenergia.....p. 18
- Tabela 2.** Comparação dos dados pré e pós processamento das reads agrupadas em R1 e R2.....p. 45
- Tabela 3.** Resultado da montagem dos dados sequenciados através do *software* IDBA-UD v.1.1.2 (PENG et al., 2012).....p. 51
- Tabela 4.** Distribuição taxonômica dos domínios do metagenoma da comunidade microbiana presente em solo sob cultivo de cana-de-açúcar (SA).....p. 52
- Tabela 5.** Composição de Filos que apresentaram frequência menor que 1% listados em ordem decrescente de abundânciap. 53
- Tabela 6.** Famílias de GHs e suas respectivas funções encontradas no metagenoma da comunidade microbiana presente em solo sob cultivo de cana-de-açúcar.....p. 55

1 INTRODUÇÃO

1.1 Aproveitamento de recursos da indústria sucroalcooleira com vistas na produção de energia

Atualmente a crescente demanda por energias renováveis de baixo custo e de baixa emissão de poluentes em escala mundial tem sido atendida apenas pelo etanol obtido através da cana-de-açúcar, em que tal combustível emite cerca de 60% menos poluentes frente à queima da gasolina, além do fato de que a produção de CO₂ é ainda absorvida pela própria cana-de-açúcar (CANILHA et al., 2010; SANTOS et al., 2012). Desta forma, a utilização de etanol de cana-de-açúcar, além de tratar-se de uma via alternativa na substituição dos combustíveis fósseis de forma viável e de diminuir a dependência externa de energia, propicia notáveis benefícios ambientais quando comparada às outras opções de combustíveis (CANILHA et al., 2010).

O Brasil é um país de importante papel no cenário agrícola mundial atuando como um dos principais fornecedores de alimento e matéria-prima para mundo. O Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento, nas projeções para o Agronegócio de 2014/2015 a 2024/2025, prevê o constante crescimento deste setor pautado na sustentabilidade ambiental, aumento de produtividade da terra de modo a preservar o meio ambiente, entre outros meios a serem adotados, a fim de proporcionar maior qualidade de vida à sociedade brasileira (MAPA, 2015).

Sendo cultivada em todos os estados do país a cana-de-açúcar consiste em uma das principais culturas nos solos brasileiros, sendo o Brasil o maior produtor de cana-de-açúcar mundial (CONAB, 2016). Da produção de açúcar e etanol resulta uma grande quantidade de biomassa, a qual é a soma do bagaço de cana-de-açúcar após moída e a palhada resultante da colheita mecanizada. Este montante de biomassa tem sido encaminhado a duas vias nas usinas: à cogeração de energia, a bioeletricidade e ao plantio direto, trazendo benefícios ao solo (CARVALHO et al., 2012).

Uma vez que esta biomassa se trata de uma rica fonte de açúcar, nos últimos anos o meio acadêmico tem investido esforços no aproveitamento mais nobre e racional dessa biomassa a partir de sua conversão em açúcares fermentescíveis às

leveduras com a finalidade de gerar maior quantidade de etanol com o benefício de não possuir necessidade de aumento de área de cultivo, processo denominado etanol de segunda geração (ZHENG et al., 2009; SANTOS et al., 2012). Partindo-se dos resíduos agrícolas, fontes renováveis, o etanol de segunda geração se apresenta como uma importante alternativa frente aos combustíveis fósseis. Em função da grande quantidade de biomassa vegetal disponível e de sua composição rica em polissacarídeos, o bagaço de cana-de-açúcar se traduz em um substrato favorável às biorrefinarias (CHANDEL et al., 2012), as quais têm como um dos principais objetivos, a separação das frações celulose, hemicelulose e lignina (ISIKGOR e BECER, 2015).

A palhada da cana-de-açúcar se destaca como fonte energética frente aos outros resíduos lignocelulósicos, uma vez que suas características a tornam propícias a sua utilização na geração de calor, eletricidade e na geração de etanol celulósico. Esta palhada tende a possuir um importante papel como matéria-prima na geração de etanol combustível (Tabela 1) (CARROL e SOMERVILLE, 2009; SANTOS et al., 2012).

Tabela 1. Composição de algumas plantas com potencial prospectivo para bioenergia (CARROL & SOMERVILLE, 2009).

Fonte	Celulose	Lignina	Xilana	Manana	Galactana	Arabinana	Ácido Urônico
Cana-de-açúcar (bagaço)	39,01	23,09	22,05	0,35	0,46	2,06	2,16
Milho (palhada)	37,69	18,59	21,61	0,38	0,87	2,42	2,99
Trigo (palhada)	32,64	16,85	19,22	0,31	0,75	2,35	2,24
Pinheiro (Monterey)	41,70	25,90	5,90	10,70	2,40	1,60	2,50
Eucalipto	48,07	26,91	10,42	1,23	0,74	0,30	4,07

Como traz Ripoli (2000), uma tonelada de palhada é equivalente a cerca de 1,2 a 2,8 barris de petróleo, logo o não aproveitamento deste material é um desperdício energético. Levando em conta a complexidade estrutural da matriz lignocelulósica, para garantir a competitividade e sustentabilidade da produção de bioetanol, se torna imprescindível o pré-tratamento da mesma a fim de acelerar a desconstrução deste arranjo antes que o mesmo siga às próximas etapas: hidrólise enzimática, fermentação e destilação (DAVIS et al., 2015; JIA et al., 2015).

O interesse nesta área de pesquisa é dado em função das dificuldades encontradas nas etapas de tratamento prévio da biomassa lignocelulósica visando o alcance dos monômeros passíveis de fermentação. Tal processo, de maneira geral, é considerado economicamente dispendioso. É necessário, pois, o surgimento de processos economicamente viáveis para que haja o aproveitamento otimizado desta biomassa (SIQUEIRA et al., 2010).

Ainda como grande barreira para a produção industrial se encontra a ineficiência enzimática no processo de sacarificação celulósica da parede celular vegetal (MAICHE e HUBER, 2010) atrelada aos custos ainda elevados demandados pela utilização destas enzimas. A prospecção de novas enzimas especializadas na degradação da biomassa vegetal se apresenta como uma promissora alternativa para a superação deste desafio (HESS et al., 2011), haja vista que a mesma apresenta elevada capacidade de integração nas instalações industriais existentes (MUSSATTO et al., 2010). Uma vez que o solo se trata do ambiente mais biodiverso do planeta e uma fonte de inúmeros recursos biomoleculares (NIELSEN, WALL e SIX, 2015), a prospecção por estas enzimas neste ambiente tem sido reportada (LÓPEZ-MONDÉJAR et al., 2016).

Sendo assim, através do acesso ao DNA metagenômico da comunidade microbiana presente em solo sob cultivo de cana-de-açúcar e seu subsequente sequenciamento conduzido na plataforma Illumina® (NGS – *Next Generation Sequencing*), o presente trabalho se propôs a levantar o potencial metabólico desta comunidade por meio da busca por enzimas associadas à degradação da biomassa lignocelulósica, bem como relacionar quais os grupos de micro-organismos estão relacionados a este processo de desramificação da biomassa vegetal.

Inicialmente, através do MG-RAST (*Rapid Annotation using Subsystems Technology for Metagenomes*) (MEYER et al., 2008) realizou-se um levantamento prévio da composição taxonômica e funcional do metagenoma da comunidade microbiana presente em solo sob cultivo de cana-de-açúcar, levantamento este que foi realizado juntamente com dados metagenômicos de floresta atlântica a título de comparação.

Posteriormente, os dados metagenômicos do ambiente de cana-de-açúcar foram trabalhados de modo a permitir a montagem genômica a partir das *reads* resultantes do sequenciamento, a qual foi então analisada.

7 CONCLUSÃO

A comunidade microbiana presente no solo sob cultivo de cana-de-açúcar apresentou um grande potencial como fonte de enzimas promissoras para a pesquisa na construção de coquetéis enzimáticos voltados à degradação do material lignocelulósico. Isto foi verificado, haja vista a variabilidade de enzimas presente nesta comunidade e suas respectivas associações taxonômicas, as quais revelaram significativa presença do filo Actinobacteria, o qual é sabido possuir enzimas interessantes relacionadas a processos de hidrólise enzimática. Desta forma, esta pesquisa abre perspectivas otimistas para investigações em busca de enzimas alternativas com características biotecnológicas aplicáveis para a hidrólise enzimática da biomassa vegetal.

8 REFERÊNCIAS

ADEGBOYE, MOBOLAJI FELICIA; BABALOLA, OLUBUKOLA OLURANTI. Taxonomy and ecology of antibiotic producing *actinomycetes*. **African Journal of Agricultural Research**, v. 7, n. 15, p. 2255-2261, 2012. Disponível em:<<http://dx.doi:10.5897/AJARX11.071>>.

ADEN, A.; FOUST, T. Technoeconomic analysis of the dilute sulfuric acid and enzymatic hydrolysis process for the conversion of corn stover to ethanol. **Cellulose**, v. 16, n. 4, p. 535-545, 2009. Disponível em:<<http://dx.doi:10.1007/s10570-009-9327-8>>.

ALVIRA, P.; NEGRO, M. J.; BALLESTEROS, M. Effect of endoxylanase and α -L-arabinofuranosidase supplementation on the enzymatic hydrolysis of steam exploded wheat straw. **Bioresource technology**, v. 102, n. 6, p. 4552-4558, 2011. Disponível em:<<http://dx.doi:10.1016/j.biortech.2010.12.112>>.

ANDREWS, SIMON. FastQC: A quality control tool for high throughput sequence data. **Reference Source**, 2010.

ARO, N.; PAKULA, T.; PENTTILÄ. Transcriptional regulation of plant cell wall degradation by filamentous *fungi*. **FEMS Microbiology Reviews**, v. 29, n. 4, p. 719-739, 2005. Disponível em:<<http://dx.doi.org/10.1016/j.femsre.2004.11.006>>.

BAO, E.; JIANG, T.; KALOSHIAN, I.; GIRKE, T. SEED: efficient clustering of next-generation sequences. **Bioinformatics**, v. 27, n. 18, p. 2502-2509, 2011. Disponível em:<<http://dx.doi:10.1093/bioinformatics/btr447>>.

BARRAL, P.; SUÁREZ, C.; BATANERO, E.; ALFONSO, C.; DE DIOS ALCHÉ, J.; RODRÍGUEZ-GARCÍA, M. I.; VILLALBA, M.; RIVAS, G.; RODRÍGUEZ, R. An olive pollen protein with allergenic activity, Ole e 10, defines a novel family of carbohydrate-binding modules and is potentially implicated in pollen germination. **Biochemical Journal**, v. 390, n. 1, p. 77-84, 2005. Disponível em:<<http://dx.doi:10.1042/BJ20050456>>.

BEG, Q. K.; KAPOOR, M.; MAHAJAN, L.; HOONDAL, G. S. Microbial xylanases and their industrial applications: a review. **Applied microbiology and biotechnology**, v. 56, n. 3-4, p. 326-338, 2001. Disponível em:<<http://dx.doi:10.1007/s002530100704>>.

BEG, Q.; KAPOOR, M.; MAHAJAN, L.; HOONDAL, G. S. Microbial xylanases and their industrial applications: a review. **Applied microbiology and biotechnology**, v. 56, n. 3-4, p. 326-338, 2001. Disponível em:<<http://dx.doi:10.1007/s002530100704>>.

BERLIN, A.; MAXIMENKO, V.; GILKES, N.; SADDLER, J. Optimization of enzyme complexes for lignocellulose hydrolysis. **Biotechnology and Bioengineering**, v. 97, n. 2, p. 287-296, 2007. Disponível em:<<http://dx.doi:10.1002/bit.21238>>.

BHAT, M.; BHAT, S. Cellulose degrading enzymes and their potential industrial applications. **Biotechnology Advances**, v. 15, n. 3-4, p. 583-620, 1997. Disponível em: <[http://dx.doi:10.1016/S0734-9750\(97\)00006-2](http://dx.doi:10.1016/S0734-9750(97)00006-2)>.

BIELY, Peter. Microbial carbohydrate esterases deacetylating plant polysaccharides. **Biotechnology advances**, v. 30, n. 6, p. 1575-1588, 2012. Disponível em: <<http://dx.doi:10.1016/j.biotechadv.2012.04.010>>.

BNDES. **Bioetanol de Cana-de-açúcar. Energia para o Desenvolvimento Sustentável**. BNDES, Rio de Janeiro. 2008. Disponível em: <http://www.bioetanoldecana.org>. Acesso: 15 mai. 2014.

BORASTON, A. B.; BOLAM, D. N.; GILBERT, H. J.; DAVIES, G. J. Carbohydrate-binding modules: fine-tuning polysaccharide recognition. **Biochemical Journal**, v. 382, n. 3, p. 769-781, 2004. Disponível em: <<http://dx.doi:10.1042/BJ20040892>>.

BRADNAM, K. R.; FASS, J. N.; ALEXANDROV, A.; BARANAY, P.; BECHNER, M.; BIROL, I.; BOISVERT, S.; CHAPMAN, J. A.; CHAPUIS, G.; CHIKHI, R.; CHITSAZ, H.; CHOU, W. C.; CORBEIL, J.; DEL FABBRO, C.; DOCKING, T. R.; DURBIN, R.; EARL, D.; EMRICH, S.; FEDOTOV, P.; FONSECA, N. A.; GANAPATHY, G.; GIBBS, R. A.; GNERRE, S.; GODZARIDIS, E.; GOLDSTEIN, S.; HAIMEL, M.; HALL, G.; HAUSSLER, D.; HIATT, J. B.; HO, I. Y.; HOWARD, J.; HUNT, M.; JACKMAN, S. D.; JAFFE, D. B.; JARVIS, E. D.; JIANG, H.; KAZAKOV, S.; KERSEY, P. J.; KITZMAN, J. O.; KNIGHT, J. R.; KOREN, S.; LAM, T. W.; LAVENIER, D.; LAVIOLETTE, F.; LI, Y.; LI, Z.; LIU, B.; LIU, Y.; LUO, R.; MACCALLUM, I.; MACMANES, M. D.; MAILLET, N.; MELNIKOV, S.; NAQUIN, D.; NING, Z.; OTTO, T. D.; PATEN, B.; PAULO, O. S.; PHILLIPPY, A. M.; PINA-MARTINS, F.; PLACE, M.; PRZYBYLSKI, D.; QIN, X.; QU, C.; RIBEIRO, F. J.; RICHARDS, S.; ROKHSAR, D. S.; RUBY, J. G.; SCALABRIN, S.; SCHATZ, M. C.; SCHWARTZ, D. C.; SERGUSHICHEV, A.; SHARPE, T.; SHAW, T. I.; SHENDURE, J.; SHI, Y.; SIMPSON, J. T.; SONG, H.; TSAREV, F.; VEZZI, F.; VICEDOMINI, R.; VIEIRA, B. M.; WANG, J.; WORLEY, K. C.; YIN, S.; YIU, S. M.; YUAN, J.; ZHANG, G.; ZHANG, H.; ZHOU, S.; KORF, I. F. Assemblathon 2: evaluating de novo methods of genome assembly in three vertebrate species. **GigaScience**, v. 2, n. 1, p. 10, jan. 2013. Disponível em: <<http://dx.doi:10.1186/2047-217X-2-10>>.

BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. **Projeções do Agronegócio** – Brasil 2014/2015 a 2024/2025. Disponível em: http://www.agricultura.gov.br/arq_editor/PROJECOES_DO_AGRONEGOCIO_2025_WEB.pdf. Acesso em: 7 junho. 2016.

BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. **Sapcana - Sistema de Acompanhamento de Produção Canavieira**. Disponível em: <http://www.agricultura.gov.br/desenvolvimento-sustentavel/agroenergia>. Acesso: 16 mai. 2014.

BRITO-CUNHA, C. C.; GAMA, A. R.; JESUINO, R. S.; FARIA, F. P.; BATAUS, L. A. M. Production of Cellulases from a Novel Thermophilic *Streptomyces thermocerradoensis* I3 Using Agricultural Waste Residue as Substrate. **Journal of Agriculture and Environmental Sciences**, v. 4, n. 1, p. 90-99, 2015. Disponível em:<<http://dx.doi:10.15640/jaes.v4n1a12>>.

BUCKERIDGE, M. S.; TINÉ, M. A.; SANTOS, H. P. D.; LIMA, D. U. D. Polissacarídeos de reserva de parede celular em sementes. Estrutura, metabolismo, funções e aspectos ecológicos. **Revista Brasileira de Fisiologia Vegetal**, v. 12, n. esp, p. 137, 2000.

CAIRNS, J. R. K.; ESEN, A. β -Glucosidases. **Cellular and Molecular Life Sciences**, v. 67, n. 20, p. 3389-3405, 2010. Disponível em:<<http://dx.doi:10.1007/s00018-010-0399-2>>.

CANELLAS, L. P.; VELLOSO, A. C. X.; MARCIANO, C. R.; RAMALHO, J. F. G. P.; RUMJANEK, V. M.; REZENDE, C. E.; SANTOS, G. D. A. Propriedades químicas de um Cambissolo cultivado com cana-de-açúcar, com preservação do palhiço e adição de vinhaça por longo tempo. **Revista Brasileira de Ciência do Solo**, v. 27, n. 5, p. 935-944, 2003. Disponível em:<<http://dx.doi:10.1590/S0100-06832003000500018>>.

CANILHA, L.; CHANDEL, A. K.; MILESSI, S. DOS S. T.; ANTUNES, F. A. F.; FREITAS, L. C. W.; DAS GRAÇAS, A. F. M.; DA SILVA, S. S. Bioconversion of sugarcane biomass into ethanol: an overview about composition, pretreatment methods, detoxification of hydrolysates, enzymatic saccharification, and ethanol fermentation. **BioMed Research International**, v. 2012, 2012. Disponível em:<<http://dx.doi:10.1155/2012/989572>>..

CANTAREL, B. L.; COUTINHO, P. M.; RANCUREL, C.; BERNARD, T.; LOMBARD, V.; HENRISSAT, B. The Carbohydrate-Active EnZymes database (CAZy): an expert resource for glycogenomics. **Nucleic acids research**, v. 37, n. suppl 1, p. D233-D238, 2009. Disponível em:<<http://dx.doi:10.1093/nar/gkn663>>.

CANTERI, M. H.; MORENO, L.; WOSIACKI, G.; SCHEER, A. D. P. Pectin: from raw material to the final product. **Polímeros**, v. 22, n. 2, p. 149-157, 2012. Disponível em:<<http://dx.doi.org/10.1590/S0104-14282012005000024>>.

CARDONA, C. A.; QUINTERO, J. A.; PAZ, I. C. Production of bioethanol from sugarcane bagasse: status and perspectives. **Bioresource technology**, v. 101, n. 13, p. 4754-4766, 2010. Disponível em:<<http://dx.doi:10.1016/j.biortech.2009.10.097>>.

CARROLL, Andrew; SOMERVILLE, Chris. Cellulosic biofuels. **Annual review of plant biology**, v. 60, p. 165-182, 2009. Disponível em:<<http://dx.doi:10.1146/annurev.arplant.043008.092125>>.

CARVALHO, J. L. N.; BRAUNBECK, O. A.; CHAGAS, M. F. **Implantação do plantio direto de cana-de-açúcar: base para sustentabilidade do canavial**. Laboratório Nacional de Ciência Tecnologia do Bioetanol (CTBE/CNPEN), 2012. Disponível em: <http://abccapacitacao.files.wordpress.com/2012/11/cana_de_acucar_estudo-de-viabilidade-economica-abc_31out2012.pdf>. Acesso em: 02 jun. 2014.

CAUFRIER, F.; MARTINOU, A.; DUPONT, C.; BOURIOTIS, V. Carbohydrate esterase family 4 enzymes: substrate specificity. **Carbohydrate research**, v. 338, n. 7, p. 687-692, 2003. Disponível em: <[http://dx.doi:10.1016/S0008-6215\(03\)00002-8](http://dx.doi:10.1016/S0008-6215(03)00002-8)>.

CEPAGRI - **Centro de Pesquisas Meteorológicas e Climáticas Aplicadas à Agricultura**. Disponível em: http://www.cpa.unicamp.br/outras-informacoes/clima_muni_444.html. Acessado em: 10/11/2015.

ČEPELJNIK, T.; KRIŽAJ, I.; MARINŠEK-LOGAR, R. Isolation and characterization of the *Pseudobutyrvibrio xylanivorans* Mz5 T xylanase XynT—the first family 11 endoxylanase from rumen Butyrvibrio-related bacteria. **Enzyme and microbial technology**, v. 34, n. 3, p. 219-227, 2004. Disponível em: <<http://dx.doi:10.1016/j.enzmictec.2003.10.012>>.

CHANDEL, A. K.; da SILVA, S. S.; CARVALHO, W.; SINGH, O. V. Sugarcane bagasse and leaves: foreseeable biomass of biofuel and bio-products. **Journal of chemical technology and biotechnology**, v. 87, n. 1, p. 11-20, 2012. Disponível em: <<http://dx.doi:10.1002/jctb.2742>>.

CHISTOSERDOVA, LUDMILA. Recent progress and new challenges in metagenomics for biotechnology. **Biotechnology letters**, v. 32, n. 10, p. 1351-1359, 2010. Disponível em: <<http://dx.doi:10.1007/s10529-010-0306-9>>.

CHRISTENSEN, U.; ALONSO-SIMON, A.; SCHELLER, H. V.; WILLATS, W. G.; HARHOLT, J. Characterization of the primary cell walls of seedlings of *Brachypodium distachyon*—A potential model plant for temperate grasses. **Phytochemistry**, v. 71, n. 1, p. 62-69, 2010. Disponível em: <<http://dx.doi:10.1016/j.phytochem.2009.09.019>>.

CLAASSEN, P. A. M.; VAN LIER, J. B.; CONTRERAS, A. L.; VAN NIEL, E. W. J.; SIJTSMA, L.; STAMS, A. J. M.; DE VRIES, S. S.; WEUSTHUIS, R. A. Utilisation of biomass for the supply of energy carriers. **Applied microbiology and biotechnology**, Berlin, v. 52, n.6, p. 741-755, 1999.

CONAB (2015) Companhia Nacional de Abastecimento Em: **Acompanhamento da safra brasileira de cana-de-açúcar**. Disponível em http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/15_12_17_09_03_29_boletim_cana_portugues_-_3o_lev_-_15-16.pdf. Acessado 15 dez 2015.

CONAB (2016) Companhia Nacional de Abastecimento Em: **Acompanhamento da safra brasileira de cana-de-açúcar**. Disponível em http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/16_04_18_14_27_15_boletim_cana_portugues_-_1o_lev_-_16.pdf. Acessado 19 junho 2016.

COUGHLAN, M. P.; HAZLEWOOD, Geoffrey P. beta-1, 4-D-xylan-degrading enzyme systems: biochemistry, molecular biology and applications. **Biotechnology and Applied Biochemistry**, v. 17, n. 3, p. 259-289, 1993. Disponível em: <http://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/j.1470-8744.1993.tb00244.x/>>.

CRETOIU, M. S.; BERINI, F.; KIELAK, A. M.; MARINELLI, F.; VAN ELSAS, J. D. A novel salt-tolerant chitobiosidase discovered by genetic screening of a metagenomic library derived from chitin-amended agricultural soil. **Applied microbiology and biotechnology**, v. 99, n. 19, p. 8199-8215, 2015. Disponível em: <<http://dx.doi:10.1007/s00253-015-6639-5>>.

DA SILVA DA SILVA DELABONA, P.; COTA, J.; HOFFMAM, Z. B.; PAIXÃO, D. A. A.; FARINAS, C. S.; CAIRO, J. P. L. F.; LIMAA, D. J.; SQUINAA, F. M.; RULLERA, R.; DA CRUZ PRADELLA, J. G. Understanding the cellulolytic system of *Trichoderma harzianum* P49P11 and enhancing saccharification of pretreated sugarcane bagasse by supplementation with pectinase and α -L-arabinofuranosidase. **Bioresource technology**, v. 131, p. 500-507, 2013. Disponível em: <<http://dx.doi:10.1016/j.biortech.2012.12.105>>.

DA VINHA, F. N. M.; GRAVINA-OLIVEIRA, M. P.; FRANCO, M. N.; MACRAE, A.; DA SILVA BON, E. P.; NASCIMENTO, R. P.; COELHO, R. R. R. Cellulase production by *Streptomyces viridobrunneus* SCPE-09 using lignocellulosic biomass as inducer substrate. **Applied biochemistry and biotechnology**, v. 164, n. 3, p. 256-267, 2011. Disponível em: <<http://dx.doi:10.1007/s12010-010-9132-8>>.

DANIEL, ROLF. The metagenomics of soil. **Nature Reviews Microbiology**, v. 3, n. 6, p. 470-478, 2005. Disponível em: <<http://dx.doi:10.1038/nrmicro1160>>.

DANIEL, ROLF. The soil metagenome—a rich resource for the discovery of novel natural products. **Current opinion in biotechnology**, v. 15, n. 3, p. 199-204, 2004. Disponível em: <<http://dx.doi:10.1016/j.copbio.2004.04.005>>.

DAVIS, R.; TAO, L.; TAN, E.C.D.; BIDDY, M.J.; BECKHAM, G.T.; SCARLATA, C. **Process Design and Economics for the Conversion of Lignocellulosic Biomass to Hydrocarbons: Dilute-Acid and Enzymatic Deconstruction of Biomass to Sugars and Biological Conversion of Sugars to Hydrocarbons**. Relatório técnico - NREL, Golden, CO, Estados Unidos, 2015.

DE ANGELIS, K. M.; GLADDEN, J. M.; ALLGAIER, M.; D'HAESELEER, P.; FORTNEY, J. L.; REDDY, A.; HUGENHOLTZ, P.; SINGER, S. W.; GHEYNST, J. S. V.; SILVER, W. L.; SIMMONS, B. A.; Strategies for enhancing the effectiveness of metagenomic-based enzyme discovery in lignocellulolytic microbial communities. **Bioenergy Research**, v. 3, n. 2, p. 146-158, 2010. Disponível em: <<http://dx.doi:10.1007/s12155-010-9089-z>>.

DE CASTRO, A. M.; PEREIRA JR, N. Produção, propriedades e aplicação de celulasas na hidrólise de resíduos agroindustriais. **Química Nova**, v. 33, n. 1, p. 181-188, 2010.

DE MENEZES, A. B.; PRENDERGAST-MILLER, M. T.; POONPATANA, P.; FARRELL, M.; BISSETT, A.; MACDONALD, L. M.; TOSCAD, P.; RICHARDSONA, A. E.; THRALL, P. H. C/N Ratio Drives Soil Actinobacterial Cellobiohydrolase Gene Diversity. **Applied and environmental microbiology**, v. 81, n. 9, p. 3016-3028, 2015. Disponível em:<<http://dx.doi:10.1128/AEM.00067-15>>.

DE SIQUEIRA, F. G.; DE SIQUEIRA, E. G.; JARAMILLO, P. M. D.; SILVEIRA, M. H. L.; ANDREAUS, J.; COUTO, F. A.; BATISTAD, L. R.; FERREIRA FILHO, E. X. The potential of agro-industrial residues for production of holocellulase from filamentous *fungi*. **International Biodeterioration & Biodegradation**, v. 64, n. 1, p. 20-26, 2010. Disponível em:<<http://dx.doi:10.1016/j.ibiod.2009.10.002>>.

DE SOUZA NUNES, R.; DE CASTRO LOPES, A. A.; MARTINHÃO, D.; DE SOUSA, G.; DE CARVALHO MENDES, I. Sistemas de manejo e os estoques de carbono e nitrogênio em Latossolo de Cerrado com a sucessão soja-milho. **Revista Brasileira de Ciência do Solo**, v. 35, n. 4, p. 1407-1419, 2011.

DE SOUZA, A. P.; LEITE, D. C.; PATTATHIL, S.; HAHN, M. G.; BUCKERIDGE, M. S. Composition and structure of sugarcane cell wall polysaccharides: implications for second-generation bioethanol production. **Bioenergy Research**, v. 6, n. 2, p. 564-579, 2013. Disponível em:<<http://dx.doi:10.1007/s12155-012-9268-1>>.

DE SOUZA, C. J.; COSTA, D. A.; RODRIGUES, M. Q.; DOS SANTOS, A. F.; LOPES, M. R.; ABRANTES, A. B.; COSTA, P. S.; SILVEIRA, W. B.; PASSOS, F. M. L.; FIETTO, L. G. The influence of presaccharification, fermentation temperature and yeast strain on ethanol production from sugarcane bagasse. **Bioresource technology**, v. 109, p. 63-69, 2012. Disponível em:<<http://dx.doi:10.1016/j.biortech.2012.01.024>>.

DINI-ANDREOTE, F.; ANDREOTE, F. D.; COSTA, R.; TAKETANI, R. G.; VAN ELSAS, J. D.; ARAÚJO, W. L. Bacterial soil community in a Brazilian sugarcane field. **Plant and soil**, v. 336, n. 1-2, p. 337-349, 2010. Disponível em:<<http://dx.doi:10.1007/s11104-010-0486-z>>.

DUARTE JR, José B.; COELHO, Fábio C. A cana-de-açúcar em sistema de plantio direto comparado ao sistema convencional com e sem adubação. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, v. 12, n. 6, p. 576-584, 2008.

EMAMI K, NAGY T, FONTES CMGA, et al. (2002) Evidence for temporal regulation of the two *Pseudomonas cellulosa* xylanases belonging to glycoside hydrolase family 11. **J Bacteriol**.doi:10.1128/JB.184.15.4124-4133.2002

EMAMI, K.; NAGY, T.; FONTES, C. M.; FERREIRA, L. M.; GILBERT, H. J. Evidence for temporal regulation of the two *Pseudomonas cellulosa* xylanases belonging to glycoside hydrolase family 11. **Journal of bacteriology**, v. 184, n. 15, p. 4124-4133, 2002. Disponível em:<<http://dx.doi:10.1128/JB.184.15.4124-4133.2002>>.

Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - EMBRAPA. **Manual de métodos de análise de solo**. 2.ed. Rio de Janeiro, Centro Nacional de Pesquisa de Solos, 1997. 212p.

ENCARNAÇÃO, T. B. C. **Modulação da degradação enzimática de galactomanano por sua própria estrutura fina**. 2012. 211 f. Dissertação (Mestrado em Ciências Biológicas, na área de Botânica) - Instituto de Biociências, Universidade de São Paulo. São Paulo, 2012.

FAN, L. T.; LEE, Y. H.; BEARDMORE, D. H. Mechanism of the enzymatic hydrolysis of cellulose: effects of major structural features of cellulose on enzymatic hydrolysis. **Biotechnology and Bioengineering**, v. 22, n. 1, p. 177-199, 1980.

FERRER, M.; MARTÍNEZ-ABARCA, F.; GOLYSHIN, P. N. Mining genomes and 'metagenomes' for novel catalysts. **Current Opinion in Biotechnology**, v. 16, n. 6, p. 588-593, 2005. Disponível em:<<http://dx.doi:10.1016/j.copbio.2005.09.001>>.

FRANCO, H. C. J.; MAGALHÃES, P. S. G.; CAVALETT, O.; CARDOSO, T. F.; BRAUNBECK, O. A.; BONOMI, A.; TRIVELIN, P. C. O. How much trash to removal from sugarcane field to produce bioenergy?. **Proceedings Brazilian BioEnergy Science and Technology; Campos do Jordão**, 2011.

GAO, D.; UPPUGUNDLA, N.; CHUNDAWAT, S. P.; YU, X.; HERMANSON, S.; GOWDA, K.; BRUMM, P.; MEAD, D.; BALAN, V.; DALE, B. E. Hemicellulases and auxiliary enzymes for improved conversion of lignocellulosic biomass to monosaccharides. **Biotechnology for biofuels**, v. 4, n. 1, p. 1, 2011. Disponível em:<<http://dx.doi:10.1186/1754-6834-4-5>>.

GAVA, C. A. T.; PEREIRA, J. C.; DO CARMO FERNANDES, M.; NEVES, M. C. P. Seleção de isolados de estreptomicetos para controle de *Ralstonia solanacearum* em tomateiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 37, n. 10, p. 1373-1380, 2002. Disponível em:<<http://dx.doi:10.1590/S0100-204X2002001000004>>.

GLASS, N. L.; SCHMOLL, M.; CATE, J. H. D.; CORADETTI, S. Plant cell wall deconstruction by ascomycete fungi. **Annual review of microbiology**, v. 67, p. 477-498, 2013. Disponível em:<<http://dx.doi:10.1146/annurev-micro-092611-150044>>.

GONÇALVES, G. A.; TAKASUGI, Y.; JIA, L.; MORI, Y.; NODA, S.; TANAKA, T.; ICHINOSED, H.; KAMIYA, N. Synergistic effect and application of xylanases as accessory enzymes to enhance the hydrolysis of pretreated bagasse. **Enzyme and microbial technology**, v. 72, p. 16-24, 2015. Disponível em:<<http://dx.doi:10.1016/j.enzmictec.2015.01.007>>.

GOUVÊA, Paula Fagundes de. **Estudos genéticos e moleculares da produção de celulasas e hemicelulasas em *Aspergillus nidulans* e *Aspergillus niger***. 2013. 206 f. Tese (Doutorado em ciências) – Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto, Universidade de São Paulo. Ribeirão Preto, 2013.

GU, Y.; DING, Y.; REN, C.; SUN, Z.; RODIONOV, D. A.; ZHANG, W.; YANG, S.; YANG, C.; JIANG, W. Reconstruction of xylose utilization pathway and regulons in Firmicutes. **BMC genomics**, v. 11, n. 1, p. 255, 2010. Disponível em:<<http://dx.doi:10.1186/1471-2164-11-255>>.

GUILLÉN, D.; SÁNCHEZ, S.; RODRÍGUEZ-SANOJA, R. Carbohydrate-binding domains: multiplicity of biological roles. **Applied microbiology and biotechnology**, v. 85, n. 5, p. 1241-1249, 2010. Disponível em:<<http://dx.doi:10.1007/s00253-009-2331-y>>.

HANDELSMAN, J. Metagenomics: application of genomics to uncultured microorganisms. **Microbiology and Molecular Biology Reviews**, v. 68, n. 4, p. 669-685, 2004. Disponível em:<<http://dx.doi:10.1128/MMBR.69.1.195.2005>>.

HEDRICH, S.; SCHLÖMANN, M.; Barrie, J. D. The iron-oxidizing Proteobacteria. **Microbiology**, v. 157, n. 6, p. 1551-1564, 2011. Disponível em:<<http://dx.doi:10.1099/mic.0.045344-0>>.

HELGASON, B. L.; WALLEY, F. L.; GERMIDA, J. J. Long-term no-till management affects microbial biomass but not community composition in Canadian prairie agroecosystems. **Soil Biology and Biochemistry**, v. 42, n. 12, p. 2192-2202, 2010. Disponível em:<<http://dx.doi:10.1016/j.soilbio.2010.08.015>>.

HENRISSAT, B.; BAIROCH, A. New families in the classification of glycosyl hydrolases based on amino acid sequence similarities. **Biochemical Journal**, v. 293, n. 3, p. 781-788, 1993. Disponível em:<<http://dx.doi:10.1042/bj2930781>>.

HENRISSAT, B.; TEERI, T. T.; WARREN, R. A. J. A scheme for designating enzymes that hydrolyse the polysaccharides in the cell walls of plants. **FEBS letters**, v. 425, n. 2, p. 352-354, 1998. Disponível em:<[http://dx.doi:10.1016/S0014-5793\(98\)00265-8](http://dx.doi:10.1016/S0014-5793(98)00265-8)>.

HENRISSAT, Bernard. A classification of glycosyl hydrolases based on amino acid sequence similarities. **Biochemical Journal**, v. 280, n. 2, p. 309-316, 1991. Disponível em:<<http://dx.doi:10.1042/bj2800309>>.

HESS, M.; SCZYRBA, A.; EGAN, R.; KIM, T. W.; CHOKHAWALA, H.; SCHROTH, G.; SHUJUN LUO, S.; DOUGLAS S. CLARK, D. S.; CHEN, F.; ZHANG, T.; MACKIE, R. I.; PENNACCHIO, L. A.; TRINGE, S. G.; VISEL, A.; WOYKE, T.; WANG, Z.; RUBIN, E. M. Metagenomic discovery of biomass-degrading genes and genomes from cow rumen. **Science**, v. 331, n. 6016, p. 463-467, 2011. Disponível em:<<http://dx.doi:10.1126/science.1200387>>.

HORN, S. J.; VAAJE-KOLSTAD, G.; WESTERENG, B.; EIJSINK, V. G. Novel enzymes for the degradation of cellulose. **Biotechnology for biofuels**, v. 5, n. 1, p. 1, 2012. Disponível em:<<http://dx.doi:10.1186/1754-6834-5-45>>.

HU, J.; ARANTES, V.; PRIBOWO, A.; SADDLER, J. N. The synergistic action of accessory enzymes enhances the hydrolytic potential of a “cellulase mixture” but is highly substrate specific. **Biotechnology for biofuels**, v. 6, n. 1, p. 1, 2013. Disponível em:<<http://dx.doi:10.1186/1754-6834-6-112>>.

HU, J.; ARANTES, V.; SADDLER, J. N. The enhancement of enzymatic hydrolysis of lignocellulosic substrates by the addition of accessory enzymes such as xylanase: is it an additive or synergistic effect?. **Biotechnology for biofuels**, v. 4, n. 1, p. 1, 2011. Disponível em:<<http://dx.doi:10.1186/1754-6834-6-112>>.

HUMBERD, D.; DAVIS, R.; TAO, L.; KINCHIN, C.; HSU, D.; ADEN, A.; SCHOEN, P.; LUKAS, J.; OLTHOF, B.; WORLEY, M.; SEXTON, D. **Process design and economics for biochemical conversion of lignocellulosic biomass to ethanol: dilute-acid pretreatment and enzymatic hydrolysis of corn stover**. National Renewable Energy Laboratory (NREL), Golden, CO., 2011.

ISIKGOR, FURKAN. H.; BECER, C. REMZI. Lignocellulosic biomass: a sustainable platform for the production of bio-based chemicals and polymers. **Polymer Chemistry**, v. 6, n. 25, p. 4497-4559, 2015. Disponível em:<<http://dx.doi:10.1039/C5PY00263J>>.

JANGID, K.; WILLIAMS, M. A.; FRANZLUEBBERS, A. J.; SANDERLIN, J. S.; REEVES, J. H.; JENKINS, M. B.; ENDALEC, D. M.; COLEMANE, D. C.; WHITMAN, W. B. Relative impacts of land-use, management intensity and fertilization upon soil microbial community structure in agricultural systems. **Soil Biology and Biochemistry**, v. 40, n. 11, p. 2843-2853, 2008. Disponível em:<<http://dx.doi:10.1016/j.soilbio.2008.07.030>>.

JANSSEN, Peter H. Identifying the dominant soil bacterial taxa in libraries of 16S rRNA and 16S rRNA genes. **Applied and environmental microbiology**, v. 72, n. 3, p. 1719-1728, 2006. Disponível em:<<http://dx.doi:10.1128/AEM.72.3.1719>>.

JEFFREY, L. S. H. Isolation, characterization and identification of actinomycetes from agriculture soils at Semongok, Sarawak. **African Journal of biotechnology**, v. 7, n. 20, 2008. Disponível em:<<http://dx.doi:10.5897/AJAR> >.

JEON, H. J.; KIM, J. T.; KIM, Y. J.; KIM, H. K.; LEE, H. S.; KANG, S. G.; KIM, S. J.; LEE J. H. Cloning and characterization of a new cold-active lipase from a deep-sea sediment Metagenome. **Applied Microbiology and Biotechnology**, v. 81, p. 865–874, 2009. Disponível em:<<http://dx.doi:10.1007/s00253-008-1656-2>>.

JIA, L.; GONÇALVES, G. A.; TAKASUGI, Y.; MORI, Y.; NODA, S.; TANAKA, T.; ICHINOSE, H.; KAMIYA, N. Effect of pretreatment methods on the synergism of cellulase and xylanase during the hydrolysis of bagasse. **Bioresource technology**, v. 185, p. 158-164, 2015. Disponível em:<<http://dx.doi.org/10.1016/j.biortech.2015.02.041>>.

JONES, P.; BINNS, D.; CHANG, H. Y.; FRASER, M.; LI, W.; MCANULLA, C.; MCWILLIAM, H.; MASLEN, J.; MITCHELL, A.; NUKA, G.; PESSEAT, S.; QUINN, A. F.; SANGRADOR-VEGAS, A.; SCHEREMETJEW, M.; YONG, S.T.; LOPEZ, R.; HUNTER, S. InterProScan 5: genome-scale protein function classification. **Bioinformatics**, v. 30, n. 9, p. 1236-1240, 2014. Disponível em:<<http://dx.doi:10.1093/bioinformatics/btu031>>.

JORDAN, D. B.; BOWMAN, M. J.; BRAKER, J. D.; DIEN, B. S.; HECTOR, R. E.; LEE, C. C.; MERTENS, J. A.; WAGSCHAL, K. Plant cell walls to ethanol. **Biochemical Journal**, v. 442, n. 2, p. 241-252, 2012. Disponível em:<<http://dx.doi:10.1042/BJ20111922>>.

KARNAOURI, A.; TOPAKAS, E.; ANTONOPOULOU, I.; CHRISTAKOPOULOS, P. Genomic insights into the fungal lignocellulolytic system of *Myceliophthora thermophila*. **Frontiers in microbiology**, v. 5, p. 281, 2014. Disponível em:<<http://dx.doi.org/10.3389/fmicb.2014.00281>>.

KENNEDY, A. C.; SMITH, K. L. Soil microbial diversity and the sustainability of agricultural soils. **Plant and soil**, v. 170, n. 1, p. 75-86, 1995.

KOECK, D. E.; PECHTL, A.; ZVERLOV, V. V.; SCHWARZ, W. H. Genomics of cellulolytic bacteria. **Current opinion in biotechnology**, v. 29, p. 171-183, 2014. Disponível em:<<http://dx.doi:10.1016/j.copbio.2014.07.002>>.

KOUTANIEMI, S.; VAN GOOL, M. P.; JUVONEN, M.; JOKELA, J.; HINZ, S. W.; SCHOLS, H. A.; TENKANEN, M. Distinct roles of carbohydrate esterase family CE16 acetyl esterases and polymer-acting acetyl xylan esterases in xylan deacetylation. **Journal of biotechnology**, v. 168, n. 4, p. 684-692, 2013. Disponível em:<<http://dx.doi:10.1016/j.jbiotec.2013.10.009>>.

KOVACS, K.; MACRELLI, S.; SZAKACS, G.; ZACCHI, G. Enzymatic hydrolysis of steam-pretreated lignocellulosic materials with *Trichoderma atroviride* enzymes produced in-house. **Biotechnology for Biofuels**, v. 2, n. 1, p. 1, 2009. Disponível em:<<http://dx.doi:10.1186/1754-6834-2-14>>.

KUBICEK, C. P. Systems biological approaches towards understanding cellulase production by *Trichoderma reesei*. **Journal of biotechnology**, v. 163, n. 2, p. 133-142, 2013. Disponível em:<<http://dx.doi:10.1016/j.jbiotec.2012.05.020>>.

KUMAR, R.; SINGH, S.; SINGH, O. V. Bioconversion of lignocellulosic biomass: biochemical and molecular perspectives. **Journal of industrial microbiology & biotechnology**, v. 35, n. 5, p. 377-391, 2008. Disponível em:<<http://dx.doi:10.1007/s10295-008-0327-8>>.

KURAMAE, E. E.; YERGEAU, E.; WONG, L. C.; PIJL, A. S.; VEEN, J. A.; KOWALCHUK, G. A. Soil characteristics more strongly influence soil bacterial communities than land-use type. **FEMS Microbiology Ecology**, v. 79, n. 1, p. 12-24, 2012. Disponível em:<<http://dx.doi:10.1111/j.1574-6941.2011.01192.x>>.

LANGMEAD, B.; SALZBERG, S. L. Fast gapped-read alignment with Bowtie 2. **Nature methods**, v. 9, n. 4, p. 357-359, 2012. Disponível em:<<http://dx.doi:10.1038/nmeth.1923>>.

LAUBER, C. L.; HAMADY, M.; KNIGHT, R.; FIERER, N. Pyrosequencing-based assessment of soil pH as a predictor of soil bacterial community structure at the continental scale. **Applied and environmental microbiology**, v. 75, n. 15, p. 5111-5120, 2009. Disponível em:<<http://dx.doi:10.1128/AEM.00335-09>>.

LEE, S. F.; FORSBERG, C. W.; GIBBINS, L. N. Xylanolytic activity of *Clostridium acetobutylicum*. **Applied and environmental microbiology**, v. 50, n. 4, p. 1068-1076, 1985.

LEVASSEUR, A.; DRULA, E.; LOMBARD, V.; COUTINHO, P. M.; HENRISSAT, B. Expansion of the enzymatic repertoire of the CAZy database to integrate auxiliary redox enzymes. **Biotechnology for biofuels**, v. 6, n. 1, p. 1, 2013. Disponível em:<<http://dx.doi:10.1186/1754-6834-6-41>>.

LIMA, A. S.; NÓBREGA, R. S. A.; BARBERI, A.; DA SILVA, K.; FERREIRA, D. F.; DE SOUZA MOREIRA, F. M. Nitrogen-fixing bacteria communities occurring in soils under different uses in the Western Amazon Region as indicated by nodulation of siratro (*Macroptilium atropurpureum*). **Plant and Soil**, v. 319, n. 1-2, p. 127-145, 2009. Disponível em:<<http://dx.doi:10.1007/s11104-008-9855-2>>.

LOMBARD, V.; RAMULU, H. G.; DRULA, E.; COUTINHO, P. M.; HENRISSAT, B. The carbohydrate-active enzymes database (CAZy) in 2013. **Nucleic acids research**, v. 42, n. D1, p. D490-D495, 2014. Disponível em:<<http://dx.doi:10.1093/nar/gkt1178>>.

LÓPEZ-MONDÉJAR, R.; ZÜHLKE, D.; BECHER, D.; RIEDEL, K.; BALDRIAN, P. Cellulose and hemicellulose decomposition by forest soil bacteria proceeds by the action of structurally variable enzymatic systems. **Scientific reports**, Wuhan, n. 6, 2016. Disponível em:<<http://dx.doi:10.1038/srep25279>>.

LÓPEZ-MONDÉJAR, R.; ZÜHLKE, D.; BECHER, D.; RIEDEL, K.; BALDRIAN, P. Cellulose and hemicellulose decomposition by forest soil bacteria proceeds by the action of structurally variable enzymatic systems. **Scientific reports**, v. 6, 2016. Disponível em:<<http://dx.doi:10.1038/srep25279>>.

LYND, L. R.; LASER, M. S.; BRANSBY, D.; DALE, B. E.; DAVISON, B.; HAMILTON, R.; HIMMEL, M.; KELLER, M.; MCMILLAN, J. D.; SHEEHAN, J.; WYMAN, C. E. How biotech can transform biofuels. **Nature biotechnology**, v. 26, n. 2, p. 169-172, 2008. Disponível em:<<http://dx.doi:10.1038/nbt0208-169>>.

LYND, L. R.; WEIMER, P. J.; VAN ZYL, W. H.; PRETORIUS, I. S. Microbial cellulose utilization: fundamentals and biotechnology. **Microbiology and molecular biology reviews**, v. 66, n. 3, p. 506-577, 2002. Disponível em:<<http://dx.doi:10.1128/MMBR.66.3.506-577.2002>>.

MACRELLI, S.; MOGENSEN, J.; ZACCHI, G. Techno-economic evaluation of 2nd generation bioethanol production from sugar cane bagasse and leaves integrated with the sugar-based ethanol process. **Biotechnology for biofuels**, v. 5, n. 1, p. 1, 2012. Disponível em:<<http://dx.doi:10.1186/1754-6834-5-22>>.

MAHMOUDI, N.; SLATER, G. F.; FULTHORPE, R. R. Comparison of commercial DNA extraction kits for isolation and purification of bacterial and eukaryotic DNA from PAH-contaminated soils. **Canadian journal of microbiology**, v. 57, n. 8, p. 623-628, 2011. Disponível em:<<http://dx.doi:10.1139/W11-049>>

MAICHE, R.; HUBER, C. Desenvolvimento da produção e pesquisa de bioetanol nos Estados Unidos: um enfoque nas rotas bioquímicas. **Revista Thema**, v. 7, n. 2, 2010. Disponível em:<<http://dx.doi.org/10.15536/thema.7.2010.%25p.29>>.

MARGOLLES-CLARK, E.; TENKANEN, M.; NAKARI-SETÄLÄ, T. I. I. N. A.; PENTTILÄ, M. E. R. J. A. Cloning of genes encoding alpha-L-arabinofuranosidase and beta-xylosidase from *Trichoderma reesei* by expression in *Saccharomyces cerevisiae*. **Applied and environmental microbiology**, v. 62, n. 10, p. 3840-3846, 1996.

MARTIN, MARCEL. Cutadapt removes adapter sequences from high-throughput sequencing reads. **EMBnet. journal**, v. 17, n. 1, p. pp. 10-12, 2011. Disponível em:<<http://dx.doi.org/10.14806/ej.17.1.200>>.

MCKIE, V. A.; GARY, W.; MILLWARD-SADLER, S. J.; HAZLEWOOD, G. P.; LAURIE J. I.; GILBERT, H. J. Arabinanase A from *Pseudomonas fluorescens* subsp. cellulosa exhibits both an endo-and an exo-mode of action. **Biochemical Journal**, v. 323, n. 2, p. 547-555, 1997.

MEYER, F.; PAARMANN, D.; D'SOUZA, M.; OLSON, R.; GLASS, E. M.; KUBAL, M.; PACZIAN, T.; RODRIGUEZ, A.; STEVENS, R.; WILKE, A.; WILKENING, J.; EDWARDS, R. A. The metagenomics RAST server—a public resource for the automatic phylogenetic and functional analysis of metagenomes. **BMC bioinformatics**, v. 9, n. 1, p. 386, 2008. Disponível em:<<http://dx.doi:10.1186/1471-2105-9-386>>.

MHUANTONG, W.; CHAROENSAWAN, V.; KANOKRATANA, P.; TANGPHATSORNRUANG, S.; CHAMPREDA, V. Comparative analysis of sugarcane bagasse metagenome reveals unique and conserved biomass-degrading enzymes among lignocellulolytic microbial communities. **Biotechnology for biofuels**, v. 8, n. 1, p. 1, 2015. Disponível em:<<http://dx.doi:10.1186/s13068-015-0200-8>>.

MILLWARD-SADLER, S. J.; DAVIDSON, K.; HAZLEWOOD, G. P.; BLACK, G. W.; GILBERT, H. J.; CLARKE, J. H. Novel cellulose-binding domains, NodB homologues and conserved modular architecture in xylanases from the aerobic soil bacteria *Pseudomonas fluorescens* subsp. cellulosa and *Cellvibrio mixtus*. **Biochemical journal**, v. 312, n. 1, p. 39-48, 1995. Disponível em:<<http://dx.doi:10.1042/bj3120039>>.

MITCHELL, A.; CHANG, H. Y.; DAUGHERTY, L.; FRASER, M.; HUNTER, S.; LOPEZ, R.; MCANULLA, C.; MCMENAMIN, C.; NUKA, G.; PESSEAT, S.; SANGRADOR-VEGAS, A.; SCHEREMETJEW, M.; RATO, C.; YONG, S. Y.; BATEMAN, A.; PUNTA, M.; ATTWOOD, T. K.; SIGRIST, C. J. A.; REDASCHI, N.; RIVOIRE, C.; XENARIOS, I.; KAHN, D.; GUYOT, D.; BORK, P.; LETUNIC, I.; GOUGH, J.; OATES, M.; HAFT, D.; HUANG, H.; NATALE, D. A.; WU, C. H.; ORENGO, C.; SILLITOE, I.; MI, H.; PAUL D. THOMAS, P. D.; FINN, R. D. The InterPro protein families database: the classification resource after 15 years. **Nucleic Acids Research**, v. 46, n. D 1, p. D213-D221, 2015. Disponível em:<<http://dx.doi:10.1093/nar/gku1243>>.

MOHANTA, YUGAL KISHORE. Isolation of cellulose-degrading actinomycetes and evaluation of their cellulolytic potential. **Bioengineering and Bioscience**, v. 2, n. 1, p. 1-5, 2014. Disponível em:<<http://dx.doi:10.13189/bb.2014.020101>>.

MORIMOTO, S.; FUJII, T. A new approach to retrieve full lengths of functional genes from soil by PCR-DGGE and metagenome walking. **Applied microbiology and biotechnology**, v. 83, n. 2, p. 389-396, 2009. Disponível em:<<http://dx.doi:10.1007/s00253-007-1066-x>>.

MUSSATTO, S. I.; DRAGONE, G.; GUIMARÃES, P. M.; SILVA, J. P. A.; CARNEIRO, L. M.; ROBERTO, I. C.; VICENTEA, A.; DOMINGUESA, L.; TEIXEIRA, J. A. Technological trends, global market, and challenges of bio-ethanol production. **Biotechnology advances**, v. 28, n. 6, p. 817-830, 2010. Disponível em:<<http://dx.doi:10.1016/j.biotechadv.2010.07.001>>.

NACKE, H.; WILL, C.; HERZOG, S.; NOWKA, B.; ENGELHAUPT, M.; DANIEL, R. Identification of novel lipolytic genes and gene families by screening of metagenomic libraries derived from soil samples of the German Biodiversity Exploratories. **FEMS microbiology ecology**, v. 78, n. 1, p. 188-201, 2011. Disponível em:<<http://dx.doi.org/10.1111/j.1574-6941.2011.01088.x>>.

NANNIPIERI, P.; ASCHER, J.; CECCHERINI, M.; LANDI, L.; PIETRAMELLARA, G.; RENELLA, G. Microbial diversity and soil functions. **European Journal of Soil Science**, v. 54, n. 4, p. 655-670, 2003. Disponível em:<<http://dx.doi:10.1046/j.1365-2389.2003.00556.x>>.

NIELSEN, U. N.; WALL, D. H.; SIX, J. Soil biodiversity and the environment. **Annual Review of Environment and Resources**, v. 40, p. 63-90, 2015. Disponível em:<<http://dx.doi:10.1146/annurev-environ-102014-021257>>.

OCHOA-VILLARREAL, M.; AISPURO-HERNÁNDEZ, E.; VARGAS-ARISPURO, I.; MARTÍNEZ-TÉLLEZ, M. Á. Plant cell wall polymers: function, structure and biological activity of their derivatives. **Polymerization**, v. 4, p. 63-86, 2012. Disponível em:<<http://dx.doi.org/10.5772/46094>>.

OGEDA, T. L.; PETRI, D. F. Hidrólise enzimática de biomassa. **Química Nova**, v. 33, n. 7, p. 1549-1558, 2010.

OHMIYA, K.; SHIMIZU, M.; TAYA, M.; SHIMIZU, S. Purification and properties of cellobiosidase from *Ruminococcus albus*. **Journal of bacteriology**, v. 150, n. 1, p. 407, 1982.

ORR, C. H.; STEWART, C. J.; LEIFERT, C.; COOPER, J. M.; CUMMINGS, S. P. Effect of crop management and sample year on abundance of soil bacterial communities in organic and conventional cropping systems. **Journal of applied microbiology**, v. 119, n. 1, p. 208-214, 2015. Disponível em:<<http://dx.doi:10.1111/jam.12822>>.

OVERBEEK, R., OLSON, R., PUSCH, G. D., OLSEN, G. J., DAVIS, J. J., DISZ, T., EDWARDS, R. A.; GERDES, S.; PARRELLO, B.; SHUKLA, M.; VONSTEIN, V.; WATTAM, A. R.; XIA, F.; STEVENS, R. The SEED and the Rapid Annotation of microbial genomes using Subsystems Technology (RAST). **Nucleic acids research**, v. 42, n. D1, p. D206-D214, 2014. Disponível em:<<http://dx.doi:10.1093/nar/gkt1226>>.

PAKARINEN, A.; HAVEN, M. Ø., DJAJADI, D. T.; VÁRNAI, A.; PURANEN, T.; VIIKARI, L. Cellulases without carbohydrate-binding modules in high consistency ethanol production process. **Biotechnology for biofuels**, v. 7, n. 1, p. 1, 2014. Disponível em:<<http://dx.doi:10.1186/1754-6834-7-27>>.

PARKS, D. H.; TYSON, G. W.; HUGENHOLTZ, P.; BEIKO, R. G. STAMP: statistical analysis of taxonomic and functional profiles. **Bioinformatics**, v. 30, n. 21, p. 3123-3124, 2014. Disponível em:<<http://dx.doi:10.1093/bioinformatics/btu494>>.

PENG, Y.; LEUNG, H. C.; YIU, S. M.; CHIN, F. Y. IDBA-UD: a de novo assembler for single-cell and metagenomic sequencing data with highly uneven depth. **Bioinformatics**, v. 28, n. 11, p. 1420-1428, 2012. Disponível em:<<http://dx.doi:10.1093/bioinformatics/bts174>>.

PEREIRA, A. P. A.; SILVA, M. C. B.; OLIVEIRA, J. R. S.; RAMOS, A. P. S.; FREIRE, M. B. G. S.; FREIRE, F. J.; KUKLINSKY-SOBRAL, J. Influência da salinidade sobre o crescimento e a produção de ácido indol acético de *Burkholderia spp.* endofíticas de cana-de- açúcar. **Bioscience Journal**, v. 28, n. 1, 2012.

PÉREZ, J.; MUNOZ-DORADO, J.; DE LA RUBIA, T. D. L. R.; MARTINEZ, J. Biodegradation and biological treatments of cellulose, hemicellulose and lignin: an overview. **International Microbiology**, v. 5, n. 2, p. 53-63, 2002. Disponível em:<<http://dx.doi:10.1007/s10123-002-0062-3>>.

PERVEZ, S.; AMAN, A.; IQBAL, S.; SIDDIQUI, N. N.; QADER, S. A. U. Saccharification and liquefaction of cassava starch: an alternative source for the production of bioethanol using amylolytic enzymes by double fermentation process. **BMC biotechnology**, v. 14, n. 1, p. 1, 2014. Disponível em:<<http://dx.doi:10.1186/1472-6750-14-49>>.

PIPPO, W. A.; LUENGO, C. A.; ALBERTERIS, L. A. M.; GARZONE, P.; CORNACCHIA, G. Energy recovery from sugarcane-trash in the light of 2nd generation biofuels. Part 1: current situation and environmental aspects. **Waste and Biomass Valorization**, v. 2, n. 1, p. 1-16, 2011. Disponível em:<<http://dx.doi:10.1007/s12649-010-9048-0>>.

PISA, G., MAGNANI, G. S., WEBER, H., SOUZA, E. M., FAORO, H., MONTEIRO, R. A.; DAROS, E.; BAURA, V.; BESPALHOK, J. P.; PEDROSA, F. O.; CRUZ, L. M. Diversity of 16S rRNA genes from bacteria of sugarcane rhizosphere soil. **Brazilian Journal of Medical and Biological Research**, v. 44, n. 12, p. 1215-1221, 2011. Disponível em:<<http://dx.doi:10.1590/S0100-879X2011007500148>>.

POLIZELI, M. L. T. M.; RIZZATTI, A. C. S.; MONTI, R.; TERENCE, H. F.; JORGE, J. A.; AMORIM, D. S. Xylanases from fungi: properties and industrial applications. **Applied microbiology and biotechnology**, v. 67, n. 5, p. 577-591, 2005. Disponível em:<<http://dx.doi:10.1007/s00253-005-1904-7>>.

QUINLAN, R. J.; SWEENEY, M. D.; LEGGIO, L. L.; OTTEN, H.; POULSEN, J. C. N.; JOHANSEN, K. S.; KRISTIAN B. R. M. KROGH, K. B. R. M.; JØRGENSEN, C. I.; TOVBORG, M.; ANNIKA ANTHONSENC, A.; TRYFONA, T.; WALTERC, C. P.; DUPREED, P.; XUA, F.; DAVIESE, G. J.; WALTONE, P. H. Insights into the oxidative degradation of cellulose by a copper metalloenzyme that exploits biomass components. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v. 108, n. 37, p. 15079-15084, 2011. Disponível em:<<http://dx.doi/10.1073/pnas.1105776108>>.

QUIRINO, B. F.; PAPPAS, G. J.; TAGLIAFERRO, A. C.; COLLEVATTI, R. G.; NETO, E. L.; DA SILVA, M. R. S.; BUSTAMANTEB, M. M. C.; KRÜGER, R. H. Molecular phylogenetic diversity of bacteria associated with soil of the savanna-like Cerrado vegetation. **Microbiological Research**, v. 164, n. 1, p. 59-70, 2009. Disponível em:<<http://dx.doi:10.1016/j.micres.2006.12.001>>.

RACHID, C. T., SANTOS, A. L., PICCOLO, M. C., BALIEIRO, F. C., COUTINHO, H. L., PEIXOTO, R. S.; TIEDJE, J. M.; ROSADO, A. S. Effect of sugarcane burning or green harvest methods on the Brazilian Cerrado soil bacterial community structure. **PloS one**, v. 8, n. 3, p. e59342, 2013. Disponível em:<<http://dx.doi:10.1371/journal.pone.0059342>>.

RAHMAN, A. S.; SUGITANI, N.; HATSU, M.; TAKAMIZAWA, K. A role of xylanase, α -L-arabinofuranosidase, and xylosidase in xylan degradation. **Canadian journal of microbiology**, v. 49, n. 1, p. 58-64, 2003. Disponível em:<<http://dx.doi:10.1139/w02-114>>.

RAJENDRAN, K.; RAJOLI, S.; TAHERZADEH, M. J. Techno-Economic Analysis of Integrating First and Second-Generation Ethanol Production Using Filamentous Fungi: An Industrial Case Study. **Energies**, v. 9, n. 5, p. 359, 2016. Disponível em:<<http://dx.doi:10.3390/en9050359>>.

RAJU, R.; PIGGOTT, A. M.; CONTE, M.; TNIMOV, Z.; ALEXANDROV, K.; CAPON, R. J. Nocardiopeptides: New FKBP12-Binding Macrolide Polyketides from an Australian Marine-Derived Actinomycete, *Nocardiopepsis* sp. **Chemistry—A European Journal**, v. 16, n. 10, p. 3194-3200, 2010. Disponível em:<<http://dx.doi.org/10.1002/chem.200902933>>.

REYES-ORTIZ, V.; HEINS, R. A.; CHENG, G.; KIM, E. Y.; VERNON, B. C.; ELANDT, R. B.; ADAMS, P. D.; SALE, K. L.; HADI, M. Z.; SIMMONS, B. A.; KENT, M. S.; TULLMAN-ERCEK, D. Addition of a carbohydrate-binding module enhances cellulase penetration into cellulose substrates. **Biotechnology for biofuels**, v. 6, n. 1, p. 1, 2013. Disponível em:<<http://dx.doi.org/10.1186/1754-6834-6-93>>.

RÍPOLI, T. C. C.; MOLINA JR, W. F.; RÍPOLI, M. L. C. Energy potential of sugar cane biomass in Brazil. **Scientia Agricola**, v. 57, n. 4, p. 677-681, 2000. Disponível em:<<http://dx.doi.org/10.1590/S0103-90162000000400013>>.

RODRIGUES, R. C.; MARIA DAS GRAÇAS, A. F.; E SILVA, J. B. A.; VITOLO, M. Response surface methodology for xylitol production from sugarcane bagasse hemicellulosic hydrolyzate using controlled vacuum evaporation process variables. **Process Biochemistry**, v. 38, n. 8, p. 1231-1237, 2003. Disponível em:<[http://dx.doi.org/10.1016/S0032-9592\(02\)00290-X](http://dx.doi.org/10.1016/S0032-9592(02)00290-X)>.

RUIZ-DUEÑAS, F. J.; MARTÍNEZ, Á. T. Microbial degradation of lignin: how a bulky recalcitrant polymer is efficiently recycled in nature and how we can take advantage of this. **Microbial Biotechnology**, v. 2, n. 2, p. 164-177, 2009. Disponível em:<<http://dx.doi.org/10.1111/j.1751-7915.2008.00078.x>>.

SAINI, A.; AGGARWAL, N. K.; SHARMA, A.; YADAV, A. Actinomycetes: A Source of Lignocellulolytic Enzymes. **Enzyme research**, v. 2015, 2015. Disponível em:<<http://dx.doi.org/10.1155/2015/279381>>.

SANTANA, M. L. **PRODUÇÃO, CARACTERIZAÇÃO, APLICAÇÃO E DETERMINAÇÃO ESTRUTURAL DE CELULASE DE *Moniliophthora perniciosa***. 2010. 64 f. Dissertação (Mestrado em biotecnologia) - Universidade Estadual de Feira de Santana. Feira de Santana, 2010.

SANTOS, C. R.; POLO, C. C.; COSTA, M. C.; NASCIMENTO, A. F.; MEZA, A. N.; COTA, J.; ZAIRA B.; HONORATO, H. R. V.; OLIVEIRA, P. S. L.; GOLDMAN, G. H.; GILBERT, H. J.; PRADE, R. A.; RULLER, R.; SQUINA, F. M.; WONGII, D. W. S.; MURAKAMI, M. T. Mechanistic strategies for catalysis adopted by evolutionary distinct family 43 arabinanases. **Journal of Biological Chemistry**, v. 289, n. 11, p. 7362-7373, 2014. Disponível em:<<http://dx.doi.org/10.1074/jbc.M113.537167>>.

SANTOS, C. R.; POLO, C. C.; COSTA, M. C.; NASCIMENTO, A. F.; MEZA, A. N.; COTA, J.; HOFFMAM, Z. B.; RODRIGO V. HONORATO, R. V.; OLIVEIRA, P. S. L.; GOLDMAN, G. H.; GILBERT, H. J.; PRADE, R. A.; RULLER, R.; SQUINA, F. M.; WONGII, D. W. S.; MÁRIO T. MURAKAMI, M. T. Mechanistic strategies for catalysis adopted by evolutionary distinct family 43 arabinanases. **Journal of Biological Chemistry**, v. 289, n. 11, p. 7362-7373, 2014. Disponível em:<<http://dx.doi:10.1074/jbc.M113.537167>>.

SANTOS, F. A.; QUEIRÓZ, J. D.; COLODETTE, J. L.; FERNANDES, S. A.; GUIMARÃES, V. M.; REZENDE, S. T. Potencial da palha de cana-de-açúcar para produção de etanol. **Química Nova**, v. 35, n. 5, p. 1004-1010, 2012.

SCHLOSS, Patrick D.; HANDELSMAN, Jo. Biotechnological prospects from metagenomics. **Current opinion in biotechnology**, v. 14, n. 3, p. 303-310, 2003. Disponível em:<[http://dx.doi:10.1016/S0958-1669\(03\)00067-3](http://dx.doi:10.1016/S0958-1669(03)00067-3)>.

SCHMIEDER, R.; EDWARDS, R. Quality control and preprocessing of metagenomic datasets. **Bioinformatics**, v. 27, n. 6, p. 863-864, 2011. Disponível em:<<http://dx.doi:10.1093/bioinformatics/btr026>>.

SCHNEIDER, W. D. H. **SECRETÔMICA E ATIVIDADES ENZIMÁTICAS DA LINHAGEM SELVAGEM 2HH E DO MUTANTE S1M29 DE *Penicillium echinulatum***. 2014. 163 f. Dissertação (Mestrado em Biotecnologia) - Universidade de Caxias do Sul. Caxias do Sul, 2014.

SEEMANN, TORSTEN. Prokka: rapid prokaryotic genome annotation. **Bioinformatics**, p. btu153, 2014. Disponível em:<<http://dx.doi:10.1093/bioinformatics/btu153>>.

SHALLOM, DALIA; SHOHAM, YUVAL. Microbial hemicellulases. **Current opinion in microbiology**, v. 6, n. 3, p. 219-228, 2003. Disponível em:<[http://dx.doi:10.1016/S1369-5274\(03\)00056-0](http://dx.doi:10.1016/S1369-5274(03)00056-0)>.

SHARMIN, F.; WAKELIN, S.; HUYGENS, F.; HARGREAVES, M. Firmicutes dominate the bacterial taxa within sugar-cane processing plants. **Scientific reports**, v. 3, 2013. Disponível em:<<http://dx.doi:10.1038/srep03107>>.

SHIVLATA, L.; SATYANARAYANA, TULASI. Thermophilic and alkaliphilic Actinobacteria: biology and potential applications. **Frontiers in microbiology**, v. 6, 2015. Disponível em:<<http://dx.doi:10.3389/fmicb.2015.01014>>.

SILVEIRA, É. L. D.; PEREIRA, R. M.; SCAQUITTO, D. C.; PEDRINHO, E. A. N.; VAL-MORAES, S. P.; WICKERT, E.; CARARETO-ALVES, L. M.; LEMOS, E. G. D. M. Bacterial diversity of soil under eucalyptus assessed by 16S rDNA sequencing analysis. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 41, n. 10, p. 1507-1516, 2006. Disponível em:<<http://dx.doi.org/10.1590/S0100-204X2006001000008>>.

SIMON, Carola; DANIEL, Rolf. Construction of small-insert and large-insert metagenomic libraries. **Metagenomics: Methods and Protocols**, p. 39-50, 2010. Disponível em:<<http://dx.doi.org/10.1007/978-1-60761-823-2>>.

SLEATOR, R. D. C.; SHORTALL, C.; HILL, C. Metagenomics. **Letters Applied Microbiology**, v. 47, p. 361-366, 2008. Disponível em:<<http://dx.doi.org/10.1111/j.1472-765X.2008.02444.x>>.

SOUZA, P. M.; MAGALHÃES, P. O. Application of microbial α -amylase in industry-A review. **Brazilian Journal of Microbiology**, v. 41, n. 4, p. 850-861, 2010. Disponível em:<<http://dx.doi.org/10.1590/S1517-83822010000400004>>.

SPAIN, A. M.; KRUMHOLZ, L. R.; ELSHAHED, M. S. Abundance, composition, diversity and novelty of soil Proteobacteria. **The ISME journal**, v. 3, n. 8, p. 992-1000, 2009. Disponível em:<<http://dx.doi.org/10.1038/ismej.2009.43>>.

STEELE, H. L.; JAEGER, K-E.; DANIEL, R.; STREIT, W. R. Advances in recovery of novel biocatalysts from metagenome. **Journal of Molecular Microbiology and Biotechnology**, v. 16, n. 1-2, p. 25-37, 2009. Disponível em:<<http://dx.doi.org/10.1159/000142892>>.

SUELA SILVA, M.; NAVES SALES, A.; TEIXEIRA MAGALHÃES-GUEDES, K.; RIBEIRO DIAS, D.; SCHWAN, R. F. Brazilian cerrado soil Actinobacteria ecology. **BioMed research international**, v. 2013, 2013. Disponível em:<<http://dx.doi.org/10.1155/2013/503805>>.

SUKHARNIKOV, L. O.; ALAHUHTA, M.; BRUNECKY, R.; UPADHYAY, A.; HIMMEL, M. E.; LUNIN, V. V.; ZHULIN, I. B. Sequence, structure, and evolution of cellulases in glycoside hydrolase family 48. **Journal of Biological Chemistry**, v. 287, n. 49, p. 41068-41077, 2012. Disponível em:<<http://dx.doi.org/10.1074/jbc.M112.405720>>.

SUNDARRAM, A.; MURTHY, T. P. K. α -amylase production and applications: a review. **Journal of Applied & Environmental Microbiology**, v. 2, n. 4, p. 166-175, 2014. Disponível em:<<http://dx.doi.org/10.12691/jaem-2-4-10>>.

TAYLOR, C. R.; HARDIMAN, E. M.; AHMAD, M.; SAINSBURY, P. D.; NORRIS, P. R.; BUGG, T. D. Isolation of bacterial strains able to metabolize lignin from screening of environmental samples. **Journal of applied microbiology**, v. 113, n. 3, p. 521-530, 2012. Disponível em:<<http://dx.doi.org/10.1111/j.1365-2672.2012.05352.x>>.

TIAN, W.; WANG, L.; LI, Y.; ZHUANG, K.; LI, G.; ZHANG, J.; XIAOA, X.; XI, Y. Responses of microbial activity, abundance, and community in wheat soil after three years of heavy fertilization with manure-based compost and inorganic nitrogen. **Agriculture, Ecosystems & Environment**, v. 213, p. 219-227, 2015. Disponível em:<<http://dx.doi.org/10.1016/j.agee.2015.08.009>>.

TORSVIK, V.; ØVREÅS, L.; THINGSTAD, T. F. Prokaryotic diversity--magnitude, dynamics, and controlling factors. **Science**, v. 296, n. 5570, p. 1064-1066, 2002. Disponível em:<<http://dx.doi.org/10.1126/science.1071698>>.

TUOMELA, M.; VIKMAN, M.; HATAKKA, A.; ITÄVAARA, M. Biodegradation of lignin in a compost environment: a review. **Bioresource Technology**, v. 72, n. 2, p. 169-183, 2000. Disponível em:<[http://dx.doi:10.1016/S0960-8524\(99\)00104-2](http://dx.doi:10.1016/S0960-8524(99)00104-2)>.

UPCHURCH, R.; CHIU, C. Y.; EVERETT, K.; DYSZYNSKI, G.; COLEMAN, D. C.; WHITMAN, W. B. Differences in the composition and diversity of bacterial communities from agricultural and forest soils. **Soil Biology and Biochemistry**, v. 40, n. 6, p. 1294-1305, 2008. Disponível em:<<http://dx.doi:10.1016/j.soilbio.2007.06.027>>.

VAN DYK, J. S.; PLETSCHE, B. I. A review of lignocellulose bioconversion using enzymatic hydrolysis and synergistic cooperation between enzymes—factors affecting enzymes, conversion and synergy. **Biotechnology advances**, v. 30, n. 6, p. 1458-1480, 2012. Disponível em:<<http://dx.doi:10.1016/j.biotechadv.2012.03.002>>.

VAN HORN, D. J.; OKIE, J. G.; BUELOW, H. N.; GOOSEFF, M. N.; BARRETT, J. E.; TAKACS-VESBACH, C. D. Soil microbial responses to increased moisture and organic resources along a salinity gradient in a polar desert. **Applied and environmental microbiology**, v. 80, n. 10, p. 3034-3043, 2014. Disponível em:<<http://dx.doi:10.1128/AEM.03414-13>>.

VÁRNAI, A.; SIIKA-AHO, M.; VIIKARI, L. Carbohydrate-binding modules (CBMs) revisited: reduced amount of water counterbalances the need for CBMs. **Biotechnology for biofuels**, v. 6, n. 1, p. 1, 2013. Disponível em:<<http://dx.doi:10.1186/1754-6834-6-30>>.

VENTURA, M.; CANCHAYA, C.; TAUCH, A.; CHANDRA, G.; FITZGERALD, G. F.; CHATER, K. F.; VAN SINDEREN, D. Genomics of Actinobacteria: tracing the evolutionary history of an ancient phylum. **Microbiology and Molecular Biology Reviews**, v. 71, n. 3, p. 495-548, 2007. Disponível em:<<http://dx.doi:10.1128/MMBR.00005-07>>.

VON MERING, C.; HUGENHOLTZ, P.; RAES, J.; TRINGE, S. G.; DOERKS, T.; JENSEN, L. J.; Ward, N.; Bork, P. Quantitative phylogenetic assessment of microbial communities in diverse environments. **Science**, v. 315, p.1126-1130, 2007. Disponível em:<<http://dx.doi:10.1126/science.1133420>>.

WANG, M.; LU, X. Exploring the Synergy between Cellobiose Dehydrogenase from *Phanerochaete chrysosporium* and Cellulase from *Trichoderma reesei*. **Frontiers in microbiology**, v. 7, 2016. Disponível em: <<http://dx.doi:10.3389/fmicb.2016.00620>>.

WARREN, R. A. J. Microbial hydrolysis of polysaccharides. **Annual Reviews in Microbiology**, v. 50, n. 1, p. 183-212, 1996. Disponível em:<<http://dx.doi:10.1146/annurev.micro.50.1.183>>.

WATANABE, A.; HIRAGA, K.; SUDA, M.; YUKAWA, H.; INUI, M. Functional characterization of *Corynebacterium alkanolyticum* β -xylosidase and xyloside ABC transporter in *Corynebacterium glutamicum*. **Applied and environmental microbiology**, v. 81, n. 12, p. 4173-4183, 2015. Disponível em:<<http://dx.doi:10.1128/AEM.00792-15>>.

WILKE, A.; HARRISON, T.; WILKENING, J.; FIELD, D.; GLASS, E. M.; KYRPIDES, N.; MAVROMMATIS, K.; MEYER, F. The M5nr: a novel non-redundant database containing protein sequences and annotations from multiple sources and associated tools. **BMC bioinformatics**, v. 13, n. 1, p. 141, 2012. Disponível em:<<http://dx.doi:10.1186/1471-2105-13-141>>.

WILLIAMS, K. P.; SOBRAL, B. W.; DICKERMAN, A. W. A robust species tree for the *alpha*Proteobacteria. **Journal of bacteriology**, v. 189, n. 13, p. 4578-4586, 2007. Disponível em:<<http://dx.doi:10.1128/JB.00269-07>>.

WITHERS, S. G. Mechanisms of glycosyl transferases and hydrolases. **Carbohydrate polymers**, v. 44, n. 4, p. 325-337, 2001. Disponível em:<[http://dx.doi:10.1016/S01448617\(00\)00249-6](http://dx.doi:10.1016/S01448617(00)00249-6)>.

WOOD, D. E.; SALZBERG, S. L. Kraken: ultrafast metagenomic sequence classification using exact alignments. **Genome biology**, v. 15, n. 3, p. 1, 2014. Disponível em:<<http://dx.doi:10.1186/gb-2014-15-3-r46>>.

YIN, Y.; MAO, X.; YANG, J. C.; CHEN, X.; MAO, F.; XU, Y. dbCAN: a web resource for automated carbohydrate-active enzyme annotation, **Nucleic Acids Research**, v. 40, n. W 1, p. W445-W451, 2012. Disponível em :<<http://dx.doi:10.1093/nar/gks479>>.

ZHENG, Y.; PAN, Z.; ZHANG, R.; WANG, D. Enzymatic saccharification of dilute acid pretreated saline crops for fermentable sugar production. **Applied Energy**, v. 86, n. 11, p. 2459-2465, 2009. Disponível em:<<http://dx.doi:10.1016/j.apenergy.2009.03.012>>.

ZHOU, J., SHEN, J., ZHANG, R., TANG, X., LI, J., XU, B.; DING, J.; GAO, Y.; XU, D.; HUANG, Z. Molecular and biochemical characterization of a novel multidomain xylanase from *Arthrobacter* sp. GN16 isolated from the feces of *Grus nigricollis*. **Applied biochemistry and biotechnology**, v. 175, n. 1, p. 573-588, 2015. Disponível em:<<http://dx.doi:10.1007/s12010-014-1295-2>>.