

Diversidade de quitinases em isolados do fungo entomopatogênico *Metarhizium anisopliae*

Sbaraini NO<sup>1</sup>, Junges A<sup>1</sup>, Schrank A<sup>1</sup>.

1- Centro de Biotecnologia da Universidade Federal do Rio Grande do Sul (CBiot/UFRGS), Programa de Pós-graduação em Biologia Celular e Molecular (PPGBCM), Av. Bento Gonçalves, 9500—Bloco IV, Prédio 43-421, Bairro Agronomia, CEP 91501-970, Porto Alegre, Rio Grande do Sul, Brasil

O fungo entomopatogênico *Metarhizium anisopliae* é considerado modelo para estudos das interações entre patógenos e seus hospedeiros devido a sua alta capacidade de infectar diferentes artrópodes. Para infectar seus hospedeiros *M. anisopliae* produz enzimas hidrolíticas que degradam a cutícula, dentre as quais estão as quitinases. Essas enzimas apresentam função morfogênica, autolítica e nutricional, atuando em diferentes etapas do desenvolvimento, sendo fundamentais para a sobrevivência do fungo. A quitina é um componente comum à parede celular de fungos e ao exoesqueleto dos hospedeiros artrópodes, que é hidrolisada durante a infecção. Uma análise genômica realizada em nosso laboratório, na linhagem E6 de *M. anisopliae*, identificou vinte e três quitinases que foram categorizadas em quatro subgrupos, sendo nove pertencentes ao subgrupo A, sete ao B, quatro ao C e três a um novo subgrupo D. Considerando essa variedade de quitinases identificadas nesta linhagem, o presente estudo visa avaliar a diversidade de quitinases em outras linhagens de *M. anisopliae* para conhecer a distribuição destes genes nas populações do fungo. Para tanto, depois de realizada a extração de DNA das amostras (291, NORDESTE, C7, CG125, 343, 374, CG46), avaliamos a presença de cada um dos genes de quitinases descritos no genoma da linhagem E6, pela técnica de PCR. Resultados preliminares indicam que não há grande variação na presença, com exceção dos genes chiMaA9 e chiMaB6 na linhagem 374. Posteriormente, será avaliada a presença do padrão de expressão (transcritos) das quitinases em diferentes condições de cultivo: Micélio cultivado em meio completo (MCc), micélio cultivado em meio contendo N-acetilglicosamina (0,25%), micélio cultivado em meio contendo quitina (1%) e nos esporos. Alterações no padrão de expressão das quitinases nas diferentes condições e linhagens testadas poderão auxiliar na atribuição da função destas enzimas em *M. anisopliae*.

Palavras-Chave: *Metarhizium anisopliae*, quitina, quitinases.

Financiamento: CNPq, CAPES, FAPERGS.