

Estudo funcional da quitinase ChiMaA4 no fungo entomopatogênico *Metarhizium anisopliae*.

Rispoli T., Falcão V.C.O., Junges A., Schrank A.

*M. anisopliae* é um fungo filamentosos que infecta uma ampla diversidade de hospedeiros artrópodes. A infecção ocorre pela penetração direta através da cutícula do hospedeiro que é composta por quitina (30%). As quitinases são uma das famílias de hidrolases que estão envolvidas na dissolução do exoesqueleto quitinoso dos hospedeiros. Nos fungos estas enzimas estão envolvidas em morfogênese e nutrição. Análises de genomas mostram que entre 10 e 35 genes de quitinases estão presentes em fungos filamentosos. A análise *in silico* do genoma da linhagem E6 de *M. anisopliae* identificou 23 genes que provavelmente codificam para quitinases. As quitinases propostas foram categorizadas em quatro subgrupos de acordo com a sua proximidade filogenética e organização estrutural. Apesar do número de quitinases já isoladas ou descritas em fungos leveduriformes e filamentosos ser amplo, estudos envolvendo a descrição exata da função dessas quitinases ainda são escassos. Estudos anteriores do grupo mostraram que a quitinase ChiMaA4 de *M. anisopliae* E6 apresenta níveis de expressão aumentados em diferentes tipos celulares: esporo, micélio cultivado em meio contendo GlcNAc (0,25%) como única fonte de carbono e em micélio autolisado. Nosso objetivo é a caracterização da função desta quitinase pela construção de mutantes nulos para a quitinase ChiMaA4 e caracterização das alterações fenotípicas resultantes dessa deleção. Será utilizada a metodologia de geração de mutantes mediada por *Agrobacterium tumefaciens*. A construção para a deleção da quitinase ChiMaA4 será efetuada pela técnica de PCR de sobreposição (*overlapping*). O estudo realizado contribuirá para elucidar a função desta quitinase na fisiologia do *M. anisopliae*.

Palavras-chave: *Metarhizium anisopliae*, quitinase, mutante nulo, agrotransformação.

Financiamento: CNPq, CAPES, FAPERGS.