Ciências Biológicas

EXPRESSÃO DO GENE CHIT1 DO FUNGO ENTOMOPATOGÊNICO METARHIZIUM ANISOPLIAE EM PICHIA PASTORIS. Leonardo Barbosa Leiria, César Milton Baratto, Charley Christian Staats, Marilene Henning Vainstein, Augusto Schrank (orient.) (Departamento de Biologia Molecular e Biotecnologia, Instituto de Biociências, UFRGS).

O fungo filamentoso Metarhizium anisopliae possui um grande potencial para o controle biológico de insetos-praga e carrapatos na agricultura e na pecuária. O fungo penetra ativamente pela cutícula do hospedeiro utilizando processos mecânicos, com a formação de estruturas de parasitismo, e hidrólise enzimática. Quitinases, assim como outras hidrolases, estão provavelmente relacionadas ao processo de morfogênese e de infecção de M. anisopliae. As seqüências genômica e de cDNA do gene chit1, que codifica para uma endoquitinase de M. anisopliae (CHIT 42) foi anteriormente determinada pelo grupo. A massa molecular estimada da proteína madura é de 42 kDa. Entretanto, não há informações sobre sua participação na infecção, seqüências regulatórias e tampouco sobre os elementos envolvidos em sua ativação. Com a finalidade de obtermos um novo modelo para expressão de forma heteróloga de proteínas de M. anisoplaei e de obtermos a quitinase CHIT42 solúvel em quantidade suficiente para a sua caracterização, a enzima será expressa em Pichia pastoris, um sistema de expressão eucariótico. Para tal, foram efetuadas a clonagem do gene chit1 no vetor pHIL-S1, denominado pHILChit1, e a sua transformação na levedura. A expressão da quitinase em P. pastoris além de facilitar a purificação para sua caracterização, irá auxiliar na obtenção de anticorpos para a imunolocalização, que permitirá verificar o seu envolvimento na infecção do fungo durante a penetração no hospedeiro. (PIBIC-CNPq).