

C. Ciências Biológicas - 10. Microbiologia - 3. Microbiologia**IDENTIFICAÇÃO DAS PROTEÍNAS ENVOLVIDAS NA CASCATA DE SINALIZAÇÃO POR pH E CARACTERIZAÇÃO DO FATOR DE TRANSCRIÇÃO PACC EM *Mycosphaerella fijiensis* AGENTE CAUSAL DA SIGATOKA-NEGRA**Casley Borges de Queiroz ¹Rogério E. Hanada ²Luadir Gasparotto ³Nelcimar Reis Sousa ⁴Gilvan Ferreira da Silva ⁵

1. Bolsista CNPq

2. Instituto Nacional de Pesquisa da Amazônia/INPA

3. Laboratório de Fitopatologia - Embrapa Amazônia Ocidental/CPAA

4. Laboratório de Biologia Molecular- Embrapa Amazônia Ocidental/CPAA

5. Pesquisador Dr. / Orientador, Embrapa Amazônia Ocidental/ CPAA

INTRODUÇÃO:

Alguns fitopatógenos podem dinamicamente alterar o pH local para adaptar o ambiente ao seu arsenal enzimático. Este mecanismo asseguraria que genes, que codificam enzimas exportadas, sejam expressos e seus produtos secretados em condições ótimas de pH para o seu funcionamento. Em fungos a regulação da expressão gênica em resposta ao pH é controlada por uma cascata de sinalização envolvendo seis produtos de genes conservados: PalA, PalB, PalC, PalF, PalH e PalI e um regulador transcricional, PacC que contem três dedos de zinco, do tipo C2H2 e dois motivos de reconhecimento YPXL/I de interação com PalA. PalA, Bro1 e Alix (ALG-2) são membros de um grupo de proteínas, caracterizado por possuir o domínio BRO1 (Peñalva et al, 2008). A inativação do gene que codifica PacC tem demonstrando que essa proteína tem um importante papel como fator de virulência em muitos fitopatógenos (You et al, 2007). O presente trabalho teve como objetivo identificar as proteínas envolvidas na cascata de sinalização por pH e caracterizar o fator de transcrição PacC em *Mycosphaerella fijiensis* Morelet, agente causal da sigatoka-negra em bananeira, considerada a principal doença desta cultura.

METODOLOGIA:

A sequência do gene que codifica PacC, PalA, PalB, PalC, PalF, PalH e PalI foram obtidas no banco de dados do projeto sequenciamento de *M. fijiensis* sítio (<http://genome.jgi-psf.org/Mycfi1/Mycfi1.home.html>) por meio da ferramenta Blastp utilizando ortólogos de *Aspergillus* ssp. Região promotora do gene pacC contendo 1000 pares de base (pb) foi analisada quanto a presença de cis-elementos (GCCARG) de ligação ao fator de transcrição PacC. As sequências obtidas foram alinhadas utilizando o programa ClustalW (Larkin et al., 2007), editadas no programa Bioedit (<http://jwbrown.mbio.ncsu.edu/BioEdit/bioedit.htm>) e as inferências filogenéticas foram obtidas usando o programa MEGA 4 (Kumar et al., 2008).

RESULTADOS:

Foram identificados os seis genes da cascata de sinalização por pH: PalA, PalB, PalC, PalF, PalH e PalI apresentam respectivamente 823, 882, 480, 751, 335 e 620 aminoácidos (aa). Uma sequência apresentando 2669 pb interrompida por 4 íntrons de tamanho variável (49 a 73pb) codifica o putativo fator de transcrição PacC que apresenta 641 aa. Análise da região promotora do gene pacC revelou a presença de nove consenso (GCCARG) para o fator de transcrição PacC indicando que este gene sofre autoregulação. A caracterização da proteína PacC revelou que os motivos de reconhecimento proteína-proteína YPXL/I de interação com PalA estão localizados na região C-terminal da proteína PacC entre os aminoácidos 440 e 633. O alinhamento de PacC com seus ortólogos PacC/Rim101, mostrou que a região dedo de zinco mantém-se extremamente conservado em todos os organismos utilizados. Os aminoácidos Triptofano (W), Glicina (Q) e Lisina (K) envolvidos na localização nuclear de PacC, estão também conservados em todos os organismos. A análise filogenética revelou que a proteína PacC *M. fijiensis* é mais relacionada com *Mycosphaerella graminicola* agente causal da Septoriose no Trigo.

CONCLUSÃO:

Todos os genes que codificam as proteínas da cascata de sinalização por pH foram identificados em *M. fijiensis*. A presença de todas as proteínas Pal, bem como o fator de transcrição PacC em *M. fijiensis* é um indicativo da regulação por pH neste fitopatógeno.

Instituição de Fomento: CNPq

Palavras-chave: PacC, pH ambiental, fitopatógeno.

