

Caracterização das proteínas PalA E PalB relacionadas a via de sinalização por pH em *Mycosphaerella fijiensis*

Queiroz, CB¹; Pereira, ELS¹; Sousa, NR¹; Gaparotto, L²; Hanada, RE³; Silva, GF¹

¹Laboratório de Biologia Molecular - Embrapa Amazônia Ocidental

²Laboratório de Fitopatologia - Embrapa Amazônia Ocidental

³Instituto Nacional de Pesquisa do Amazonas - INPA

gilvan.silva@cpaa.embrapa.br

Palavras-chave: transdução de sinal, gene Pal, PacC, pH e sigatoka-negra

A bananicultura tem enfrentado mundialmente vários problemas fitossanitários, entre os quais destaca-se a sigatoka-negra causada pelo fungo *Mycosphaerella fijiensis* Morelet, considerado atualmente o patógeno mais danoso aos plantios de banana e plátanos. O pH é um importante componente fisiológico relacionado à patogenicidade em muitos fungos e tem sido foco de estudos para o desenvolvimento de formas de controle em plantas cultivadas. O sistema de sinalização por pH em fungos é codificado por seis genes, palA, palB, palC, palF, palH e palI. A proteína PalA é caracterizada pelo domínio BRO1 que interage com proteínas do ESCRT (Endosomal Sorting Complex Required of Transport) e está associado ao recrutamento do fator de transcrição PacC para clivagem proteolítica por PalB. A transdução de sinal mediada por pH culmina na clivagem do fator de transcrição PacC um ativador de genes expressos em pH alcalino e repressor de genes expressos em pH ácido. Em *M. fijiensis* os genes que codificam o fator de transcrição pacC e as seis proteínas Pal foram identificados (Queiroz *et al* 2009). O presente trabalho tem como objetivo caracterizar as proteínas PalA e PalB de *M. fijiensis*. As proteínas deduzidas foram alinhadas com o auxílio do programa ClustalX e análise filogenética usando o MEGA 4.2. PalA e PalB, possuem ORFs de 2569 e 2806 pb ambas interrompida por 2 íntrons e a proteína deduzida apresentam respectivamente 823, 882 aminoácidos. PalBMf apresenta três domínios conservados MIT, Calpain Like Protease, Calpain III, nas posição 17 a 73, 121 a 444, 607 a 735 respectivamente. O alinhamento de 25 sequências de PalB de diferentes espécies mostram que os resíduos relacionados ao sítio ativo Cys214, His382 e Asn402 estão conservados. A análise filogenética da proteína PalBMf agrupou os ascomicetos por ordem, família ou gênero, enquanto o homólogo Calpain 7 em vertebrados formou um único cluster. Em PalAMf o domínio BRO1 foi localizado entre os resíduos 5 e 376. A análise filogenética agrupou os fungos filamentosos por ordem ou gênero e o homólogo Alix por filo entre os metazoários. Os dados analisados indicam que em *M. fijiensis* os genes palB e palA codificam proteínas ativas. Análises preliminares do crescimento de *M. fijiensis* em diferentes pHs tem revelado a habilidade deste patógeno em alterar o pH durante o cultivo para valores acima de 8,0 independente do pH inicial, isto sugere que o fator de transcrição pacC pode está relacionado com a virulência neste patossistema.

Apoio Financeiro: CNPq.