

Os estágios de diferenciação em *B. emersonii* são resultado da expressão coordenada de conjuntos de genes viabilizando as alterações bioquímicas e morfológicas necessárias para que o ciclo de vida do fungo ocorra de forma correta e no tempo apropriado. Neste trabalho nós descrevemos a análise da expressão gênica global durante a germinação deste fungo com o objetivo de entender melhor os processos biológicos envolvidos nesta fase do desenvolvimento.

1- Análise de seqüências expressas de *B. emersonii*

Inicialmente, foi desenvolvido um programa de seqüenciamento parcial dos genes expressos em diferentes tempos de germinação do fungo. Os dados gerados neste trabalho, em conjunto com o projeto de seqüenciamento de ESTs da fase de esporulação, permitiram a descoberta de aproximadamente 4.900 novos genes de *B. emersonii* (Ribichich *et al.*, 2005). Não existem dados sobre o tamanho do genoma de *B. emersonii*, mas o total de transcritos analisados representa uma fração importante do transcriptoma deste organismo. Este número está próximo do descrito para outros fungos, como os 4.824 genes de *S. pombe* (Wood *et al.*, 2002) e os cerca de 6.000 genes de *S. cerevisiae* (Goffeau *et al.*, 1997). Assim, o seqüenciamento em larga escala de ESTs e a anotação dos genes de *B. emersonii* representam uma contribuição importante para o conhecimento da complexidade gênica deste fungo e dos quitridiomycetos, um grupo muito pouco estudado.

O seqüenciamento de ESTs permitiu também uma análise *in silico* do perfil de expressão dos genes expressos nas fases de germinação e esporulação do fungo (Ribichich *et al.*, 2005). Foi possível associar as seqüências obtidas com diferentes processos biológicos e funções moleculares utilizando a terminologia do *Gene Ontology Consortium*. Desta forma, verificamos que os transcritos relacionados com a estrutura dos cromossomos apresentaram expressão mais alta nos zoósporos, enquanto os transcritos envolvidos na

biossíntese de proteínas foram mais abundantes durante a germinação. O aumento na síntese protéica já havia sido observado na germinação de *B. emersonii* (da Silva *et al.*, 1987) e também ocorre durante o processo de germinação em outros fungos (d'Enfert, 1997; Wendland, 2001).

2- Análise da expressão gênica global durante a germinação em meio nutriente

O desenvolvimento da tecnologia dos micro-arranjos de DNA permitiu a investigação da expressão de milhares de genes em uma determinada amostra com a utilização de uma única reação de hibridização. Assim, pudemos arranjar cerca de 3.600 genes diferentes de *B. emersonii* em lâminas de vidro e avaliar simultaneamente a expressão destes genes ao longo da germinação do fungo em meio nutriente. Estas análises confirmaram os dados obtidos por *Northern* digital, além de fornecerem várias informações adicionais. Verificamos que mais de 900 genes, correspondendo a cerca de 26 % do total presente nos micro-arranjos, foram diferencialmente expressos em pelo menos um dos tempos analisados durante a germinação em meio nutriente. Estes genes foram agrupados de acordo com o perfil de expressão e as categorias funcionais com maior representação para cada grupo foram analisadas. Os dados gerados permitiram a identificação de genes regulados durante a germinação de *B. emersonii*.

2.1- Genes induzidos ao longo da germinação em meio nutriente

Mais de 500 genes foram induzidos nos nossos arranjos ao longo do processo de germinação de *B. emersonii*. Observamos a indução de um grande número de genes envolvidos na biossíntese de proteínas, incluindo proteínas ribossômicas, fatores de iniciação e de alongação da tradução, assim como genes relacionados ao enovelamento de proteínas e biogênese de ribossomos. Também foram induzidos genes envolvidos na transcrição do DNA, como RNA polimerases e fatores de transcrição. Além disso, vários genes necessários à ativação do metabolismo energético, que codificam enzimas da via

glicolítica, do ciclo do ácido cítrico e da biossíntese de ácidos graxos apresentaram altos níveis de expressão durante a germinação. Na lista de genes induzidos, encontramos ainda transportadores de carboidratos e de oligopeptídeos e genes envolvidos na regulação do ciclo celular, entre outros. Os resultados obtidos estão de acordo com os eventos comuns ao processo de germinação verificados em outros fungos: a ativação do metabolismo, um grande aumento na síntese de proteínas e de RNAs; e a re-entrada no ciclo celular (d'Enfert, 1997; Wendland, 2001; Osherov, 2001). Recentemente, vários estudos utilizando micro-arranjos têm identificado genes diferencialmente expressos durante a germinação em fungos como *N. crassa* (Kasuga *et al.*, 2005) e *U. maydis* (Zahiri, 2005) e na ameba social *D. discoideum* (Xu, 2004). Muitos dos genes induzidos durante a germinação nestes organismos correspondem às mesmas categorias encontradas para *B. emersonii*, como biossíntese de proteínas e metabolismo primário envolvido na produção de energia.

A mobilização da trealose também é um evento bioquímico importante durante a germinação de *N. crassa*, *A. nidulans*, e *S. cerevisiae* (Schimit, 1976; d'Enfert *et al.*, 1999; Thevelein, 1984). No entanto, nossos micro-arranjos correspondem ao transcrito parcial de *B. emersonii* e nele não estão representadas enzimas para quebra deste dissacarídeo.

A indução dos genes envolvidos na biogênese de ribossomos (entre eles o gene que apresentou maior razão de indução, conforme mostrado na tabela 9) e também de diversas proteínas ribossômicas durante a germinação coincidem com o aumento da formação de polissomos durante a germinação (Silverman *et al.*, 1974; Gong e Lovett, 1977) e podem responder pelo grande aumento na taxa de síntese das proteínas, a partir dos mRNAs pré-formados (estocados nos zoósporos), que ocorre nos primeiros momentos da germinação (da Silva *et al.*, 1987). A exemplo do que acontece em *B. emersonii*, os conídeos de *A. nidulans* e *N. crassa* apresentam altos níveis de ribossomos livres que, na presença de fonte de carbono, associam-se com RNAs pré-formados na montagem dos polissomos (Mirkes, 1974; Osherov e May, 2000).

2.2- Genes reprimidos ao longo da germinação em meio nutriente

Os eventos iniciais da germinação em *B. emersonii* não dependem da síntese de RNA ou de proteína (Lovett, 1968; Soll & Sonneborn, 1971a; Soll & Sonneborn, 1971b; da Silva *et al.*, 1987). Assim, a análise dos transcritos presentes nos zoósporos pode auxiliar na identificação de elementos importantes nos primeiros momentos da germinação.

Com este objetivo analisamos o perfil dos transcritos presentes nos zoósporos e que desapareceram ao longo da germinação. Encontramos genes envolvidos na percepção do ambiente e na sinalização celular, genes estes necessários para disparar o processo de germinação. Verificamos ainda a presença de transcritos envolvidos na síntese da parede celular, além das histonas, responsáveis pela organização dos cromossomos.

Os comentários abaixo se referem às principais categorias dos genes reprimidos durante a germinação de *B. emersonii*.

Transmissão de sinal

Os mecanismos moleculares envolvidos no reconhecimento e na transmissão dos sinais que disparam a entrada do zoósporo no programa de germinação ainda não estão bem definidos. Estudos recentes têm demonstrado que várias vias de sinalização celular estão implicadas no processo de germinação em diferentes fungos. Em *A. nidulans*, existem evidências de que duas vias de sinalização, RasA e cAMP/PKA, atuam independentemente no controle da germinação (Fillinger *et al.*, 2002). As GTPases Ras e Rho estão envolvidas na regulação da polaridade celular e da germinação em *Penicillium marneffei* (Boyce *et al.*, 2005). A subunidade alfa da proteína G heterotrimérica é necessária para a germinação de *C. trifolii*, *A. nidulans* e *P. marneffei*, mas parece não estar envolvida na germinação de *M. grisea* (Truesdell *et al.*, 2000; Zuber *et al.*, 2003; Chang *et al.*, 2004). A sinalização por cálcio é empregada no processo de germinação de *P. ampellicida* and *C. gloeosporioides* (Kim *et al.*, 1998; Shaw and Hoch, 2000). Doehlemann (2005) propõe a existência de três

vias de sinalização que respondem a diferentes estímulos na germinação de *Botrytis cinerea*: Gα, cAMP e uma MAP quinase.

Encontramos vários genes envolvidos em diferentes vias de sinalização celular nos zoósporos de *B. emersonii*. Podemos citar as proteínas Gα, a fosfodiesterase de nucleotídeos cíclicos, proteínas da via MAP quinase, as fosfatases PP2A e calcineurina (uma fosfatase estimulada por calmodulina), uma GTPase Ras e também a subunidade catalítica da proteína quinase dependente de cAMP (PKA). Estes dados indicam que, a exemplo do que acontece em outros fungos, o processo de germinação de *B. emersonii*, pode ser controlado por mais de uma via de sinalização.

Transportadores de aminoácidos

As células eucarióticas são capazes de perceber uma variedade de estímulos extracelulares, incluindo mensageiros químicos e fatores físicos. Os nutrientes, além de seu papel no metabolismo, também exercem efeitos regulatórios, aparentemente mediados por sensores de nutrientes presentes na membrana celular. Um exemplo é a proteína Gap1, uma permease de aminoácidos que não funciona apenas como transportador, mas também como sensor de aminoácidos em *S. cerevisiae*. A atividade de Gap1 encontra-se aumentada em células submetidas à carência de nitrogênio, porém a adição de amônio, L-glutamina ou L-glutamato a estas células causa a inativação de Gap1, em nível transcricional e pós-transcricional (Stanbrough and Magasanik, 1995; Hein e André, 1997). Em 2003, Donaton e colaboradores demonstraram que Gap1 é capaz de ativar rapidamente os alvos da PKA quando aminoácidos são adicionados às células submetidas à carência de nitrogênio.

Transcritos codificando vários transportadores de aminoácidos estão presentes nos zoósporos de *B. emersonii* e desaparecem quando a germinação é induzida em meio nutriente. No entanto, a expressão destes genes permanece alta quando a germinação ocorre em solução inorgânica, na presença de adenina ou potássio. Estes dados indicam que os nutrientes, possivelmente os aminoácidos, sejam responsáveis pela regulação da expressão

destes genes, ou seja, a presença de nutrientes causaria a repressão dos genes codificando os transportadores.

Histonas

Os zoósporos não sintetizam DNA ou RNA e este bloqueio na replicação e na transcrição do DNA pode ser exercido, pelo menos em parte, pela estrutura da cromatina nestas células. As histonas estão entre os genes que apresentaram a maior razão de repressão durante a germinação de *B. emersonii*. Este fato pode estar relacionado com o desbloqueio da transcrição e da replicação do DNA durante a germinação. Em *C. neoformans* e *P. brasiliensis*, os genes que codificam as histonas são reprimidos durante a transição dimórfica, resultando em alterações significativas no transcrito destes fungos (Steen *et al.*, 2002; Nunes *et al.*, 2005).

Um dos mecanismos pelos quais as modificações na estrutura da cromatina influenciam a transcrição do DNA inclui a ação de enzimas capazes remodelar a cromatina, alterando o acesso da maquinaria de transcrição aos sítios promotores no DNA dos eucariotos. A remodelação da cromatina está relacionada com o grau de acetilação das histonas. As histonas H2A, H2B, H3 e H4 apresentam um domínio amino-terminal rico em resíduos de lisina, que podem ser acetilados pelas histona-acetiltransferases (HATs). A acetilação dos resíduos de lisina reduz a afinidade das histonas pelo DNA, facilitando o acesso da maquinaria de transcrição. O mecanismo oposto atua na repressão da transcrição: a acetilação dos nucleossomos é reduzida pelas histona-desacetilases como parte do processo de silenciamento gênico, retornando a cromatina a um estado transcricionalmente inativo (Grunstein, 1990).

Além da queda na expressão das histonas, observamos que os níveis do transcrito de uma histona-desacetilase, presente nos zoósporos de *B. emersonii*, também diminui durante a germinação. A presença do transcrito da histona-desacetilase nos zoósporos é um indício de que a estrutura da cromatina nestas células é um dos fatores responsáveis pelo bloqueio da replicação e da transcrição. Assim, a repressão dos genes que codificam as histonas e a

histona-desacetilase durante a germinação pode favorecer a retomada da transcrição e da replicação do DNA. Georgieva e colaboradores (1991) analisaram a atividade das enzimas envolvidas na acetilação e desacetilação das histonas durante a germinação em sementes de milho e concluíram que a acetilação das histonas está envolvida na replicação do DNA, na transcrição e também no reparo do DNA durante processos de diferenciação celular.

Podemos destacar também um outro dado importante relacionado às alterações na estrutura da cromatina ao longo do ciclo de vida de *B. emersonii*. Trata-se de um gene putativo que apresenta um domínio de acetiltransferase com nível de expressão bastante alto duas horas após a indução da germinação, conforme observado no *Northern digital* (www.blasto.iq.usp.br, vide *in silico profiles*, Contig 1381). Este gene está representado nos micro-arranjos de DNA, no entanto, não apresenta expressão diferencial nos tempos estudados (30; 60 e 90 min de germinação).

2.3- Genes diferencialmente expressos na ausência de nutrientes

Comparamos também o perfil de expressão entre a germinação em meio nutriente e a germinação que ocorre em solução inorgânica, na qual os indutores efetivos da germinação foram adenina ou potássio. A ausência de nutrientes no meio foi o fator comum entre as duas situações e parece ser a responsável pelo grande número de genes que apresentou o mesmo comportamento na presença de um, ou de outro indutor.

Quando a germinação ocorre na ausência de nutrientes, os genes necessários para o crescimento celular não são ativados. Observamos que os genes envolvidos na biossíntese de proteínas, na transcrição, no transporte e nas vias de produção de energia, induzidos na germinação em meio nutriente, não foram ativados quando a germinação ocorreu em solução inorgânica.

Por outro lado, vários genes foram induzidos na germinação em solução inorgânica, mas não em meio nutriente. Uma grande parte destes transcritos já estavam presentes nos zoósporos e os genes correspondentes não foram desligados quando a germinação ocorreu

em solução inorgânica. Entre estes genes, encontramos, principalmente, os transportadores de aminoácidos e as histonas. O fato dos transcritos dos transportadores de aminoácidos, presentes nos zoósporos, serem reprimidos na presença, mas não na ausência de nutrientes reforça a idéia de que atuem como sensores de nutrientes. Além disso, os resultados obtidos indicam que as histonas estão envolvidas na regulação da transcrição e da replicação do DNA, possivelmente atuando de forma seletiva no desbloqueio da expressão dos genes relacionados ao crescimento celular que são ativados apenas em meio nutriente.

Aos 60 minutos da germinação em solução inorgânica observamos a indução de genes envolvidos no catabolismo e na morte celular, indicando que a célula está respondendo ao estresse nutricional.

É importante notarmos também que os genes envolvidos nas vias de sinalização celular (tabela 16) apresentaram o mesmo comportamento tanto na presença de nutrientes, como dos outros indutores da germinação. Estes resultados sugerem que as mesmas vias de sinalização celular foram ativadas independentemente do estímulo inicial utilizado para disparar o processo de germinação.

CONCLUSÕES

A análise em larga escala dos genes expressos durante a germinação de *B. emersonii* nos permitiu uma melhor compreensão do programa de expressão gênica, o qual determina as alterações morfológicas e bioquímicas que ocorrem durante esta etapa do desenvolvimento do fungo. As principais conclusões obtidas neste trabalho estão listadas a seguir.

- O programa de seqüenciamento das ESTs gerou uma grande quantidade de informações a respeito dos genes expressos no fungo *B. emersonii*. Foram caracterizados cerca de 4.900 genes, os quais foram anotados e classificados de acordo com a categoria funcional.
- Os dados obtidos a partir do seqüenciamento das ESTs permitiu uma análise *in silico* do perfil de expressão dos genes ao longo do ciclo de vida de *B. emersonii*.
- Os dados do perfil transcricional obtidos nos nossos experimentos correlacionaram-se bem com os processos bioquímicos e fisiológicos associados com a germinação de *B. emersonii*.
- As categorias funcionais melhor representadas entre os genes com expressão diferencial ao longo da germinação de *B. emersonii* coincidiram com os genes envolvidos no processo de germinação em outros fungos.
- Nos zoósporos foram identificados transcritos envolvidos com a percepção do meio extracelular e com a transmissão de sinal, necessários para disparar o programa de germinação. Além disso, transcritos de genes que codificam histonas e uma histona-desacetilase, que estão possivelmente relacionados com a regulação da replicação e da transcrição, apresentaram níveis altos nos zoósporos e diminuíram durante a germinação.
- Ao longo da germinação em meio nutriente foram induzidos, principalmente, genes envolvidos no crescimento celular, incluindo biossíntese de proteínas e ativação do metabolismo energético. No entanto, esses genes não foram induzidos quando a germinação ocorreu na ausência de nutrientes.

- Alguns transcritos presentes nos zoósporos foram reprimidos na germinação em meio nutriente, mas mantiveram níveis elevados de expressão na germinação disparada por adenina ou potássio, indicando que os nutrientes exercem um papel importante na regulação da expressão de determinados genes.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Abe, H.; Uchiyama, M.; Tanaka, Y.; Saito, H. Structure of discadeine, a spore germination inhibitor from the cellular slime mold *Dictyostelium discoideum*. *Tetrahedron Lett.* 1976; **42**: 3807-3810.
- Adams, M. D.; Kelly, J. M.; Gocayne, J. D.; Dubnick, M.; Polymeropoulos, M. H.; Xiao, H.; Merril, C. R.; Wu, A.; Olde, B.; Moreno, R. F. et al. Complementary DNA sequencing: expressed sequence tags and human genome project. *Science.* 1991; **252(5013)**: 1651-6.
- Adams, M. D.; Kerlavage, A. R.; Fleischmann, R. D.; Fuldner, R. A.; Bult, C. J.; Lee, N. H.; Kirkness, E. F.; Weinstock, K. G.; Gocayne, J. D.; White, O.; et al. Initial assessment of human gene diversity and expression patterns based upon 83 million nucleotides of cDNA sequence. *Nature.* 1995; **377(6547 Suppl)**: 3-174.
- Altschul, S. F.; Madden, T. L.; Schaffer, A. A.; Zhang, J.; Zhang, Z.; Miller, W.; Lipman, D. J. Gapped BLAST and PSI-BLAST: a new generation of protein database search programs. *Nucleic Acids Res.* 1997; **25(17)**: 3389-402.
- Audic, S.; Claverie, J. M. The significance of digital gene expression profiles. *Genome Res.* 1997; **7(10)**: 986-95.
- Behrens, M. M.; Maia, J. C. C. Differentiation-specific activation of cyclic AMP-dependent protein kinase in *Blastocladiella emersonii*. *Biochem. Intern.* 1986; **12**: 503-512.
- Bhattacharjee, J. K. Alpha-Aminoadipate pathway for the biosynthesis of lysine in lower eukaryotes *Crit. Rev. Microbiol.* 1985; **12(2)**: 131-151
- Boguski, M. S.; Lowe, T. M.; Tolstoshev, C. M. dbEST-database for "expressed sequence tags". *Nat Genet.* 1993; **4(4)**: 332-3.
- Boyce, K. J.; Hynes, M. J.; Andrianopoulos, A. The Ras and Rho GTPases genetically interact to co-ordinately regulate cell polarity during development in *Penicillium marneffeii*. *Mol Microbiol.* 2005; **55**: 1487–1501.
- Brengues, M.; Pintard, L.; Lapeyre, B. *The Journal of Biological Chemistry.* 2002; **277(43)**: 4005-4012.

Brentani, H.; Caballero, O. L.; Camargo, A. A.; da Silva, A. M.; da Silva, W. A. Jr.; Dias Neto, E.; Grivet, M.; Gruber, A.; Guimarães, P. E.; Hide, W.; Iseli, C.; Jongeneel, C. V.; Kelso, J.; Nagai, M. A.; Ojopi, E. P.; Osório, E. C.; Reis, E. M.; Riggins, G. J.; Simpson, A. J.; de Souza, S.; Stevenson, B. J.; Strausberg, R. L.; Tajara, E. H.; Verjovski-Almeida, S.; Acencio, M. L.; Bengtson, M. H.; Bettoni, F.; Bodmer, W. F.; Briones, M. R.; Camargo, L. P.; Cavenee, W.; Cerutti, J. M.; Coelho Andrade, L. E.; Costa dos Santos, P. C.; Ramos Costa, M. C.; da Silva, I. T.; Estecio, M. R.; Sa Ferreira, K.; Furnari, F. B.; Faria, M. Jr.; Galante, P. A.; Guimarães, G. S.; Holanda, A. J.; Kimura, E. T.; Leerkes, M. R.; Lu, X.; Maciel, R. M.; Martins, E. A.; Massirer, K. B.; Melo, A. S.; Mestriner, C. A.; Miracca, E. C.; Miranda, L. L.; Nóbrega, F. G.; Oliveira, P. S.; Paquola, A. C.; Pandolfi, J. R.; Campos Pardini, M. I.; Passetti, F.; Quackenbush, J.; Schnabel, B.; Sogayar, M. C.; Souza, J. E.; Valentini, S. R.; Zaiats, A. C.; Amaral, E. J.; Arnaldi, L. A.; de Araújo, A. G.; de Bessa, S. A.; Bicknell, D. C.; de Camaro, M. E. R.; Carraro, D. M.; Carrer, H.; Carvalho, A. F.; Colin, C.; Costa, F.; Curcio, C.; Guerreiro da Silva, I. D.; Pereira da Silva, N.; Dellamano, M.; El-Dorry, H.; Espreafico, E. M.; Scattone Ferreira, A. J.; Ayres Ferreira, C.; Fortes, M. A.; Gama, A. H.; Giannella-Neto, D.; Giannella, M. L.; Giorgi, R. R.; Goldman, G. H.; Goldman, M. H.; Hackel, C.; Ho, P. L.; Kimura, E. M.; Kowalski, L. P.; Krieger, J. E.; Leite, L. C.; Lopes, A.; Luna, A. M.; Mackay, A.; Mari, S. K.; Marques, A. A.; Martins, W. K.; Montagnini, A.; Mourao Neto, M.; Nascimento, A. L.; Neville, A. M.; Nóbrega, M. P.; O'Hare, M. J.; Otsuka, A. Y.; Ruas de Melo, A. I.; Paco-Larson, M. L.; Guimaraes Pereira, G.; Pereira da Silva, N.; Pesquero, J. B.; Pessoa, J. G.; Rahal, P.; Rainho, C. A.; Rodrigues, V.; Rogatto, S. R.; Romano, C. M.; Romeiro, J. G.; Rossi, B. M.; Rusticci, M.; Guerra de Sa, R.; Sant' Anna, S. C.; Sarmazo, M. L.; Silva, T. C.; Soares, F. A.; Sonati, M. de F.; de Freitas Sousa, J.; Queiroz, D.; Valente, V.; Vettore, A. L.; Villanova, F. E.; Zago, M. A.; Zalcberg, H.; Human Cancer Genome Project/Cancer Genome Anatomy Project Annotation Consortium; Human Cancer Genome Project Sequencing Consortium. The generation and utilization of a cancer-oriented representation of the human transcriptome by using expressed sequence tags. *Proc Natl Acad Sci U S A*. 2003; **100(23)**: 13418-23. Epub 2003.

- Brentani, R. R.; Carraro, D. M.; Verjovski-Almeida, S.; Reis, E. M.; Neves, E. J.; de Souza, S. J.; Carvalho, A. F.; Brentani, H.; Reis, L. F. Gene expression arrays in cancer research: methods and applications. *Crit. Rev. Oncol. Hematol.* 2005; **54(2)**: 95-105. Review.
- Camargo, A. A.; Samaia, H. P.; Dias-Neto, E.; Simão, D. F.; Migotto, I. A.; Briones, M. R.; Costa, F. F.; Nagai, M. A.; Verjovski-Almeida, S.; Zago, M. A.; Andrade, L. E.; Carrer, H.; El-Dorry, H. F.; Espreafico, E. M.; Habr-Gama, A.; Giannella-Neto, D.; Goldman, G. H.; Gruber, A.; Hackel, C.; Kimura, E. T.; Maciel, R. M.; Marie, S. K.; Martins, E. A.; Nóbrega, M. P.; Paco-Larson, M. L.; Pardini, M. I.; Pereira, G. G.; Pesquero, J. B.; Rodrigues, V.; Rogatto, S. R.; da Silva, I. D.; Sogayar, M. C.; Sonati, M. F.; Tajara, E. H.; Valentini, S. R.; Alberto, F. L.; Amaral, M. E.; Aneas, I.; Arnaldi, L. A.; de Assis, A. M.; Bengtson, M. H.; Bergamo, N. A.; Bombonato, V.; de Camargo, M. E.; Canevari, R. A.; Carraro, D. M.; Cerutti, J. M.; Correa, M. L.; Correa, R. F.; Costa, M. C.; Curcio, C.; Hokama, P. O.; Ferreira, A. J.; Furuzawa, G. K.; Gushiken, T.; Ho, P. L.; Kimura, E.; Krieger, J. E.; Leite, L. C.; Majumder, P.; Marins, M.; Marques, E. R.; Melo, A. S.; Melo, M. B.; Mestriner, C. A.; Miracca, E. C.; Miranda, D. C.; Nascimento, A. L.; Nóbrega, F. G.; Ojopi, E. P.; Pandolfi, J. R.; Pessoa, L. G.; Prevedel, A. C.; Rahal, P.; Rainho, C. A.; Reis, E. M.; Ribeiro, M. L.; da Ros, N.; de Sa, R. G.; Sales, M. M.; Sant'anna, S. C.; dos Santos, M. L.; da Silva, A. M.; da Silva, N. P.; Silva, W. A. Jr.; da Silveira, R. A.; Sousa, J. F.; Stecconi, D.; Tsukumo, F.; Valente, V.; Soares, F.; Moreira, E. S.; Nunes, D. N.; Correa, R. G.; Zalberg, H.; Carvalho, A. F.; Reis, L. F.; Brentani, R. R.; Simpson, A. J.; de Souza, S. J. The contribution of 700,000 ORF sequence tags to the definition of the human transcriptome. *Proc. Natl. Acad. Sci U S A.* 2001; **98(21)**: 12103-8.
- Cantino, E. C. Metabolism and morphogenesis in a new *Blastocladia*. *A. v. Leeuwenhoek.* 1951; **17**: 325-362.
- Cantino, E. C.; Hyatt, M. T. Phenotypic "sex" determination in the life history of a new species of *Blastocladia*, *B. emersonii*. *A. v. Leeuwenhoek.* 1953; **19**: 25-70.
- Carninci, P.; Waki, K.; Shiraki, T.; Konno, H.; Shibata, K.; Itoh, M.; Aizawa, K.; Arakawa, T.; Ishii, Y.; Sasaki, D.; Bono, H.; Kondo, S.; Sugahara, Y.; Saito, R.; Osato, N.; Fukuda, S.; Sato, K.; Watahiki, A.; Hirozane-Kishikawa, T.; Nakamura, M.; Shibata,

- Y.; Yasunishi, A.; Kikuchi, N.; Yoshiki, A.; Kusakabe, M.; Gustincich, S.; Beisel, K.; Pavan, W.; Aidinis, V.; Nakagawara, A.; Held, W. A.; Iwata, H.; Kono, T.; Nakauchi, H.; Lyons, P.; Wells, C.; Hume, D. A.; Fagiolini, M.; Hensch, T. K.; Brinkmeier, M.; Camper, S.; Hirota, J.; Mombaerts, P.; Muramatsu, M.; Okazaki, Y.; Kawai, J.; Hayashizaki, Y. Targeting a complex transcriptome: the construction of the mouse full-length cDNA encyclopedia. *Genome Res.* 2003; **13(6B)**: 1273-89.
- Carrozza, M. J.; Utley, R. T.; Workman, J. L.; Cote, J. The diverse functions of histone acetyltransferase complexes. *Trends Genet.* 2003; 19(6): 321-9.
- Cavalieri, D.; de Filippo, C. Bioinformatic methods for integrating whole-genome expression results into cellular networks. *Drug Discov Today.* 2005; **10(10)**: 727-34.
- Chang, M. H.; Chae, K. S.; Han, D. M.; Jahng, K. Y. The GanB G α -protein negatively regulates asexual sporulation and plays a positive role in conidial germination in *Aspergillus nidulans*. *Genetics.* 2004; **167**: 1305–1315.
- Cohen-Armon, M.; Sokolovsky, M. Depolarization-induced changes in the muscarinic receptor in rat brain and heart are mediated by pertussis-toxin-sensitive G-proteins. *J. Biol. Chem.* 1991; **266(4)**: 2595-605.
- Cohen-Armon, M.; Sokolovsky, M. Evidence for involvement of the voltage-dependent Na⁺ channel gating in depolarization-induced activation of G-proteins. *J. Biol. Chem.* 1993; **268(13)**: 9824-38.
- Cotter, D. A.; Dunbar, J.; Buconjic, D; Wheldrake, J. F. Ammonium phosphate in sori of *Dictyostelium discoideum* promotes spore dormancy through stimulation of the osmosensor ACG. *Microbiology.* 1999; **145**: 1891-1901.
- Coutinho, E. C.; Corrêa, L. C. The induction of sporulation in the aquatic fungus *Blastocladiella emersonii* is dependent on extracellular calcium. *FEMS Microbiol. Lett.* 1999; **179**: 353-359.
- da Silva, A. M.; Maia, J. C. C.; Juliani, M. H. Changes in the pattern of protein synthesis during zoospore germination in *Blastocladiella emersonii*. *J. of Bacteriol.* 1987; **169(5)**: 2069-2078.
- da Silva, A. M.; Juliani, M. H. Regulation of tubulin and actin synthesis and accumulation during *Blastocladiella emersonii* development. *Cell Differ.* 1988; **24(1)**: 45-54.

- da Silva, A. M.; Juliani, M. H.; Bonato, M. C. Effect of heat shock on S6 phosphorylation during the development of *Blastocladiella emersonii*. *Mol. Cell Biochem.* 1987; **78(1)**: 27-35.
- da Silva, A. M.; Maia, J. C. de C.; Juliani, M. H. Developmental changes in translatable RNA species and protein synthesis during sporulation in the aquatic fungus *Blastocladiella emersonii*. *Cell Differ.* 1986; **18(4)**: 263-74.
- Deering, R. A Radiation studies of *Blastocladiella emersonii*. *Radiat Res.* 1968; **34(1)**: 87-109.
- d'Enfert, C.; Bonini, B. M.; Zapella, P. D. A.; Fontaine, T.; da Silva, A. M.; Terenzi, H. F. Neutral trehalases catalyse intracellular trehalose breakdown in the filamentous fungi *Aspergillus nidulans* and *Neurospora crassa*. *Molec. Microbiol.* 1999; **32**: 471-483.
- d'Enfert, C.; Bonini, B. M.; Zapella, P. D.; Fontaine, T.; da Silva, A. M.; Terenzi, H. F. Neutral trehalases catalyse intracellular trehalose breakdown in the filamentous fungi *Aspergillus nidulans* and *Neurospora crassa*. *Mol. Microbiol.* 1999; **32(3)**: 471-83.
- d'Enfert, C.; Fontaine, T. Molecular characterization of the *Aspergillus nidulans* treA gene encoding an acid trehalase required for growth on trehalose. *Mol Microbiol.* 1997; **24(1)**: 203-16.
- de Oliveira, J. C.; Borges, A. C.; Marques, M. do V.; Gomes, S. L. Cloning and characterization of the gene for the catalytic subunit of cAMP-dependent protein kinase in the aquatic fungus *Blastocladiella emersonii*. *Eur J. Biochem.* 1994; **219(1-2)**: 555-62.
- DeRisi, J. L.; Iyer, V. R.; Brown, P. O. Exploring the metabolic and genetic control of gene expression on a genomic scale. *Science.* 1997; **278(5338)**: 680-6.
- Dickman, M. B.; Buhr, T. L.; Warwar, V.; Truesdell, G. M.; Huang, C. X. Molecular signals during the early stages of alfalfa anthracnose. *Can. J. Bot.* 1995; **73(Suppl. 1)**: S1169-S1177.
- Doehlemann, G.; Berndt, P.; Hahn, M. Different signalling pathways involving a Gα protein, cAMP and a MAP kinase control germination of *Botrytis cinerea* conidia. *Molecular Microbiology.* 2006; **59(3)**: 821-35.
- Eisen, M. B.; Spellman, P. T.; Brown, P. O.; Botstein, D. Cluster analysis and display of genome-wide expression patterns. *Proc Natl Acad Sci U S A.* 1998; **95(25)**: 14863-8.

- Etchebehere, L. C.; Simon, M. N.; Campanha, R. B.; Zapella, P. D.; Veron, M.; Maia, J. C. C. Developmental regulation of hexosamine biosynthesis by protein phosphatases 2A and 2C in *Blastocladiella emersonii*. *J. Bacteriol.* 1993; **175(16)**: 5022-7.
- Ewing, B.; Green, P. Base-calling of automated sequencer traces using phred. II. Error probabilities. *Genome Res.* 1998; **8(3)**: 186-94.
- Fei, Z.; Tang, X.; Alba, R. M.; White, J. A.; Ronning, C. M.; Martin, G. B.; Tanksley, S. D.; Giovannoni, J. J. Comprehensive EST analysis of tomato and comparative genomics of fruit ripening. *Plant J.* 2004; **40(1)**: 47-59.
- Felipe, M. S. S.; Andrade, R.V.; Petrofeza, S. S.; et al. Transcriptome characterization of the dimorphic and pathogenic fungus *Paracoccidioides brasiliensis* by EST analysis. *Yeast.* 2003; **20**: 263-271.
- Fillinger, S.; Chaverocche, M. K.; Shimizu, K.; Keller, N.; d'Enfert, C. cAMP and ras signalling independently control spore germination in the filamentous fungus *Aspergillus nidulans*. *Mol. Microbiol.* 2002; **44(4)**: 1001-16.
- Georgieva, E. I.; Lopez-Rodas, G.; Sendra, R.; Grobner, P.; Loidl, P. Histone acetylation in *Zea mays*. II. Biological significance of post-translational histone acetylation during embryo germination. *The Journal of Biological Chemistry.* 1991; **266(28)**: 18751-18760.
- Gerhold, D.; Caskey, C. T. It's the genes! EST access to human genome content. *Bioessays.* 1996; **18(12)**: 973-81.
- Goffeau, A.; et al. The yeast genome directory. *Nature.* 1997; **387(suppl.)**: 1±105.
- Goldman, G. H.; dos Reis Marques, E.; Duarte Ribeiro, D. C.; de Souza Bernardes, L. A.; Quiapin, A. C.; Vitorelli, P. M.; Savoldi, M.; Semighini, C. P.; de Oliveira, R. C.; Nunes, L. R.; Travassos, L. R.; Puccia, R.; Batista, W. L.; Ferreira, L. E.; Moreira, J. C.; Bogossian, A. P.; Tekaiia, F.; Nóbrega, M. P.; Nóbrega, F. G.; Goldman, M. H. Expressed sequence tag analysis of the human pathogen *Paracoccidioides brasiliensis* yeast phase: identification of putative homologues of *Candida albicans* virulence and pathogenicity genes. *Eukaryot Cell.* 2003; **2(1)**: 34-48.
- Gomes, S. L.; Mennucci, L.; Maia, J. C. C. Adenylate cyclase activity and cyclic AMP metabolism during cytodifferentiation of *Blastocladiella emersonii*. *Biochim. Biophys. Acta.* 1978; **541**: 190-198.

- Gomes, S. L.; Mennucci, L.; Maia, J. C. C. Calcium efflux during germination of *Blastocladiella emersonii*. *Develop. Biol.* 1980; **77**: 157-166.
- Gomes, S. L.; Mennucci, L.; Maia, J. C. C. Induction of *Blastocladiella emersonii* germination by cyclic adenosine 3', 5'-monophosphate. *Cell Differ.* 1980; **9**: 169-179.
- Gong, C.; Lovett, J. S. Regulation of protein synthesis in *Blastocladiella* zoospores: Factors for synthesis in nonsynthetic spores. *Experimental Mycology*. 1977; **1(2)**: 138-151.
- Goodman, L. A.; Kruskal, W. H. Measures of association for cross classifications. *J. Am. Stat. Assoc.* 1954; **49**: 732-764.
- Gottschalk, W. K.; Sonneborn, D. R. Phenotypic dissections of the *Blastocladiella emersonii* zoospore's developmental choice. *Dev. Biol.* 1982; **93**: 165-180.
- Grunstein, M. Histone Function in Transcription. *Annual Review of Cell Biology*. 1990; **6**: 643-676.
- Harold, R. L.; Harold, F. M. Oriented growth of *Blastocladiella emersonii* in gradients of ionophores and inhibitors. *J. Bacteriol.* 1980; **144(3)**: 1159-67.
- Hatanaka, M.; Shimoda, C. The cyclic AMP/PKA signal pathway is required for initiation of spore germination in *Schizosaccharomyces pombe*. *Yeast*. 2001; **18(3)**: 207-17.
- Hatzoglou, M.; Fernandez, J.; Yaman, I.; Closs, E. Regulation of cationic amino acid transport: the story of the CAT-1 transporter. *Annu. Rev. Nutr.* 2004; **24**: 377-99. Review.
- Hillier, L. D.; Lennon, G.; Becker, M.; Bonaldo, M. F.; Chiapelli, B.; Chissoe, S.; Dietrich, N.; DuBuque, T.; Favello, A.; Gish, W.; Hawkins, M.; Hultman, M.; Kucaba, T.; Lacy, M.; Le, M.; Le, N.; Mardis, E.; Moore, B.; Morris, M.; Parsons, J.; Prange, C.; Rifkin, L.; Rohlfing, T.; Schellenberg, K.; Marra, M.; et al. Generation and analysis of 280,000 human expressed sequence tags. *Genome Res.* 1996; **6(9)**: 807-28.
- Holsbeeks, I.; Lagatie, O.; Van Nuland, A.; Van de Velde, S.; Thevelein, J. M. The eukaryotic plasma membrane as a nutrient-sensing device. *Trends Biochem. Sci.* 2004; **29(10)**: 556-64. Review.
- Huang, X.; Madan, A. CAP3: A DNA sequence assembly program. *Genome Res.* 1999; **9(9)**: 868-77.
- Hubbard, S. J.; Grafham, D. V.; Beattie, K. J.; Overton, I. M.; McLaren, S. R.; Croning, M. D.; Boardman, P. E.; Bonfield, J. K.; Burnside, J.; Davies, R. M.; Farrell, E. R.; Francis,

- M. D.; Griffiths-Jones, S.; Humphray, S. J.; Hyland, C.; Scott, C. E.; Tang, H.; Taylor, R. G.; Tickle, C.; Brown, W. R.; Birney, E.; Rogers, J.; Wilson, S. A.. Transcriptome analysis for the chicken based on 19,626 finished cDNA sequences and 485,337 expressed sequence tags. *Genome Res.* 2005; **15(1)**: 174-83. Epub 2004.
- Hwang, L.; Hocking-Murray, D.; Bahrami, A. K.; Andersson, M.; Rine, J.; Sil, A. Exploring the metabolic and genetic control of gene expression on a genomic scale. *Science.* 1997; **278(5338)**: 680-6.
- Jaworski, A. J.; Stumhofer, P. Dormant ribosomes in *Blastocladiella emersonii* zoospores are arrested at elongation. *Exp. Mycol.* 1984; **8**: 13-24.
- Jen, C. J.; Haug, A. Potassium-induced depolarization of the transmembrane potential in *Blastocladiella emersonii* zoospores precedes encystment. *Exp. Cell Res.* 1981; **131(1)**:79-87.
- Juliani, M. H.; Brochetto, M. R.; Maia, J. C. da C. Changes in cyclic AMP binding and protein kinase activities during growth and differentiation of *Blastocladiella emersonii*. *Cell Differ.* 1979; **8(6)**: 421-30.
- Kasuga, T.; Townsend, J. P.; Tian, C.; Gilbert, L. B.; Mannhaupt, G.; Taylor, J. W.; Glass, N. L. Long-oligomer microarray profiling in *Neurospora crassa* reveals the transcriptional program underlying biochemical and physiological events of conidial germination. *Nucleic Acids Res.* 2005; **33(20)**: 6469-85.
- Kim, S. K.; Lund, J.; Kiraly, M.; Duke, K.; Jiang, M.; Stuart, J. M.; Eizinger, A.; Wylie, B. N.; Davidson, G. S. A gene expression map for *Caenorhabditis elegans*. *Science.* 2001; **293(5537)**: 2087-92.
- Kim, Y. K.; Li, D.; Kolattukudy, P. E. Induction of Ca²⁺-calmodulin signaling by hard-surface contact primes *Colletotrichum gloeosporioides* conidia to germinate and form appressoria. *J. Bacteriol.* 1998; **180(19)**: 5144-50.
- Koide, T.; Salem-Izacc, S. M.; Gomes, S. L.; Vêncio, R. Z. N. SpotWhatR: an user-friendly microarray data analysis system. *Genetics and Molecular Research.* 2006; **5**: 93-107.
- Leaver, C. J.; Lovett, J. S. An analysis of protein and RNA synthesis during encystment and outgrowth (germination) of *Blastocladiella zoospores*. *Cell Differ.* 1974; **3(3)**: 165-92.

- Lengeler, K. B.; Davidson, R. C.; D'souza, C.; Harashima, T.; Shen, W. C.; Wang, P.; Pan, X.; Waugh, M.; Heitman, J. Signal transduction cascades regulating fungal development and virulence. *Microbiol. Mol. Biol. Rev.* 2000; **64(4)**: 746-85. Review.
- Livak, K. J.; Schmittgen, T. D. Analysis of relative gene expression data using real-time quantitative PCR and the 2-delta-deltaCT Method. *Methods.* 2001; **25**: 402-408.
- Lovett, J. S. Growth and differentiation of the water mold *Blastocladiella emersonii*: cytodifferentiation and the role of ribonucleic acid and protein synthesis. *Bacteriol. Rev.* 1975; **39(4)**: 345-404.
- Lovett, J. S. Reactivation of ribonucleic acid and protein synthesis during germination of *Blastocladiella* zoospores and the role of the ribosomal nuclear cap. *J. Bacteriol.* 1968; **96(4)**: 962-9.
- Maia, J. C. C.; Camargo, E. P. cAMP phosphodiesterase activity during growth and differentiation in *Blastocladiella emersonii*. *Cell Differ.* 1974; **3**: 147-155.
- Maia, J. C. Hexosamine and cell wall biogenesis in the aquatic fungus *Blastocladiella emersonii*. *FASEB J.* 1994; **8(11)**: 848-53. Review.
- Marques, M. do V.; Juliani, M. H.; Maia, J. C.; Gomes, S. L. Developmental regulation of expression of the regulatory subunit of the cAMP-dependent protein kinase of *Blastocladiella emersonii*. *Eur. J. Biochem.* 1989; **178(3)**: 803-10.
- Marques, M. V.; Borges, A. C.; de Oliveira, J. C.; Gomes, S. L. Coordinate pretranslational control of cAMP-dependent protein kinase subunit expression during development in the water mold *Blastocladiella emersonii*. *Dev. Biol.* 1992; **149(2)**: 432-9.
- Marques, M. V.; Gomes, S. L. Cloning and structural analysis of the gene for the regulatory subunit of cAMP-dependent protein kinase in *Blastocladiella emersonii*. *J. Biol. Chem.* 1992; **267(24)**: 17201-7.
- Mirkes, P. E. Polysomes, ribonucleic acid, and protein synthesis during germination of *Neurospora crassa* conidia. *J. Bacteriol.* 1974; **117(1)**: 196-202.
- Moir, A.; Kemp, E. H.; Robinson, C.; Coefe, B. M. The genetic analysis of bacterial spore germination. *J. Appl. Microbiol.* 1994; **77**: 9S-16S.
- Myers, R. B.; Cantino, E. C. The gamma particle. A study of cell-organelle interactions in the development of the water mold *Blastocladiella emersonii*. *Monogr. Dev. Biol.* 1974; **8**: 1-117.

- Nelson, M. A.; Kang, S. et al. Expressed sequences from conidial, mycelial, and sexual stages of *Neurospora crassa*. *Fung. Genet. Biol.* 1997; **21**: 348-363.
- Neuwald, A. F.; Landsman, D. GCN5-related histone N-acetyltransferases belong to a diverse superfamily that includes the yeast SPT10 protein. *Trends Biochem. Sci.* 1997; **22(5)**: 154-5.
- Nugent, K. G.; Choffe, K.; Saville, B. J. Gene expression during *Ustilago maydis* diploid filamentous growth: EST library creation and analyses. *Fungal Genet. Biol.* 2004; **41(3)**: 349-60.
- Nunes, L. R.; de Oliveira, R. C.; Leite, D. B.; da Silva, V. S.; Marques, E. dos R.; Ferreira, M. E. da S.; Ribeiro, D. C.; Bernardes, L. A. de S.; Goldman, M. H.; Puccia, R.; Travassos, L. R.; Batista, W. L.; Nóbrega, M. P.; Nóbrega, F. G.; Yang, D. Y.; Pereira, C. A. de B.; Goldman, G. H. Transcriptome analysis of *Paracoccidioides brasiliensis* cells undergoing mycelium-to-yeast transition. *Eukaryot. Cell.* 2005; **4(12)**: 2115-28.
- Oshero, N.; May, G. Conidial germination in *Aspergillus nidulans* requires RAS signaling and protein synthesis. *Genetics.* 2000; **155(2)**: 647-56.
- Oshero, N.; May, G. S. The molecular mechanisms of conidial germination. *FEMS Microbiol. Lett.* 2001; **199(2)**:153-60.
- Ota, T.; Suzuki, Y.; Nishikawa, T.; Otsuki, T.; Sugiyama, T.; Irie, R.; Wakamatsu, A.; Hayashi, K.; Sato, H.; Nagai, K.; et al. Complete sequencing and characterization of 21,243 full-length human cDNAs. *Nat. Genet.* 2004; **36**: 40-45
- Pahlman, A. K.; Granath, K.; Ansell, R.; Hohmann, S.; Adler, L. The yeast glycerol 3-phosphatases Gpp1p and Gpp2p are required for glycerol biosynthesis and differentially involved in the cellular responses to osmotic, anaerobic, and oxidative stress. *J. Biol. Chem.* 2001; **276(5)**: 3555-63. Epub 2000.
- Paquola, A. C.; Nishiyama, M. Y. Jr.; Reis, E. M.; da Silva, A. M.; Verjovski-Almeida, S. ESTWeb: bioinformatics services for EST sequencing projects. *Bioinformatics.* 2003; **19(12)**: 1587-8.
- Quackenbush, J. Computational analysis of microarray data. *Nat. Rev. Genet.* 2001; **2(6)**: 418-27.

- Rensink, W.; Hart, A.; Liu, J.; Ouyang, S.; Zismann, V.; Buell, C. R. Analyzing the potato abiotic stress transcriptome using expressed sequence tags. *Genome*. 2005; **48(4)**: 598-605.
- Ribichich, K. F.; Salem-Izacc, S. M.; Georg, R. C.; Vêncio, R. Z.; Navarro, L. D.; Gomes, S. L. Gene discovery and expression profile analysis through sequencing of expressed sequence tags from different developmental stages of the chytridiomycete *Blastocladiella emersonii*. *Eukaryot Cell*. 2005; **4(2)**: 455-64.
- Ronning, C. M.; Stegalkina, S. S.; Ascenzi, R. A.; Bougri, O.; Hart, A. L.; Utterbach, T. R.; Vanaken, S. E.; Riedmuller, S. B.; White, J. A.; Cho, J.; Pertea, G. M.; Lee, Y.; Karamycheva, S.; Sultana, R.; Tsai, J.; Quackenbush, J.; Griffiths, H. M.; Restrepo, S.; Smart, C. D.; Fry, W. E.; Van Der Hoeven, R.; Tanksley, S.; Zhang, P.; Jin, H.; Yamamoto, M. L.; Baker, B. J.; Buell, C. R. Comparative analyses of potato expressed sequence tag libraries. *Plant Physiol*. 2003; **131(2)**: 419-29.
- Rudd, S. Expressed sequence tags: alternative or complement to whole genome sequences? *Trends Plant Sci*. 2003; **8(7)**: 321-9.
- Sambrook, J.; Fritsch, E. F.; Maniatis, T. Molecular cloning: A laboratory manual. *Cold spring Harbor, New York*, 1989.
- Schena, M.; Shalon, D.; Davis, R. W.; Brown, P. O. Quantitative monitoring of gene expression patterns with a complementary DNA microarray. *Science*. 1995; **270(5235)**: 467-70.
- Schmit, J. C.; Brody, S. Biochemical Genetics of *Neurospora crassa* Conidial Germination. *Bacteriol. Rev*. 1976; **40**: 1-41.
- Sharov, A. A.; Piao, Y.; Matoba, R.; Dudekula, D. B.; Qian, Y.; VanBuren, V.; Falco, G.; Martin, P. R.; Stagg, C. A.; Basse, U. C.; Wang, Y.; Carter, M. G.; Hamatani, T.; Aiba, K.; Akutsu, H.; Sharova, L.; Tanaka, T. S.; Kimber, W. L.; Yoshikawa, T.; Jaradat, A.; Pantano, S.; Nagaraja, R.; Boheler, K. R.; Taub, D.; Hodes, R. J.; Longo, D. L.; Schlessinger, D.; Keller, J.; Klotz, E.; Kelsoe, G.; Umezawa, A.; Vescovi, A. L.; Rossant, J.; Kunath, T.; Hogan, B. L.; Curci, A.; D'Urso, M.; Kelso, J.; Hide, W.; Ko, M. S. Transcriptome analysis of mouse stem cells and early embryos. *PLoS Biol*. 2003; **1(3)**: E74. Epub 2003.

- Shaw, B. D.; Hoch, H. C. Ca²⁺ regulation of *Phyllosticta ampellicida* pycnidiospore germination and appressorium Formation. *Fungal Genet. Biol.* 2000; **31(1)**: 43-53.
- Silverman, P. M.; Huh, M. M.; Sun, L. Protein synthesis during zoospore germination in the aquatic phycomycete *Blastocladiella emersonii*. *Dev. Biol.* 1974; **40(1)**: 59-70.
- Simão, R. de C. G.; Gomes, S. L. Structure, expression, and functional analysis of the gene coding for calmodulin in the chytridiomycete *Blastocladiella emersonii*. *J. Bacteriol.* 2001; **183(7)**: 72280–2288.
- Soeda, Y.; Konings, M. C. J. M.; Vorst, O.; van Houwelingen, A. M. M. L.; Stoop, G. M.; Maliepaard, C. A.; Kodde, J.; Bino, R. J.; Groot, S. P. C.; van der Geest, A. H. M. Gene expression programs during *Brassica oleracea* seed maturation, osmopriming, and germination are indicators of progression of the germination process and the stress tolerance level. *Plant. Physiol.* 2005; **137**: 354–368.
- Soll, D. R.; Sonneborn, D. R. Zoospore germination in *Blastocladiella emersonii*: Cell differentiation without protein synthesis? *Proc. Natl. Acad. Sci.* 1971; **68**: 459-463.
- Soll, D. R.; Sonneborn, D. R. Zoospore germination in the water mold. *Blastocladiella emersonii*. II. Influence of cellular and environmental variables on germination. *Dev Biol.* 1969; **20(3)**: 218-35.
- Steen, B. R.; Lian, T.; Zuyderduyn, S.; MacDonald, W. K.; Marra, M.; Jones, S. J.; Kronstad, J. W. Temperature-regulated transcription in the pathogenic fungus *Cryptococcus neoformans*. *Genome Res.* 2002; **12(9)**: 1386-400.
- Sterky, F.; Bhalerao, R. R.; Unneberg, P.; Segerman, B.; Nilsson, P.; Brunner, A. M.; Charbonnel-Campaa, L.; Lindvall, J. J.; Tandré, K.; Strauss, S. H.; Sundberg, B.; Gustafsson, P.; Uhlen, M.; Bhalerao, R. P.; Nilsson, O.; Sandberg, G.; Karlsson, J.; Lundeberg, J.; Jansson, S. A Populus EST resource for plant functional genomics. *Proc Natl Acad Sci U S A.* 2004; **101(38)**: 13951-6. Epub 2004.
- Stoughton, R. B. Applications of DNA microarrays in biology. *Annu Rev. Biochem.* 2005; **74**: 53-82. Review.
- Terenzi, H.; Maia, J. C. Regulation of adenylyl cyclase from *Blastocladiella emersonii* by guanine nucleotides. *FEBS Lett.* 1993; **334(1)**: 9-12.
- Thevelein, J. M. Regulation of trehalose mobilization in fungi. *Microbiol. Rev.* 1984; **48**: 42-59.

- Thevelein, J. M. Signal transduction in yeast. *Yeast*. 1994; **10(13)**: 1753-90.
- Thevelein, J. M.; de Winde, J. H. Novel sensing mechanisms and targets for the cAMP-protein kinase A pathway in the yeast *Saccharomyces cerevisiae*. *Mol. Microbiol.* 1999; **33(5)**: 904-18.
- Truesdell, G. M.; Yang, Z.; Dickman, M. B. A Ga subunit gene from the phytopathogenic fungus *Colletotrichum trifolii* is required for conidial germination. *Physiol Mol Plant Pathol*. 2000; **56**: 131–140.
- Tucci, A. F.; Ceci, L. N. Homocitrate synthase from yeast. *Arch Biochem Biophys*. 1972; **153(2)**: 742-50.
- Vale, V. L.; Gomes, S. L.; Maia, J. C. C.; Mennucci, L. Transient cyclic AMP accumulation in germinating zoospores of *Blastocladiella emersonii*. *FEBS Lett*. 1976; **67**: 189-192.
- Van Brunt, J.; Harold, F. M. Ionic control of germination of *Blastocladiella emersonii* zoospores. *J. Bacteriol*. 1980; **141(2)**: 735-44.
- Van Driessche, N.; Shaw, C.; Katoh, M.; Morio, T.; Sucgang, R.; Ibarra, M.; Kuwayama, H.; Saito, T.; Urushihara, H.; Maeda, M.; Takeuchi, I.; Ochiai, H.; Eaton, W.; Tollett, J.; Halter, J.; Kuspa, A.; Tanaka, Y.; Shaulsky, G. A transcriptional profile of multicellular development in *Dictyostelium discoideum*. *Development*. 2002; **129(7)**: 1543-52.
- Vandercammen, A.; Francois, J. M.; Torres, B. B.; Maia, J. C.; Hers, H. G. Fructose 2,6-bisphosphate and carbohydrate metabolism during the life cycle of the aquatic fungus *Blastocladiella emersonii*. *J. Gen. Microbiol*. 1990; **136(1)**: 137-46.
- Velculescu, V. E.; Zhang, L.; Vogelstein, B.; Kinzler, K. W. Serial analysis of gene expression. *Science*. 1995; **270(5235)**: 484-7.
- Vêncio, R. Z. N.; Koide, T.; Gomes, S. L.; Pereira, C. A. de B. BayGO: Bayesian analysis of ontology term enrichment in microarray data. *BMC Bioinformatics*. 2006; **7**: 86.
- Vêncio, R. Z.; Brentani, H.; Pereira, C. A. Using credibility intervals instead of hypothesis tests in SAGE analysis. *Bioinformatics*. 2003; **19(18)**: 2461-4.
- Vêncio, R. Z.; Koide, T. HTself: Self-Self Based Statistical Test for Low Replication Microarray Studies. *DNA Res*. 2005; **12(3)**: 211-4.

- Vettore, A. L.; da Silva, F. R.; Kemper, E. L.; Souza, G. M.; da Silva, A. M.; Ferro, M. I.; Henrique-Silva, F.; Giglioti, E. A.; Lemos, M. V.; Coutinho, L. L.; Nóbrega, M. P.; Carrer, H.; Franca, S. C.; Bacci Junior, M.; Goldman, M. H.; Gomes, S. L.; Nunes, L. R.; Camargo, L. E.; Siqueira, W. J.; Van Sluys, M. A.; Thiemann, O. H.; Kuramae, E. E.; Santelli, R. V.; Marino, C. L.; Targon, M. L.; Ferro, J. A.; Silveira, H. C.; Marini, D. C.; Lemos, E. G.; Monteiro-Vitorello, C. B.; Tambor, J. H.; Carraro, D. M.; Roberto, P. G.; Martins, V. G.; Goldman, G. H.; de Oliveira, R. C.; Truffi, D.; Colombo, C. A.; Rossi, M.; de Araújo, P. G.; Sculaccio, S. A.; Angella, A.; Lima, M. M.; de Rosa Junior, V. E.; Siviero, F.; Coscrato, V. E.; Machado, M. A.; Grivet, L.; Di Mauro, S. M.; Nóbrega, F. G.; Menck, C. F.; Braga, M. D.; Telles, G. P.; Cara, F. A.; Pedrosa, G.; Meidanis, J.; Arruda, P. Analysis and functional annotation of an expressed sequence tag collection for tropical crop sugarcane. *Genome Res.* 2003; **13(12)**: 2725-35. Epub 2003.
- Wendland, J. Comparison of morphogenetic networks of filamentous fungi and yeast. *Fungal Genet. Biol.* 2001; **34(2)**: 63-82. Review.
- White, K. P.; Rifkin, S. A.; Hurban, P.; Hogness, D. S. Microarray analysis of *Drosophila* development during metamorphosis. *Science.* 1999; **286(5447)**: 2179-84.
- Wood, V.; Gwilliam, R.; Rajandream, M. A.; Lyne, M.; Lyne, R.; Stewart, A.; Sgouros, J.; Peat, N.; Hayles, J.; Baker, S.; Basham, D.; Bowman, S.; Brooks, K.; Brown, D.; Brown, S.; Chillingworth, T.; Churcher, C.; Collins, M.; Connor, R.; Cronin, A.; Davis, P.; Feltwell, T.; Fraser, A.; Gentles, S.; Goble, A.; Hamlin, N.; Harris, D.; Hidalgo, J.; Hodgson, G.; Holroyd, S.; Hornsby, T.; Howarth, S.; Huckle, E. J.; Hunt, S.; Jagels, K.; James, K.; Jones, L.; Jones, M.; Leather, S.; McDonald, S.; McLean, J.; Mooney, P.; Moule, S.; Mungall, K.; Murphy, L.; Niblett, D.; Odell, C.; Oliver, K.; O'Neil, S.; Pearson, D.; Quail, M. A.; Rabbinowitsch, E.; Rutherford, K.; Rutter, S.; Saunders, D.; Seeger, K.; Sharp, S.; Skelton, J.; Simmonds, M.; Squares, R.; Squares, S.; Stevens, K.; Taylor, K.; Taylor, R. G.; Tivey, A.; Walsh, S.; Warren, T.; Whitehead, S.; Woodward, J.; Volckaert, G.; Aert, R.; Robben, J.; Grymonprez, B.; Weltjens, I.; Vanstreels, E.; Rieger, M.; Schafer, M.; Muller-Auer, S.; Gabel, C.; Fuchs, M.; Dusterhoft, A.; Fritze, C.; Holzer, E.; Moestl, D.; Hilbert, H.; Borzym, K.; Langer, I.; Beck, A.; Lehrach, H.; Reinhardt, R.; Pohl, T. M.; Eger, P.; Zimmermann, W.; Wedler, H.; Wambutt, R.;

- Purnelle, B.; Goffeau, A.; Cadieu, E.; Dreano, S.; Gloux, S.; Lelaure, V.; Mottier, S.; Galibert, F.; Aves, S. J.; Xiang, Z.; Hunt, C.; Moore, K.; Hurst, S. M.; Lucas, M.; Rochet, M.; Gaillardin, C.; Tallada, V. A.; Garzon, A.; Thode, G.; Daga, R. R.; Cruzado, L.; Jimenez, J.; Sanchez, M.; del Rey, F.; Benito, J.; Dominguez, A.; Revuelta, J. L.; Moreno, S.; Armstrong, J.; Forsburg, S. L.; Cerutti, L.; Lowe, T.; McCombie, W. R.; Paulsen, I.; Potashkin, J.; Shpakovski, G. V.; Ussery, D.; Barrell, B. G.; Nurse, P. The genome sequence of *Schizosaccharomyces pombe*. *Nature*. 2002; **415(6874)**: 871-80.
- Wyrick, J. J.; Holstege, F. C.; Jennings, E. G.; Causton, H. C.; Shore, D.; Grunstein, M.; Lander, E. S.; Young, R. A. Chromosomal landscape of nucleosome-dependent gene expression and silencing in yeast. *Nature*. 1999; **402(6760)**: 418-21.
- Xu, G.; West, T. P. Protein synthesis during germination of heterothallic yeast ascospores. *Experientia (Basel)*. 1992; **46**: 768-788.
- Xu, Q.; Ibarra, M.; Mahadeo, D.; Shaw, C.; Huang, E.; Kuspa, A.; Cotter, D.; Shaulsky, G. Transcriptional transitions during *Dictyostelium* spore germination. *Eukaryot Cell*. 2004; **3(5)**: 1101-10.
- Xue, Y.; Batlle, M.; Hirsch, J. P. GPR1 encodes a putative G protein-coupled receptor that associates with the Gpa2p Galpha subunit and functions in a Ras-independent pathway. *EMBO J*. 1998; **17(7)**: 1996-2007.
- Zahiri, A. R.; Babu, M. R.; Saville, B. J. Differential gene expression during teliospore germination in *Ustilago maydis*. *Mol. Genet. Genomics*. 2005; **273**: 394-403.
- Zhou, Y.; Tang, J.; Walker, M. G.; Zhang, X.; Wang, J.; Hu, S.; Xu, H.; Deng, Y.; Dong, J.; Ye, L.; Lin, L.; Li, J.; Wang, X.; Xu, H.; Pan, Y.; Lin, W.; Tian, W.; Liu, J.; Wei, L.; Liu, S.; Yang, H.; Yu, J.; Wang, J. Gene identification and expression analysis of 86,136 Expressed Sequence Tags (EST) from the rice genome. *Genomics Proteomics Bioinformatics*. 2003; **1(1)**: 26-42.
- Zhu, W.; Schlueter, S. D.; Brendel, V. Refined annotation of the *Arabidopsis* genome by complete expressed sequence tag mapping. *Plant Physiol*. 2003; **132(2)**: 469-84.
- Zuber, S.; Hynes, M. J.; Andrianopoulos, A. The G-protein alpha-subunit GasC plays a major role in germination in the dimorphic fungus *Penicillium marneffeii*. *Genetics*. 2003; **164**: 487-499.