## INTRODUCCIÓN

Los hongos filamentosos constituyen una parte importante del ecosistema y ayudan en gran medida a mantener el balance de la biósfera. Además de su papel en el ecosistema, también tienen gran importancia en otros sistemas más relacionados al ser humano como lo es la industria alimenticia [1], farmacéutica [2], agrícola [3], médica [4] e investigación científica [5]. Los hongos filamentosos tienen una morfología característica debido al crecimiento de sus hifas, las cuales se desarrollan a partir de puntos de germinación y se ramifican hasta formar diferentes estructuras macroscópicas [6]. Este grupo de hongos pertenece a la subdivisión “Pezizomycota”, la cual se encuentra dentro de la división “Ascomycota” [7], donde se encuentran todos los hongos de morfología filamentosa. Los hongos filamentosos producen esporas como medida de propagación y supervivencia, y se producen por reproducción sexual (ascosporas) o asexual (conidios) [8]. Todos los hongos filamentosos se exponen a diversos factores ambientales abióticos durante todo su desarrollo. Un factor abiótico se define como una condición no viva, como el clima o hábitat, que determina el desarrollo y supervivencia de una especie, o un organismo. Estos factores abióticos pueden ser la temperatura, la intensidad de luz y la disponibilidad de minerales y nutrientes [9]. Cuando los factores abióticos se vuelven desfavorables, los hongos filamentosos experimentan un proceso llamado estrés, el cual hace referencia a respuestas asociadas a daños intracelulares provocadas por cambios ambientales [10], [11]. Todo tipo de estrés altera la homeostasis celular, y, en consecuencia, desencadena respuestas que intentan hacer frente a este desequilibrio. Existen varios tipos de estrés tales como estrés osmótico, oxidativo, lumínico y térmico, y están ligados a procesos fisiológicos de los hongos como el crecimiento radial, conidiación, patogenicidad, y producción de metabolitos secundarios como toxinas, pigmentos y compuestos de interés industrial. Los hongos filamentosos poseen vías intracelulares de señalización que les permiten responder eficazmente a diferentes tipos de estrés [12], sin embargo, aunque la mayoría de los hongos comparten mecanismos conservados, estos no son idénticos.

Las vías de transducción de señales, o vías de señalización, están presentes en todos los organismos, desde bacterias hasta mamíferos y plantas, y se componen de mecanismos moleculares que activan y desactivan procesos completos. Cada mecanismo es regulado por varias proteínas de función específica, que en conjunto y de forma regulada reorganizan la maquinaria intracelular provocando cambios a gran escala, por ejemplo, la inducción a estados fisiológicos que favorecen su adaptación y supervivencia en un nuevo ambiente.

Actualmente, se conocen varios mecanismos que, integrados intentan explicar detalladamente las bases moleculares de las respuestas asociadas varios estímulos ambientales y nutricionales en hongos filamentosos incluyendo la transducción de señales en condiciones de estrés. Entre estos mecanismos se encuentran las proteínas G heterotriméricas, que sí bien no han sido ampliamente estudiadas en hongos, constituyen uno de los mediadores más importantes de la cascada de reacciones intracelulares, debido a su papel regulador en el desarrollo de los hongos filamentosos y de la respuesta a las condiciones ambientales, papel que ha sido observado desde los primeros reportes sobre estas proteínas, en hongos filamentosos demostraron que son esenciales para el crecimiento, el desarrollo y la virulencia de especies patogénicas en animales y plantas [13], [14] [15].

Los estudios realizados en hongos filamentosos sobre los mecanismos de respuesta a diversos tipos de estrés mediado por las proteínas G son aún más limitados por lo que el siguiente trabajo presenta una visión general sobre la participación de las proteínas G heterotriméricas, particularmente de la subunidad G alfa en la respuesta a condiciones de estrés osmótico, oxidativo, térmico y lumínico, así como su impacto sobre la morfología y la fisiología de los hongos ascomycetos.

Sin embargo, cabe mencionar que a pesar de la gran cantidad de información no dejan de ser altamente complejos y aún siguen dejando dudas.

…

Una de las primeras vías de señalización estudiadas en hongos fue la vía HOG asociada a respuestas con estrés osmótico. Aunque se han descrito muchos mecanismos y sus elementos principales no se ha estudiado el papel de las proteínas G heterotriméricas como iniciadores de la respuesta

Una de las vías de señalización principales, aunque no estudiadas en gran profundidad asociadas a varios tipos de estrés es la vía de las proteínas G heterotriméricas. Aunque no se le ha dado mucha importancia, las proteínas G heterotriméricas juegan un papel importante en todas las respuestas de todos los organismos, y considerando su localización como uno de los primeros puntos de contacto con el exterior es bueno considerar todos los estudios que giran en base a este heterotrímero ya que puede resultar crucial su conocimiento para posteriores estudios o para comprender más el funcionamiento de las respuestas o comportamientos celulares.

Los hongos filamentosos tienen gran importancia en varias áreas por lo cual son de interés.

El organismo modelo que ha sido usado para develar varios de los mecanismos descubiertos en estos hongos filamentosos ha sido la levadura Saccharomyces cerevisiae

Saccharomyces cerevisiae es el hongo ascomiceto más estudiado. Las bases de datos SGD (Saccharomyces Genome Database) y YeastMine almacena información funcional como

En S. cerevisiae se han clasificado manualmente X proteínas en respuesta a estrés oxidativo (GO:XXXXXXX), y en respuesta a estrés osmótico (GO:XXXXXXX), luz y temperatura.

A pesar de que organismo modelo ha sido S. cerevisiae, se ha profundizado este tipo de estudios en hongos filamentosos

N. crassa, Aspergillus sp. son de hongos filamentosos más estudiados

Se han secuenciado los genomas de varios hongos filamentosos aproximadamente alrededor de x hongos filamentosos hay sido secuenciados.

Los mecanismos de respuesta a diversos tipos de estrés ha tomado importancia debido a la complejidad de

Un análisis funcional reveló que cada subunidad de la proteína G está implicada en múltiples procesos

No es posible separar los mecanismos provocados por factores bióticos de los abióticos, por lo tanto, la interacción entre estos dos factores son orquestados por vías de señalización como respuesta.

Esta revisión muestra una visión general de los mecanismos moleculares implicados en las respuestas provocadas por factores ambientales abióticos. Se enfoca en el impacto de estos mecanismos sobre el desarrollo de los hongos filamentosos.

## **PROTEÍNAS G HETEROTRIMÉRICAS EN HONGOS FILAMENTOSOS**

Las proteínas G heterotriméricas (Proteínas G) constituyen parte esencial de las vías de transducción de señales en todos los organismos eucariotas. Su localización en la cara interna de las membranas les permite procesar señales del exterior y estimular respuestas intracelulares específicas. Las proteínas G están conformadas por tres subunidades monoméricas llamadas alfa (Gα), beta (Gβ) y gamma (Gγ), las cuales interaccionan con receptores de membrana y proteínas efectoras [16]. La subunidad Gα contiene un dominio conservado con actividad GTPasa, el cual estabiliza e hidroliza nucleótidos de guanina bajo condiciones apropiadas. El ciclo funcional de las proteínas G ocurre en la cara interna de las membranas y comienza con la unión de un ligando a un receptor específico. La activación del receptor provoca un cambio conformacional en la subunidad Gα que mantiene unido GDP, llevando a un intercambio del GDP por GTP en su dominio GTPasa y en consecuencia la disociación del heterotrímero en dos complejos el primero conformado por Gα-GTP y el segundo por el dímero Gβγ. La actividad hidrolítica del dominio GTPasa conduce a la pérdida del fosfato gamma del nucleótido GTP, inactivando a Gα que queda asociada a GDP, y que posteriormente se asocia al dímero Gβγ, quedando inactivo el heterotrímero [17].

### CARACTERÍSTICAS MOLECULARES DE LA SUBUNIDAD Gα

En hogos filamentosos se han encontrado tres subgrupos (I, II y III) de subunidades G alfa (Gα) de las proteínas G [18]. Esta clasificación se estableció por homología de secuencias entre subunidades Gα identificadas en algunos hongos filamentosos en ese momento, y por identidad estructural con las subunidades alfa identificadas en mamíferos. En este sentido, los subgrupos I y III se relacionaron con las subunidades de las clases Gαi y Gαs de mamíferos, las cuales inhiben y estimulan la actividad de la adenilato ciclasa (adenylyl cyclase: AC), respectivamente, mientras que las del subgrupo II no mostraron correspondencia con alguna subunidad Gα de mamíferos [18]. Las subunidades Gα del subgrupo I presentan alta identidad en su secuencia en todos los hongos filamentosos. Este subgrupo presenta un sitio de *N*-miristoilación (MG*XXX*S) en su extremo N-Terminal (donde M representa un residuo de metionina, G representa un residuo de glicina y *X* representa cualquier aminoácido) y un sitio para ADP ribosilación (C*AAX*) por la toxina de cólera en su extremo C-Terminal (donde C represena un residuo de cisteína y *A* representa algún residuo alifático). En S. cerevisiae se ha reportado una *S*-palmitoilación en la cisteína 3, aunque no hay reportes de esta modificación en hongos filamentosos [19]. Las subunidades Gα del subgrupo II no sigue estrictamente el patrón del sitio de miristoilación (MG*XXX*S) en su extremo N-Terminal, sólo algunos hongos conservan este motivo, y por otro lado carece de un sitio para ADP ribosilación (C*AAX*) en su extremo C-Terminal. Las subunidades Gα del subgrupo III, al igual que el subgrupo I presenta un sitio de miristoilación (MG*XXX*S) en su extremo N-Terminal pero carece de un sitio para ADP ribosilación (C*AAX* en su extremo C-Terminal.

Las subunidades del subgrupo I han relacionadas con procesos de . Las del subgrupo II con . Y las del subgrupo III con .

Los diferentes grupos de proteínas Gα presentan un sitio de unión a nucleótidos de guanina y secuencias variables de reconocimiento a otras moléculas. En ascomicetos las proteínas Gα conservan los intrones I y II de mamíferos [22], pueden presentar más intrones, como en el caso de magA de *M. grisea* que tiene 5 intrones, pueden presentar sitio de miristoilación y de ADP-ribosilación, solo sitio de miristoilación como en el caso de magA o no contener estas últimas secuencias consenso como en el caso de las proteínas Gα del grupo II, gna2 de *N. crassa* y MagC de *M. grisea* [23] [14].

Las proteínas Gα del grupo I se caracterizan por tener ambas secuencias consenso de miristoilación y de ADP-ribosilación [24]; este último localizado en su extremo carboxilo terminal, formado por cuatro residuos de cisteína, que son el blanco de la ADP-ribosilación por la toxina pertussis (una ADP-ribosiltransferasa) producida por *Bordetella pertussis,* la toxina cataliza la transferencia de ADP-ribosa desde un NAD (di-nucleótido de nicotinamida-adenina) a las proteínas de unión a nucleótidos guanina, que conduce a la separación de la subunidad Gα de su receptor y así evita la activación de la señal mediada por el receptor de las proteínas G [22]. La ADP-ribosilación es inhibida por luz azul y GTP; la luz azul mejora la unión de GTP a las membranas en el hongo filamentoso *Coprinus congregatus*, [23], que indica una posible conservación funcional de las proteínas Gα por asociación a moléculas dependiente de luz que median su transcripción [25]

En su extremo amino terminal presenta la secuencia consenso de miristoilación MGXXXS (de adición de ácido mirístico) [14] que mejora la asociación de la proteína Gα con el dímero Gβγ y es requerido para unirse a la membrana.[23][22] también contiene motivos GX4Gk(S/T) y DX2G involucrados con el intercambio de GTP/GDP, el cambio conformacional de la subunidad Gα en unión a GTP, la hidrólisis de GTP [22], estos motivos característicos de las GTPasas se localizaron en la proteína Gα de *Coletotrichum trifolii* en la posición de los aminoácidos 40-48 y 200 a 203 respectivamente, igualmente se encontraron conservadas las posiciones de los intrones I y II de la Gα de mamíferos en las Gα de *C. trifolii, N. crassa, M. grisea, C. parasítica*[22]*.*

La tasa de hidrolisis de la proteína Gα es usualmente baja (de kcat 2–5/min) aunque rápida en comparación con su tasa basal (en ausencia de catalizador)[26], razón por la que evolutivamente se encuentran asociadas a estas subunidades, proteínas reguladoras de su estado activo como los reguladores de la señal de las proteínas G o RGS (por su nombre en inglés, regulator of G-protein signaling), con domino GAP encargado de acelerar la hidrólisis de GTP, en el dominio GTPasa de la subunidad Gα. Esta reacción conduce a la terminación de la señal de Gα, favoreciendo la re-asociación de ésta subunidad con el dímero Gβγ e inactivando la señal del heterotrímero[17].

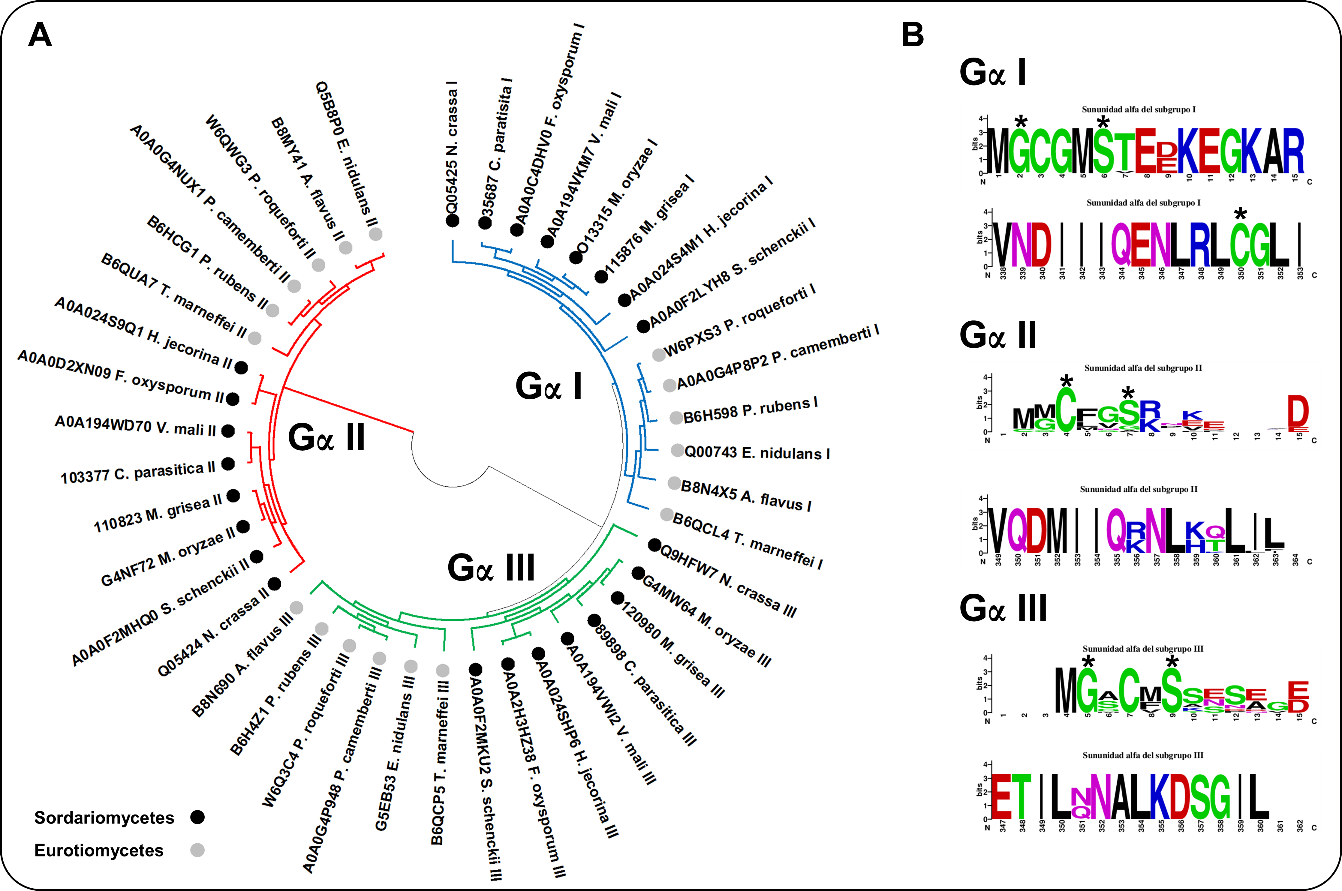
Los hongos ascomicetos presentan diversas proteínas RGS, en el caso de *A nidulas* algunas con domino RGS en amino-terminal con las RGS-A, otras como FlbA con dominio RGS y dos sitios conservados para el dominio DEP (dishevelled, Egl-10, pleckstrin), responsable de inducir la transcripción de grupos de genes de elementos de respuestas a estrés conocidos como STRE (del inglés STress Responsive Element) , RgsC que contiene el domino RGS y un dominio Phox (PX) localizado en el C-terminal, actúa como una señal de ordenamiento para que las proteías logren ser ubicadas apropiadamente por unión a fofoinositoles, y un domino PX-associated (PXA) en el N-terminal, RGS-PX1 tiene un papel bi-funcional como GAP (GTPase-activating protein:GAP) for Gα y como proteína clasificadora de nexina (SNX: sorting nexin).[27]

El motivo DEP en S cerevisiae se une a Msn2p y Msn4p, proteínas reguladoras del estrés tipo dedo de Zinc C2H2 homologo a las proteínas dedo de zinc de *A. nidulas* registrada AN1652.2 de 575 a.a.[27]

La subunidad Gα es reconocida por el extremo carboxilo terminal de los RAPG receptores acoplados a proteínas G (en inglés, GPCR: G-protein-coupled protein) también conocidos como receptores trans-membranales de siete dominios helicoidales, receptores heptahelicoidales, receptores serpentina o receptores ligados a proteínas G, con dominio GEP que facilita el intercambio de GDP por GTP, se localizan integrando la membrana celular, su extremo amino terminal localizado en la parte externa de la membrana, presenta un sitio de reconocimiento a estímulos (ligandos) que una vez es activado, genera un cambio de configuración en el heterotrímero que desencadena la separación del complejo GDP-Gα y del dímero Gβγ, ambos responsables de activar diversos efectores de las vías de transducción de señales [15] como fosfodiesterasa, adenilato ciclasa, canales de iones k+ y Ca+, fosfolipasas, proteínas cinasas, Inositol, 1,4,5 trifosfato, óxido nitrico [28][29][27].

Similarmente las proteinas RIC8 actúan como un GEF para las subunidades Gα de *N. crassa* GNA-1 and GNA-3 in vitro

Estudios en *Sporothrix schenckii* sobre la subunidad Gα mediante las interacciones proteína-proteina, pudieron determinar que la proteína Gα interactúa con la super óxido dismutasa (SOD), no solo a nivel citosólico sino mitocondrial, indicando que la proteína Gα de *S. schenckii* Ssg-1, ayuda en la adquisición del ion metálico para la SOD, que lo integra a su estructura cuando está en la cara externa de la membrana mitocondrial externa, por lo que Gα interactúa con transportadores de metales mitocondriales de la familia Mtm, igualmente se relaciona con el sideróforo transportador de hierro (SIT), el transportador de cationes (Nram), transporta Magnesio y hierro principalmente y otros catione divalentes como el Zinc, cobre, cadmio, cobalto y nikel, y la Gliceraldehido 3 fosfato deshidrogenasa (GADPH), reforzando su papel en la respuesta a estrés oxidativo, y osmótico de forma indirecta, donde la Gα Ssg-1 participa reuniendo iones metálicos como cofactores para el funcionamiento de proteínas y enzimas necesaria para la supervivencia [21]



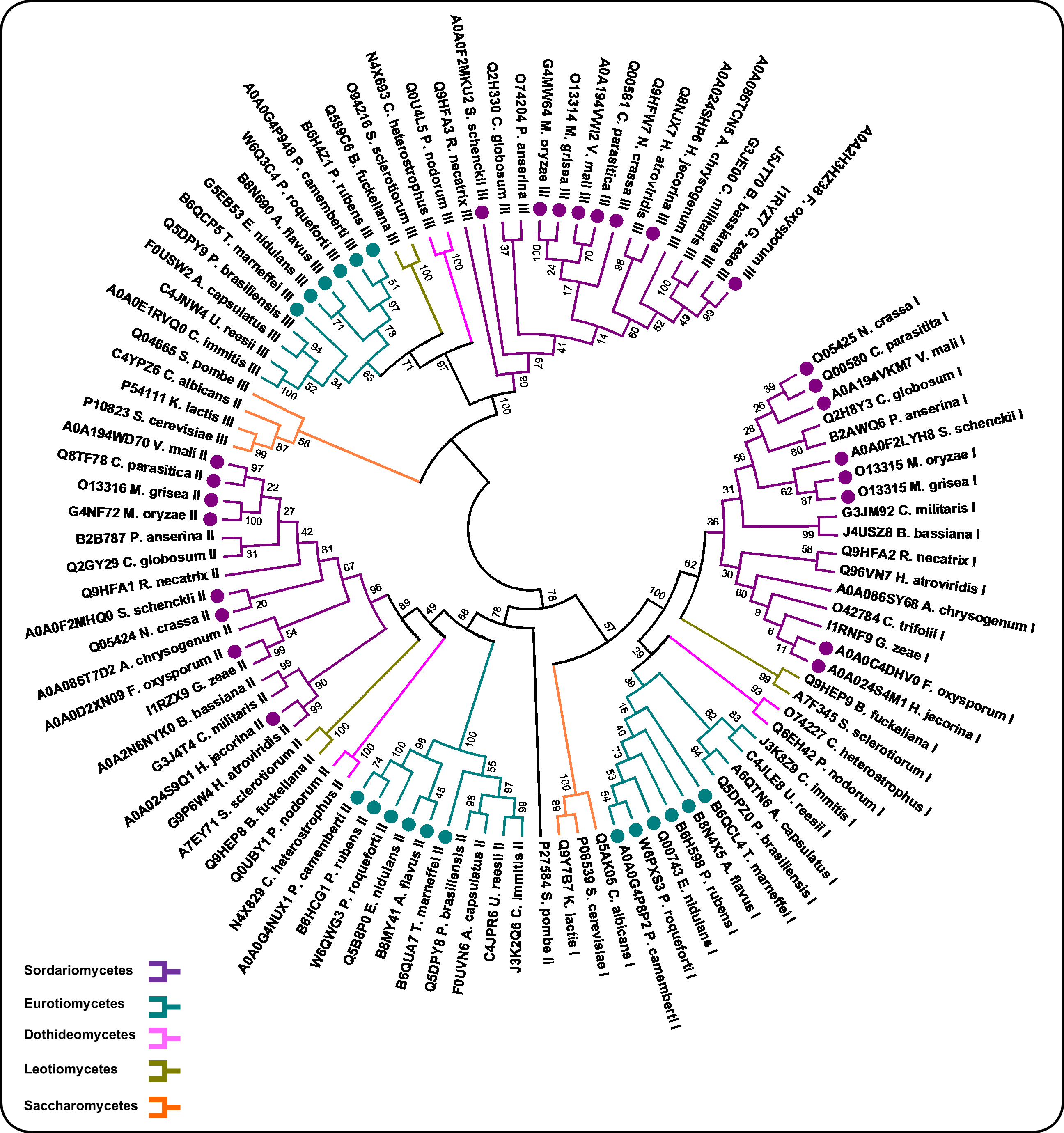


Figura 1. Asociación filogenética entre las subunidades Gα de las proteínas G en hongos filamentosos. A) Comparación

Aquí antes de comenzar con los tipos de estrés, dar una introducción del porqué se realizaron los heatmap, porqué esos hongos, qué tienen en común, porqué se usaron esas secuencias, porqué se usó cerevisiae, cómo se eligió cada set para el análisis, ese conjunto de proteínas qué tiene en común en cerevisiae y qué representa para los demás hongos, sobre la búsqueda de ortólogos, método de análisis, qué se espera obtener con esta vista generalizada de todo el set de proteínas que responden a un estrés.

## **PAPEL DE LAS PROTEÍNAS G EN EL ESTRÉS OXIDATIVO EN HONGOS FILAMENTOSOS**

El estrés oxidativo es causado por una acumulación intracelular de especies reactivas de oxígeno (Reactive oxygen species: ROS) o por una alteración del estado redox. La respuesta oxidativa comprende dos mecanismos de destoxificación para destruir o restaurar el estado redox: no enzimática (glutation, tioredoxina) y enzimática (superóxido dismutasa, peroxidasa y catalasa) [32]. Las señales de estrés oxidativo pueden provenir del ambiente, pero también pueden generarse intracelularmente y causar daños a proteínas, ADN, lípidos y carbohidratos [33], [34].

Uno de los organismos modelo más estudiados es Saccharomyces cerevisiae

Las vías de transducción de señales juegan un papel importante en la respuesta a estrés oxidativo. Estas vías de señalización están constituidas por mecanismos estudios se ha observado la presencia de rutas complejas compuestas de varias proteínas

En varios hogos filamentosos se ha asociado la respuesta a estrés oxidativo con las proteínas G, debido a su papel en el desarrollo asexual, patogenicidad y biosíntesis de metabolitos secundarios. En *Penicillium roqueforti*, *Penicillium camemberti* y *Penicillium chrysogenum* la subunidad Gα Pga1 afecta negativamente el crecimiento, esporulación y resistencia a estrés oxidativo [20], [35], [36]. En un análisis proteómico, se identificaron proteínas asociadas al estrés oxidativo como catalasa R y benzoquinona reductasa, las cuales se encontraron en mayor abundancia en ausencia de Pga1 respecto a la cepa parental [37]. Un efecto similar fue observado en *N. crassa*, donde la subunidad Gα GNA-1 regula negativamente la extensión apical, conidiación, pigmentación, además de regular negativamente la respuesta a choque térmico y estrés oxidativo [29], [38]. Por otro lado, Pga1 y GNA-1 regulan positivamente los niveles de cAMP. El efecto ocasionado por GNA-3 y GNA-1 en *N. crassa* es similar, pues GNA-3 regula positivamente los niveles de cAMP [39]. Los niveles bajos de cAMP en cepas con GNA-1 ausente, se correlacionan con la baja actividad adenilato ciclasa [40], [41]. La relación directa entre los niveles de cAMP y el estrés oxidativo no se ha estudiado propiamente en hongos filamentosos, aunque en las levaduras *Saccharomyces cerevisiae* [42] y *Candida albicans* [43] ya ha sido estudiada. *Candida albicans* presenta un crecimiento filamentoso cuando se expone a H2O2, bajo estas condiciones se demostró que la vía de señalización cAMP/PKA tiene un impacto negativo en la respuesta a estrés oxidativo. Por ejemplo, la inactivación de la fosfodiesterasa Pde2, la cual degrada cAMP, provoca un incremento de sensibilidad a H2O2 [44], esto podría explicar el efecto inverso entre los niveles de cAMP y la respuesta a estrés oxidativo observado en hongos filamentosos.

En Hypocrea jecorina (anamorfo Trichoderma reesei)

Resultado similar se obtuvo en la germinación de conidios de *N. crassa* expuestos a paraquat (Yang, et al (1999), y sobre el crecimiento de Hypocrea jecorina en total oscuridad, donde no se presentaron diferencias significativas en el crecimiento de las cepas expuestas a estrés oxidativo con menadiona, el alelo gna-1Q204L creció ligeramente un poco más que las cepas con deleción del gen, situación que se vio alterada por acción de la luz, donde en condiciones de LL, ∆gna-1 presenta un mayor crecimiento que gna-1Q204L en presencia de menadiona y crece menos que gna-1Q204L en ausencia de menadiona (Seibel, et al., 2009).

Un estudio de microarreglos relizado en *Cryphonectria parasítica* demostró que las proteínas de choque térmico (HSP70) y glutation S-transferasa (GST) responden a estrés cuando éste es expuesto al hipovirus CHV1-EP713, y sugieren que esta respuesta es controlada por vías de señalización mediadas por proteínas G [45].

Aunque no se ha observado un patrón de comportamiento en la respuesta a estrés, comparten varios mecanismos

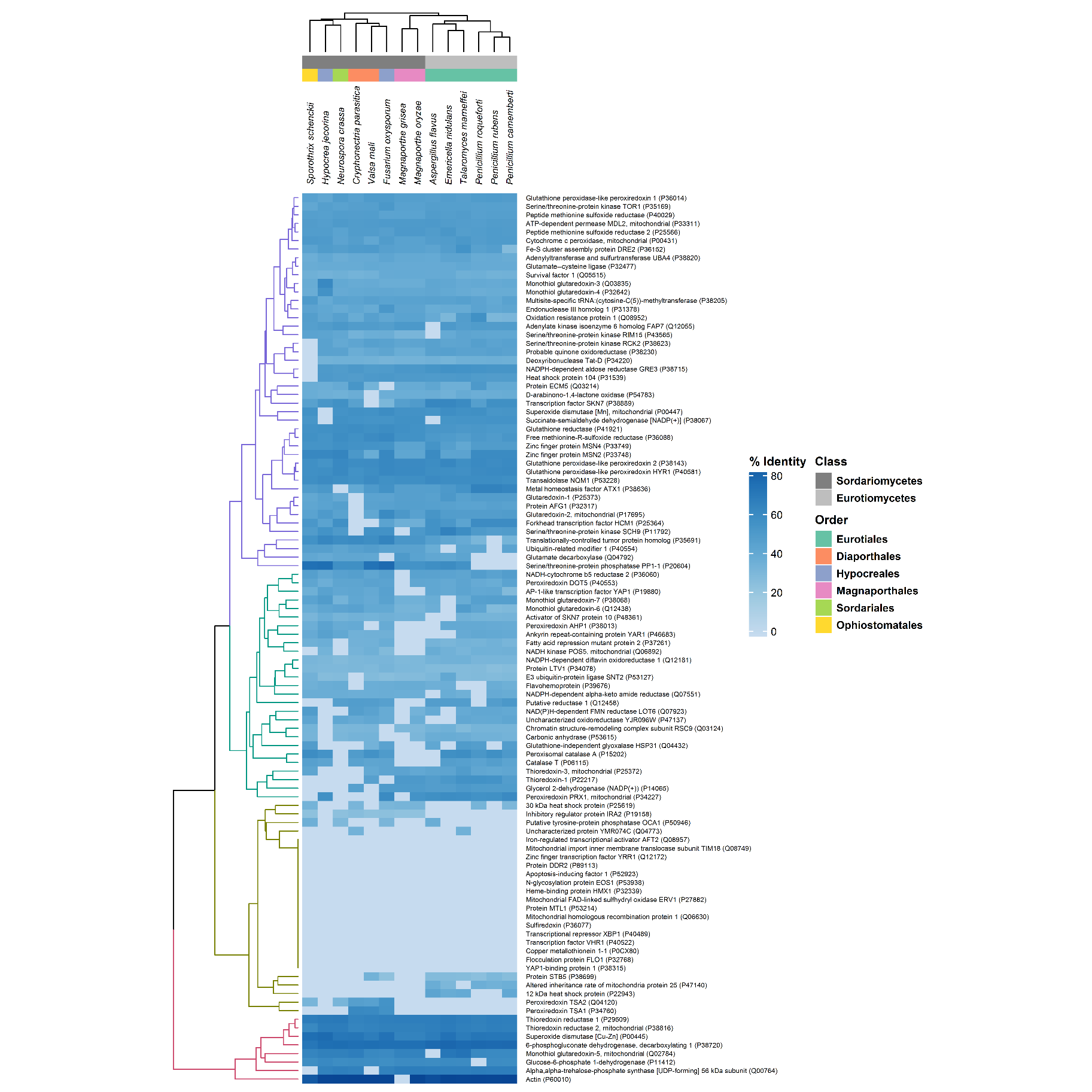


Figura 1. Estrés oxidativo. Proteínas ortólogas de varios hongos filamentosos identificadas a partir de proteínas asociadas a estrés oxidativo (response to oxidative stress: GO:0006979) en Saccharomyces cerevisiae. Superior) Muestra los hongos filamentosos analizados con su respectivo orden y clase, además de la agrupación de los mismos por #aquí poner cómo es que están agrupados#. Derecha) Muestra todas las proteínas extraídas de la base de datos Saccharomyces Genome Database (SGD) manualmente curadas implicadas en el estrés oxidativo en S. cerevisiae. Cada nombre de las proteínas incluye el identificador de UniProtKB.

## **PAPEL DE LAS PROTEÍNAS G EN EL ESTRÉS OSMÓTICO EN HONGOS FILAMENTOSOS**

El estrés osmótico conduce a un flujo de agua desregulado hacia el interior o exterior de la célula: estrés hiperosmótico causa una contracción, estrés hipoosmótico causa inchamiento. La respuesta celular de este tipo de estrés implica la actividad de canales de agua (aquaporinas) y transportadores de electrolítos, y la acumulación de osmolitos, así como la protección de proteínas y estructuras subcelulares [46]. Existen pocos reportes que relacionan a las proteínas G y el estrés osmótico en hongos filamentosos. En *N. crassa* se demostró que GNA-1 regula positivamente la respuesta a estrés hyperosmótico [24]. Este efecto se ve reflejado en una reducción de la tasa de extensión apical bajo diferentes condiciones hyperosmóticas cuando GNA-1 está ausente [24]. Por otro lado, la ausencia de las subunidades Gα GNA-2 del grupo II y GNA-3 del grupo III, presentaron una ligera resistencia a estrés hiperosmótico comparadas con la parental [47] [39]. En *Penicillium marneffei* se observó una respuesta a estrés hiperosmótico, aunque fue relacionada a la subunidad Gα GasC de tipo III, la cual regula negativamente la conidiación y su ausencia provoca una conidiación prematura comparada a la cepa parental [48]. Estos resultados llevaron a concluir que, GasC, además de transmitir señales nutricionales, también transmite señales de respuesta a estrés hiperosmótico, lo cual sugiere que la conidiación es iniciada por estrés osmótico, más que por respuesta a carbono.

Se ha observado que, bajo estrés osmótico, los hongos filamentosos expresan las chaperonas x y z.

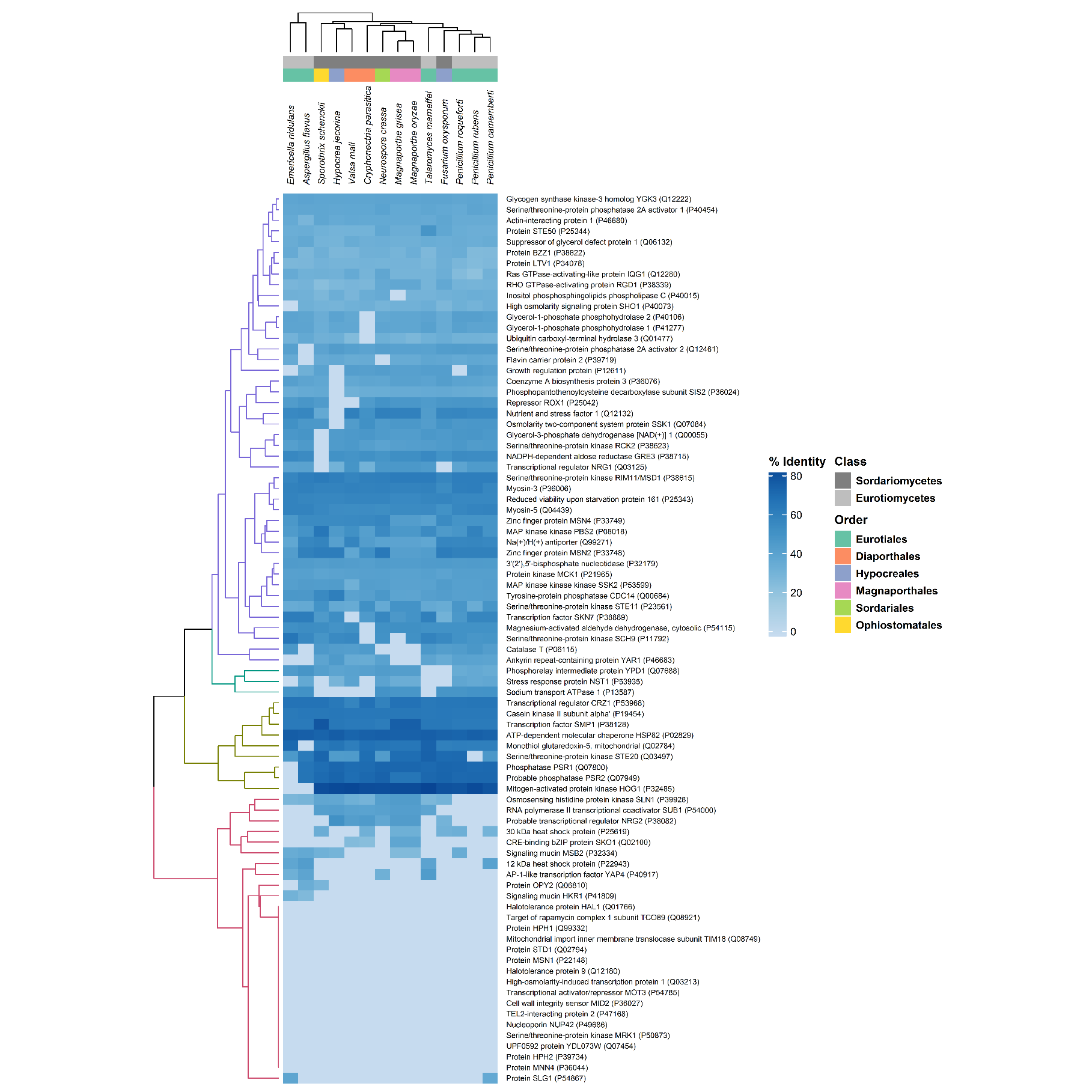
****

Figura 2. Estrés osmótico. Proteínas ortólogas de varios hongos filamentosos identificadas a partir de proteínas asociadas a la respuesta a estrés osmótico (response to osmotic stress: GO:0006970) en Saccharomyces cerevisiae. Superior) Muestra los hongos filamentosos analizados con su respectivo orden y clase taxonómica, además de la agrupación de los mismos por #aquí poner cómo es que están agrupados#. Derecha) Muestra todas las proteínas extraídas de la base de datos Saccharomyces Genome Database (SGD) manualmente curadas implicadas en la respuesta a estrés osmótico en S. cerevisiae. Cada nombre de las proteínas incluye el identificador de UniProtKB.

## **PAPEL DE LAS PROTEÍNAS G EN EL ESTRÉS LUMÍNICO EN HONGOS FILAMENTOSOS**

Aunque todos los organismos no son fotosintéticos, se estima que la mayoría de ellos presentan alguna forma de responder a distintos tipos de luz (blanca, roja, azul y verde). El estrés lumínico hace referencia al efecto causado por una exposición inusual o excesiva a la luz, la cual puede causar elevadas temperaturas, desecación y estrés osmótico. Estos cambios, al igual que otros tipos de estrés, ocasionan que los organismos interpreten su entorno, se adapten y aseguren su supervivencia y su reproducción. Los estudios entre la relación de las proteínas G y la respuesta al estrés lumínico en hongos filamentosos son escasos. En *N. crassa* se demostró que GNA-1 regula positivamente el crecimiento vegetativo y el peso seco en presencia de luz [24]. Por otro lado, GNA-3 además de regular negativamente la conidiación, en presencia de luz, activa señales de conidiación en la cepa parental, y en ausencia de GNA-3 provoca una conidiación prematura [39].

En Hypocrea jecorina es reportado un estudio en el cual

La relación entre las proteínas G y la luz fue demostrado en Hypocrea jecorina. Con luz y oscuridad.

## **PAPEL DE LAS PROTEÍNAS G EN EL ESTRÉS TÉRMICO EN HONGOS FILAMENTOSOS**

La respuesta a estrés térmico es un fenómeno biológico que ocurre en todas las células como mecanismo de supervivencia. En esta respuesta, las células rápidamente sintetizan proteínas de choque térmico (heat shock proteins: Hsps) que estabilizan proteínas endógenas, previenen su desnaturalización, y protegen a las células de exposiciones térmicas letales [49]. Se conocen dos mecanismos de regulación de los genes Hsps, aquellos por respuesta a estrés térmico, y los que responden a otros tipos de estrés como estrés oxidativo, osmótico o por pH [50]. Estas proteínas se encuentran ubicuamente en el citosol, la mitocondria, el retículo endoplásmico, el núcleo y la membrana celular, y se dividen en familias de acuerdo a su masa molecular: Hsp60, Hsp68, Hsp70, Hsp80, Hsp83, Hsp88, Hsp90, Hsp100, Hsp105 y Hsp110, y una clasificación de pequeñas Hsps las cuales tienen masas entre los 8 y 40 kDa [51], [52]. Se ha observado que, bajo estrés térmico, los hongos filamentosos expresan las chaperonas Hsp20 [53], Hsp30 [53], Hsp60 [54], Hsp70 [55] y Hsp90 [56]. Los genes de las Hsps presentan dos formas de regulación, por un factor de transcripción de choque térmico (heat shock transcription factor 1: HSF1), y por los factores de transcripción del tipo dedos de zincC2H2His2 Msn2 y Msn4 [57]–[59].

Se han caracterizado gran cantidad de proteínas de S. cerevisiae asociadas a la respuesta a estrés térmico, incluyendo factores de transcripción, proteínas quinasas, proteínas de choque térmico, entre otras (Figura 4). Sin embargo, la relación entre las proteínas G y la respuesta al estrés térmico no ha sido estudiada en profundidad y apenas existen algunos reportes de este vínculo que vale la pena citar. En S. cerevisiae se han caracterizado dos subunidades Gα (Gpa1p y Gpa2p) [60], [61], una subunidad Gβ (Ste4p) y una Gγ (Ste18p) [62]. La subunidad Gα Gpa1p muestra relación con el subgrupo I de las subunidades Gα de acuerdo a la clasificación propuesta por Bölker [18], sin embargo, carece del sitio consenso para la toxina del cólera, mientras que la subunidad Gα Gpa2p presenta relación con el subgrupo III. El heterotrímero Gpa1p/Ste4p/Ste18p regula una vía de señalización que implica una MAPK y receptores de hormonas [63]. Por otro lado, el heterotrímero Gpa2p/Ste4p/Ste18p ha sido asociada al desarrollo, en vías de activación de PKA bajo condiciones limitadas de nitrógeno, y en la respuesta a estrés térmico, y un ejemplo de este efecto se observó con la activación constitutiva de Gpa2p (*GPA2R273A*), la cual provocó sensibilidad a choque térmico [61]. Una posible relación entre las proteínas G y la respuesta a choque térmico ha sido observado en varios hongos filamentosos como P. camemberti [20], P. roqueforti [64], P. chrysogenum [36], [37], N. crassa [24], [29], [38], F. oxysporum [63], X, Y y Z. Los estudios realizados en las tres especies del género Penicillium, han revelado respuestas idénticas al estrés térmico. En P. chrysogenum, se observó que la ausencia de la subunidad Gα Pga1 provoca una resistencia a estrés térmico. El mismo efecto se observó en S. cerevisiae al realizar la deleción de Gpa2p [65], aunque cabe señalar que esta subunidad pertenece al subgrupo III y pueden tener funciones distintas. En caso contrario, la activación constitutiva provoca sensibilidad a estrés térmico, como ocurre en

Un análisis proteómico en P. chrysogenum reveló la identificación de dos productos de genes (Pc12g05640: B6GZG3 y Pc22g11240: B6HPY0) asociados al plegamiento de proteínas [37]. Un análisis por Blastp mostró que estas dos proteínas son ortólogas de las chaperonas HSC82 (P15108: ATP-dependent molecular chaperone HSC82 [66]) y SSA4 (P22202: Heat shock protein SSA4 [67]), respectivamente, de S. cerevisiae, mostrando más del 70% de identidad en sus secuencias (Figura 4). Por otro lado, en se observa un efecto opuesto cuando la subunidad Gα Pga1 se encuentra constitutivamente activa, provocando sensibilidad

Haciendo un acercamiento a los mecanismos de respuesta a estrés térmico tomando como base las proteínas de S. cerevisiae implicadas en este tipo de estrés.

Aunque estas chaperonas no han sido asociadas con las proteínas G en S. cerevisiae, juegan un papel importante en la respuesta a choque térmico, en el caso de algunos hongos como P. rubens se observa una relación entre proteínas implicadas en los mecanismos de respuesta a estrés térmico y la subunidad Gα de las proteínas G.

En Neurospora crassa, otro fenómeno fisiológico asociado a las proteínas G es la respuesta a choque térmico [29], [38]. En Neurospora crassa, GNA-1 influye negativamente en la resistencia a estrés térmico, posiblemente por modulación de los niveles de cAMP [24], [38]. Por otro lado, se ha asociado la producción de carotenoides con la resistencia a estrés oxidativo, la cual es a menudo, relacionada con tolerancia a estrés térmico [38]. Este proceso está ligado a la producción de antioxidantes

Figure. Evolutionary relationships of taxa

The evolutionary history was inferred using the UPGMA method [1]. The optimal tree with the sum of branch length = 3.14243595 is shown. The percentage of replicate trees in which the associated taxa clustered together in the bootstrap test (500 replicates) are shown next to the branches [2]. The tree is drawn to scale, with branch lengths in the same units as those of the evolutionary distances used to infer the phylogenetic tree. The evolutionary distances were computed using the Poisson correction method [3] and are in the units of the number of amino acid substitutions per site. The analysis involved 42 amino acid sequences. All ambiguous positions were removed for each sequence pair. There were a total of 369 positions in the final dataset. Evolutionary analyses were conducted in MEGA X [4].

1. Sneath P.H.A. and Sokal R.R. (1973). Numerical Taxonomy. Freeman, San Francisco.

2. Felsenstein J. (1985). Confidence limits on phylogenies: An approach using the bootstrap. Evolution 39:783-791.

3. Zuckerkandl E. and Pauling L. (1965). Evolutionary divergence and convergence in proteins. Edited in Evolving Genes and Proteins by V. Bryson and H.J. Vogel, pp. 97-166. Academic Press, New York.

4. Kumar S., Stecher G., Li M., Knyaz C., and Tamura K. (2018). MEGA X: Molecular Evolutionary Genetics Analysis across computing platforms. Molecular Biology and Evolution 35:1547-1549.

Disclaimer: Although utmost care has been taken to ensure the correctness of the caption, the caption text is provided "as is" without any warranty of any kind. Authors advise the user to carefully check the caption prior to its use for any purpose and report any errors or problems to the authors immediately (www.megasoftware.net). In no event shall the authors and their employers be liable for any damages, including but not limited to special, consequential, or other damages. Authors specifically disclaim all other warranties expressed or implied, including but not limited to the determination of suitability of this caption text for a specific purpose, use, or application.

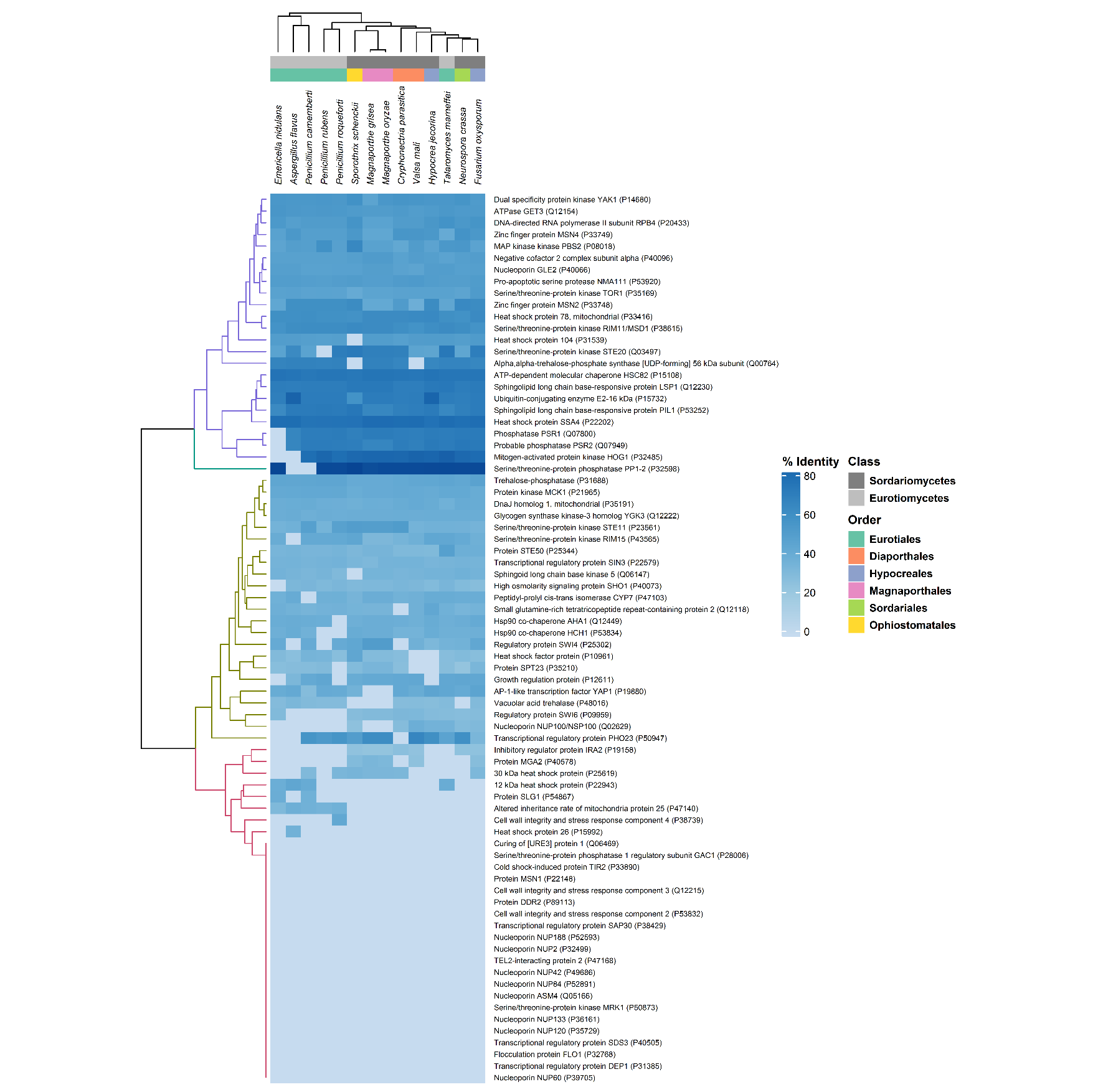


Figura 4. Respuesta a estrés térmico.

Discusión

Los diferentes tipos de estrés son significativamente diferentes, pero también presentan respuestas y mecanismos superpuestos.

Los estudios en hongos filamentosos referentes a las proteínas G y la respuesta a diferentes tipos de estrés son limitados, es un tema amplio por explorar.

En A. nidulans se observó que RgsA inhibe a GanB, la cual activa respuesta a estrés e inhibe la esporulación [27] [68]. Estos resultados claramente resaltan la función de la subunidad alfa.

En la planta Pisum sativum se ha estudiado la asociación de la subunidad alfa y el stress térmico y salino (10.1111/j.1365-313X.2007.03169.x) y se demostró que .

Fusarium oxysporum y proteínas G (10.1007/s00294-002-0322-y; 10.1007/s00294-003-0372-9; 10.1016/j.femsle.2004.12.009) Resistencia a estrés térmico.

M. grisea to hyperosmotic stress (PMID: 10521531 PMCID: PMC144108).

## **REFERENCIAS**

[1] S. Ghorai, S. P. Banik, D. Verma, S. Chowdhury, S. Mukherjee, and S. Khowala, “Fungal biotechnology in food and feed processing,” *Food Res. Int.*, vol. 42, no. 5–6, pp. 577–587, Jun. 2009.

[2] F. Alberti, G. D. Foster, and A. M. Bailey, “Natural products from filamentous fungi and production by heterologous expression,” *Appl. Microbiol. Biotechnol.*

[3] V. Meyer *et al.*, “Current challenges of research on filamentous fungi in relation to human welfare and a sustainable bio-economy: a white paper Fungal Biology and Biotechnology,” *Fungal Biol. Biotechnol.*, vol. 3, p. 6, 2016.

[4] S. Challa, S. G. Uppin, M. S. Uppin, U. Pamidimukkala, and L. Vemu, “Diagnosis of filamentous fungi on tissue sections by immunohistochemistry using anti-aspergillus antibody,” *Med. Mycol.*, vol. 53, pp. 470–476, 2015.

[5] M. R. Islam, G. Tudryn, R. Bucinell, L. Schadler, and R. C. Picu, “Morphology and mechanics of fungal mycelium,” *Sci. Rep.*, vol. 7, no. 1, p. 13070, Dec. 2017.

[6] L. H. Grimm, S. Kelly, R. Krull, and D. C. Hempel, “Morphology and productivity of filamentous fungi,” *Appl. Microbiol. Biotechnol.*, vol. 69, no. 4, pp. 375–384, Dec. 2005.

[7] D. S. Hibbett *et al.*, “A higher-level phylogenetic classification of the Fungi,” *Mycol. Res.*, vol. 111, no. 5, pp. 509–547, May 2007.

[8] M. V. Powers-Fletcher, B. A. Kendall, A. T. Griffin, and K. E. Hanson, “Filamentous Fungi,” in *Diagnostic Microbiology of the Immunocompromised Host, Second Edition*, vol. 4, no. 3, American Society of Microbiology, 2016, pp. 311–341.

[9] H. Babich and G. Stotzky, “Abiotic Factors Affecting the Toxicity of Lead to Fungi,” 1979.

[10] T. Emri *et al.*, “Core oxidative stress response in Aspergillus nidulans,” *BMC Genomics*, vol. 16, no. 1, 2015.

[11] D. Kültz, “MOLECULAR AND EVOLUTIONARY BASIS OF THE CELLULAR STRESS RESPONSE,” *Annu. Rev. Physiol.*, vol. 67, no. 1, pp. 225–257, Mar. 2005.

[12] D. Hagiwara, K. Sakamoto, K. Abe, and K. Gomi, “Signaling pathways for stress responses and adaptation in Aspergillus species: Stress biology in the post-genomic era,” *Biosci. Biotechnol. Biochem.*, vol. 80, no. 9, pp. 1667–1680, 2016.

[13] L. Li, S. J. Wright, S. Krystofova, G. Park, and K. A. Borkovich, “Heterotrimeric G Protein Signaling in Filamentous Fungi,” *Annu. Rev. Microbiol.*, vol. 61, no. 1, pp. 423–452, 2007.

[14] S. Liu and R. a Dean, “G protein alpha subunit genes control growth, development, and pathogenicity of Magnaporthe grisea.,” *Mol. Plant. Microbe. Interact.*, vol. 10, no. 9, pp. 1075–86, 1997.

[15] Y. Liu *et al.*, “G Protein α Subunit GpaB is Required for Asexual Development, Aflatoxin Biosynthesis and Pathogenicity by Regulating cAMP Signaling in Aspergillus flavus.,” *Toxins (Basel).*, vol. 10, no. 3, Mar. 2018.

[16] M. I. Simon, M. P. Strathmann, and N. Gautam, “Diversity of Proteins in Signal Transduction,” vol. 252, no. 5007, pp. 802–808, 1991.

[17] S. Rens-Domiano and H. E. Hamm, “Structural and functional relationships of heterotrimeric G-proteins,” *Faseb J*, vol. 9, no. 11, pp. 1059–1066, 1995.

[18] M. Bölker, “Sex and crime: Heterotrimeric G proteins in fungal mating and pathogenesis,” *Fungal Genet. Biol.*, vol. 25, no. 3, pp. 143–156, 1998.

[19] C. G. Alvaro and J. Thorner, “Heterotrimeric G Protein-coupled Receptor Signaling in Yeast Mating Pheromone Response \*,” 2016.

[20] R. O. García-Rico *et al.*, “Heterotrimeric G protein alpha subunit controls growth, stress response, extracellular protease activity, and cyclopiazonic acid production in Penicillium camemberti,” *Fungal Biol.*, vol. 121, no. 9, pp. 754–762, Sep. 2017.

[21] L. Perez-Sanchez, E. Gonzalez, E. E. Colon-Lorenzo, W. Gonzalez-Velazquez, R. Gonzalez-Mendez, and N. Rodriguez-del Valle, “Interaction of the heterotrimeric G protein alpha subunit SSG-1 of Sporothrix schenckii with proteins related to stress response and fungal pathogenicity using a yeast two-hybrid assay,” *BMC Microbiol.*, vol. 10, no. 1, p. 317, 2010.

[22] G. M. TRUESDELL, Z. YANG, and M. B. DICKMAN, “A Gα subunit gene from the phytopathogenic fungus Colletotrichum trifolii is required for conidial germination,” *Physiol. Mol. Plant Pathol.*, vol. 56, no. 3, pp. 131–140, Mar. 2000.

[23] G. E. Turner and K. A. Borkovich, “Identification of a G protein α subunit from Neurospora crassa that is a member of the G(i) family,” *J. Biol. Chem.*, vol. 268, no. 20, pp. 14805–14811, 1993.

[24] F. D. Ivey, P. N. Hodge, G. E. Turner, and K. A. Borkovich, “The G alpha i homologue gna-1 controls multiple differentiation pathways in Neurospora crassa,” *Mol Biol Cell*, vol. 7, no. 8, pp. 1283–1297, 1996.

[25] D. Tisch, C. P. Kubicek, and M. Schmoll, “New insights into the mechanism of light modulated signaling by heterotrimeric G-proteins: ENVOY acts on gna1 and gna3 and adjusts cAMP levels in Trichoderma reesei (Hypocrea jecorina),” *Fungal Genet. Biol.*, vol. 48, no. 6, pp. 631–640, 2011.

[26] D. M. Berman, T. M. Wilkie, and A. G. Gilman, “GAIP and RGS4 are GTPase-activating proteins for the G(i) subfamily of G protein α subunits,” *Cell*, vol. 86, no. 3, pp. 445–452, 1996.

[27] K. H. Han, J. A. Seo, and J. H. Yu, “Regulators of G-protein signalling in Aspergillus nidulans: RgsA downregulates stress response and stimulates asexual sporulation through attentuation of GanB (Gα) signalling,” *Mol. Microbiol.*, vol. 53, no. 2, pp. 529–540, 2004.

[28] S. Zuber, M. J. Hynes, and A. Andrianopoulos, “G-protein signaling mediates asexual development at 25 degrees C but has no effect on yeast-like growth at 37 degrees C in the dimorphic fungus Penicillium mameffei.,” *Eukaryot. Cell*, vol. 1, no. 3, pp. 440–447, 2002.

[29] F. D. Ivey, A. M. Kays, and K. A. Borkovich, “Shared and Independent Roles for a G α i Protein and Adenylyl Cyclase in Regulating Development and Stress Responses in Neurospora crassa Shared and Independent Roles for a G a i Protein and Adenylyl Cyclase in Regulating Development and Stress Responses ,” *Eukaryot. Cell*, vol. 1, no. 4, pp. 634–642, 2002.

[30] S. J. Wright, R. Inchausti, C. J. Eaton, S. Krystofova, K. A. Borkovich

[31] C. J. Eaton, I. E. Cabrera, J. A. Servin, S. J. Wright, M. P. Cox, and K. A. Borkovich, “The Guanine Nucleotide Exchange Factor RIC8 Regulates Conidial Germination through Gα Proteins in Neurospora crassa,” *PLoS One*, vol. 7, no. 10, p. e48026, Oct. 2012.

[32] M. Breitenbach, M. Weber, M. Rinnerthaler, T. Karl, and L. Breitenbach-Koller, “Oxidative stress in fungi: its function in signal transduction, interaction with plant hosts, and lignocellulose degradation.,” *Biomolecules*, vol. 5, no. 2, pp. 318–42, Apr. 2015.

[33] E. Birben, U. M. Sahiner, C. Sackesen, S. Erzurum, and O. Kalayci, “Oxidative stress and antioxidant defense.,” *World Allergy Organ. J.*, vol. 5, no. 1, pp. 9–19, Jan. 2012.

[34] D. Trachootham, W. Lu, M. A. Ogasawara, R.-D. V. Nilsa, and P. Huang, “Redox regulation of cell survival.,” *Antioxid. Redox Signal.*, vol. 10, no. 8, pp. 1343–74, Aug. 2008.

[35] R. O. García-Rico, R. Chávez, F. Fierro, and J. F. Martín, “Effect of a heterotrimeric G protein alpha subunit on conidia germination, stress response, and roquefortine C production in Penicillium roqueforti.,” *Int. Microbiol.*, vol. 12, no. 2, pp. 123–9, Jun. 2009.

[36] R. O. García-Rico, J. F. Martín, and F. Fierro, “Heterotrimeric Gα protein Pga1 from Penicillium chrysogenum triggers germination in response to carbon sources and affects negatively resistance to different stress conditions,” *Fungal Genet. Biol.*, vol. 48, no. 6, pp. 641–649, 2011.

[37] U. Carrasco-Navarro *et al.*, “Proteomic analysis of the signaling pathway mediated by the heterotrimeric Ga protein Pga1 of Penicillium chrysogenum,” *Microb. Cell Fact.*, vol. 15, no. 1, pp. 1–17, 2016.

[38] Q. Yang and K. A. Borkovich, “Mutational activation of a Gα(i) causes uncontrolled proliferation of aerial hyphae and increased sensitivity to heat and oxidative stress in Neurospora crassa,” *Genetics*, vol. 151, no. 1, pp. 107–117, 1999.

[39] A. M. Kays, P. S. Rowley, R. A. Baasiri, and K. A. Borkovich, “Regulation of conidiation and adenylyl cyclase levels by the Galpha protein GNA-3 in Neurospora crassa,” *Mol Cell Biol*, vol. 20, no. 20, pp. 7693–7705, 2000.

[40] F. D. Ivey, Q. Yang, and K. A. Borkovich, “Positive Regulation of Adenylyl Cyclase Activity by a GαiHomolog inNeurospora crassa,” *Fungal Genet. Biol.*, vol. 26, no. 1, pp. 48–61, Feb. 1999.

[41] A. M. Kays and K. A. Borkovich, “Severe Impairment of Growth and Differentiation in a Neurospora crassa Mutant Lacking All Heterotrimeric G?? Proteins,” *Genetics*, vol. 166, no. 3, pp. 1229–1240, 2004.

[42] J.-I. Park, C. M. Grant, and I. W. Dawes, “The high-affinity cAMP phosphodiesterase of Saccharomyces cerevisiae is the major determinant of cAMP levels in stationary phase: involvement of different branches of the Ras–cyclic AMP pathway in stress responses,” *Biochem. Biophys. Res. Commun.*, vol. 327, no. 1, pp. 311–319, Feb. 2005.

[43] A. Dantas, A. Day, M. Ikeh, I. Kos, B. Achan, and J. Quinn, “Oxidative Stress Responses in the Human Fungal Pathogen, Candida albicans,” *Biomolecules*, vol. 5, no. 1, pp. 142–165, Feb. 2015.

[44] D. Wilson *et al.*, “Deletion of the high-affinity cAMP phosphodiesterase encoded by PDE2 affects stress responses and virulence in Candida albicans,” *Mol. Microbiol.*, vol. 65, no. 4, pp. 841–856, Aug. 2007.

[45] A. L. Dawe, G. C. Segers, T. D. Allen, V. C. McMains, and D. L. Nuss, “Microarray analysis of Cryphonectria parasitica Gα- and Gβγ-signalling pathways reveals extensive modulation by hypovirus infection,” *Microbiology*, vol. 150, no. 12, pp. 4033–4043, 2004.

[46] W. H. Mager, A. H. de Boer, M. H. Siderius, and H. P. Voss, “Cellular responses to oxidative and osmotic stress.,” *Cell Stress Chaperones*, vol. 5, no. 2, pp. 73–5, Apr. 2000.

[47] R. A. Baasiri, X. Lu, P. S. Rowley, G. E. Turner, and K. A. Borkovich, “Overlapping functions for two G protein alpha subunits in Neurospora crassa.,” *Genetics*, vol. 147, no. 1, pp. 137–45, 1997.

[48] S. Zuber, M. J. Hynes, and A. Andrianopoulos, “The G-protein alpha-subunit GasC plays a major role in germination in the dimorphic fungus Penicillium marneffei,” *Genetics*, vol. 164, no. 2, pp. 487–499, 2003.

[49] H. H. Kampinga, “Chaperones in Preventing Protein Denaturation in Living Cells and Protecting Against Cellular Stress,” in *Molecular Chaperones in Health and Disease*, Berlin/Heidelberg: Springer-Verlag, 2006, pp. 1–42.

[50] V. M. Tereshina, “Thermotolerance in Fungi: The Role of Heat Shock Proteins and Trehalose,” *Microbiology*, vol. 74, no. 3, pp. 247–257, May 2005.

[51] N. B. Gusev, N. V Bogatcheva, and S. B. Marston, “Structure and properties of small heat shock proteins (sHsp) and their interaction with cytoskeleton proteins.,” *Biochemistry. (Mosc).*, vol. 67, no. 5, pp. 511–9, May 2002.

[52] S. Tiwari, R. Thakur, and J. Shankar, “Role of Heat-Shock Proteins in Cellular Function and in the Biology of Fungi,” *Biotechnol. Res. Int.*, vol. 2015, pp. 1–11, Dec. 2015.

[53] J. Wu, M. Wang, L. Zhou, and D. Yu, “Small heat shock proteins, phylogeny in filamentous fungi and expression analyses in Aspergillus nidulans,” *Gene*, vol. 575, pp. 675–679, 2016.

[54] R. B. Raggam, H. J. F. Salzer, E. Marth, B. Heiling, A. H. Paulitsch, and W. Buzina, “Molecular detection and characterisation of fungal heat shock protein 60,” *Mycoses*, vol. 54, no. 5, pp. e394–e399, Sep. 2011.

[55] M. Kapoor, C. A. Curle, and C. Runham, “The hsp70 gene family of Neurospora crassa: cloning, sequence analysis, expression, and genetic mapping of the major stress-inducible member.,” *J. Bacteriol.*, vol. 177, no. 1, pp. 212–21, Jan. 1995.

[56] D.-C. Bui *et al.*, “Heat shock protein 90 is required for sexual and asexual development, virulence, and heat shock response in Fusarium graminearum,” *Sci. Rep.*, vol. 6, no. 1, p. 28154, Sep. 2016.

[57] E. Boy-Marcotte *et al.*, “The heat shock response in yeast: differential regulations and contributions of the Msn2p/Msn4p and Hsf1p regulons,” *Mol. Microbiol.*, vol. 33, no. 2, pp. 274–283, Jul. 1999.

[58] S. Thompson, N. J. Croft, A. Sotiriou, H. D. Piggins, and S. K. Crosthwaite, “Neurospora crassa heat shock factor 1 Is an essential gene; a second heat shock factor-like gene, hsf2, is required for asexual spore formation.,” *Eukaryot. Cell*, vol. 7, no. 9, pp. 1573–81, Sep. 2008.

[59] M. T. Martínez-Pastor, G. Marchler, C. Schüller, A. Marchler-Bauer, H. Ruis, and F. Estruch, “The Saccharomyces cerevisiae zinc finger proteins Msn2p and Msn4p are required for transcriptional induction through the stress response element (STRE).,” *EMBO J.*, vol. 15, no. 9, pp. 2227–35, May 1996.

[60] H. G. Dohlman and J. Thorner, “Regulation of G Protein–Initiated Signal Transduction in Yeast: Paradigms and Principles,” *Annu. Rev. Biochem.*, vol. 70, no. 1, pp. 703–754, Jun. 2001.

[61] Y. Xue and J. P. Hirsch, “GPR1 encodes a putative G protein-coupled receptor that associates with the Gpa2p G α subunit and functions in a Ras-independent pathway,” 1996.

[62] M. Whiteway *et al.*, “The STE4 and STE18 genes of yeast encode potential beta and gamma subunits of the mating factor receptor-coupled G protein.,” *Cell*, vol. 56, no. 3, pp. 467–77, Feb. 1989.

[63] S. Jain, K. Akiyama, R. Takata, and T. Ohguchi, “Signaling via the G protein Î± subunit FGA2 is necessary for pathogenesis in *Fusarium oxysporum*,” *FEMS Microbiol. Lett.*, vol. 243, no. 1, pp. 165–172, Feb. 2005.

[64] R. O. García-Rico, R. Chávez, F. Fierro, and J. F. Martín, “Effect of a heterotrimeric G protein α subunit on conidia germination, stress response, and roquefortine C production in Penicillium roqueforti,” *Int. Microbiol.*, vol. 12, no. 2, pp. 123–129, 2009.

[65] S. Colombo *et al.*, “Involvement of distinct G-proteins, Gpa2 and Ras, in glucose-and intracellular acidification-induced cAMP signalling in the yeast Saccharomyces cerevisiae,” 1998.

[66] K. A. Borkovich, F. W. Farrelly, D. B. Finkelstein, J. Taulien, and S. Lindquist, “hsp82 is an essential protein that is required in higher concentrations for growth of cells at higher temperatures.,” *Mol. Cell. Biol.*, vol. 9, no. 9, pp. 3919–30, Sep. 1989.

[67] W. R. Boorstein and E. A. Craig, “Structure and regulation of the SSA4 HSP70 gene of Saccharomyces cerevisiae.,” *J. Biol. Chem.*, vol. 265, no. 31, pp. 18912–21, Nov. 1990.

[68] J.-H. Yu, “Heterotrimeric G protein signaling and RGSs in Aspergillus nidulans,” *J. Microbiol. Microbiol. Soc. Korea*, vol. 44, no. 2, pp. 145–154, 2006.