

Quitinases são enzimas responsáveis pela degradação da quitina, um polímero linear e homogêneo formado por ligações β -1,4 de NAcGlu. Fungos filamentosos possuem quitinases atuando nos processos de dispersão de esporos, autólise e nutrição. O organismo utilizado neste trabalho, *M. anisopliae*, é um fungo filamentoso entomopatogênico que infecta mais de 300 espécies de insetos, alguns deles pragas na agricultura. É bastante utilizado no controle biológico e constitui um modelo importante para o estudo de quitinases, já que a cutícula dos insetos está formada por cerca de 30% de quitina. Com o objetivo de estudar genes que codificam quitinases em *M. anisopliae*, clones previamente isolados de um banco genômico de *M. anisopliae* construído no vetor EMBL3 foram analisados. Foram feitas clivagens com diferentes enzimas de restrição, seguidas por Southern dos clones. Foram selecionados fragmentos de DNA que foram subclonados no vetor pBS. Um destes clones, contendo um fragmento de 3 kb, foi mapeado com enzimas de restrição. Deste mapeamento, selecionaram-se três fragmentos de DNA, que foram clonados e estão sendo sequenciados. Financiamento: CNPq/PADCT.