



IDENTIFICAÇÃO MOLECULAR DE FUNGOS FILAMENTOSOS ATRAVÉS DA REGIÃO 18S/ITS DO rDNA

LUCIANA SOBRANI ZIOTTI¹, MONICA STROPA FERREIRA NOZAWA²,
MARIA DE LOURDES TEIXEIRA DE MORAES POLIZELI³

¹Biomédica, Faculdade de Filosofia, Ciências e Letras de Ribeirão Preto/USP-SP, e-mail: luziotti@terra.com.br

²Bióloga, Faculdade de Filosofia, Ciências e Letras de Ribeirão Preto/USP-SP, e-mail: profmonica.nozawa@gmail.com

³Professora da Faculdade de Filosofia, Ciências e Letras de Ribeirão Preto/USP-SP, e-mail: polizeli@ffclrp.usp.br

Resumo: A aplicação de métodos moleculares para a identificação fúngica é uma ferramenta interessante, pois permite uma definição mais precisa de gênero e espécie microbiana, bem como a comparação com cepas de referência de banco de dados. O rDNA apresenta-se como um cluster gênico constituído por três genes, sendo estes: 18S, 5.8S e 28S, separados por regiões intergênicas chamadas *ITS1* e *ITS2*. Na estratégia de identificação, primers são “desenhados” a partir de regiões altamente conservadas nas porções *ITS1* e *ITS2*. Neste trabalho, foi realizada a identificação de fungos da Coleção do Laboratório de Microbiologia e Biologia Celular da FFCLRP-USP, baseando-se na amplificação das regiões *ITS1* e *ITS2* do rDNA. As extrações de DNA foram seguidas por reação de PCR utilizando os primers *ITS1* (5'TCCGTAGGTGAACCTGCGG3') e *ITS2* (5'GCTGCGTTCTTCATCGATGC3') e os fragmentos gênicos submetidos ao sequenciamento (ABI 3500 XL Genetic Analyser). As sequências gênicas foram analisadas utilizando-se o pacote *PHRED/PHRAP* e *consed*. As buscas de similaridade foram realizadas pelo Gene Bank do Centro Nacional de Informações em Biotecnologia (NCBI) utilizando-se a ferramenta Blastn. Foi demonstrada alta performance na identificação molecular de pelo menos 20 fungos dos gêneros *Aspergillus*, *Penicillium*, *Trichoderma* e *Rhizopus*. Estes resultados corroboram com as identificações morfológicas obtidas anteriormente, mostrando discrepância em algumas análises.

Palavras-chave: identificação, primers, ITS

Agradecimento: CNPq, FAPESP