
Diversidade molecular da comunidade fúngica em uma área de argissolo no sertão pernambucano

VENERONI-GOUVEIA, G.; FREITAS, M.R.; MELO, N.F.; MELO, A.M.Y.; COSTA, M.M.

Gisele Veneroni Gouveia (UNIVASF); Mariana Ramos Freitas (UNIVASF); Nataniel Franklin de Melo(Embrapa Semiárido); Adriana Mayumi Yano de Melo(UNIVASF); Mateus MatiuZZi da Costa (UNIVASF)

Palavras-Chave/Keywords: Clonagem Bacteriana, Biblioteca de DNA, Solo

A construção de bibliotecas de DNA tem sido um dos métodos utilizados para verificação da diversidade de micro-organismos de diversos ambientes. O objetivo do presente estudo foi caracterizar molecularmente a comunidade fúngica em uma área de argissolo com vegetação da caatinga no sertão pernambucano. O DNA total de amostras de solo foi extraído e utilizado em PCRs (Reação em Cadeia da Polimerase) com iniciadores universais para eucariotos. Os fragmentos de PCR foram clonados em células hospedeiras de *Escherichia coli* DH5 alfa, a extração do DNA plasmidial dos clones foi realizada pelo método de lise alcalina e 176 plasmídeos foram sequenciados. Sequências com alta qualidade foram alinhadas com sequências disponíveis no GenBank através do programa MEGABLAST. A análise apontou que os clones possuem sequência similar a fungos pertencentes às Ordens Chaetothyriales, Capnoidiales, Pleosporales, Pezizales não-cultiváveis e Tremellales não-cultiváveis. Além de *Chaetomium* sp., *Cladosporium cladosporioides*, *Coniochaeta prunicola*, *Humicola fuscoatra*, *Hypocrea lixii*, *Meyerozyma guilliermondii*, *Penicillium verruculosum*, *Calvatia bicolor*, *Coprinellus bisporus*, *Dioszegia* sp., *Epulorhiza* sp., *Fusarium solani*, *Panaeolus acuminatus*, *Panaeolus foenicisii*, *Panaeolus rickenii*, *Psathyrella pseudogracilis*, *Skeletocutis* sp. e *Trichosporon insectorum*. O presente estudo detectou alta variabilidade de espécies de fungos no local avaliado, possibilitando a identificação de fungos cuja caracterização por métodos de cultivo é improvável. Alguns fungos descritos nesse estudo possuem a característica de inibir o desenvolvimento de alguns patógenos e as sequências de seus genomas podem servir para prospecção de genes envolvidos com tal inibição.