



SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA XXVIII SIC

paz no plural



Evento	Salão UFRGS 2016: SIC - XXVIII SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2016
Local	Campus do Vale - UFRGS
Título	IDENTIFICAÇÃO MOLECULAR DAS ESPÉCIES DE AGENTES DA CROMOBLASTOMICOSE DA MICOTECA DO LABORATÓRIO DE FUNGOS PATOGÊNICOS DO ICBS/UFRGS
Autor	LETÍCIA LAZZAROTTO
Orientador	MARIA LUCIA SCROFERNEKER

IDENTIFICAÇÃO MOLECULAR DAS ESPÉCIES DE AGENTES DA CROMOBLASTOMICOSE DA MICOTECA DO LABORATÓRIO DE FUNGOS PATOGÊNICOS DO ICBS/UFRGS

Letícia Lazzarotto¹, Maria Lúcia Scroferneker^{1,2}

¹Departamento de Microbiologia, Imunologia e Parasitologia, ICBS, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre.

²Programa de Pós-Graduação em Medicina: Ciências Médicas da Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre.

Cromoblastomicose é uma micose crônica que afeta a pele e os tecidos subcutâneos, causada por cinco gêneros de fungos dematiáceos, sendo que várias espécies têm sido descritas desde o surgimento da identificação por sequenciamento do ácido desoxirribonucléico (*DNA*) desses patógenos. O objetivo deste estudo foi identificar molecularmente os agentes da cromoblastomicose da micoteca do laboratório de Micologia Médica do Instituto de Ciências Básicas da Saúde (ICBS) da Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS). Foram avaliados 76 isolados clínicos previamente identificados fenotipicamente até o nível taxonômico de gênero. As amostras foram crescidas em meio ágar Sabouraud dextrose, os *DNAs* foram extraídos usando o *Power Soil DNA Isolation Kit* (Mo Bio), foi amplificada e sequenciada a região ITS1-5,8S-ITS2 utilizando os *primers* universais ITS1/ITS4. As sequências foram editadas e comparadas às sequências das cepas tipo depositadas no GenBank utilizando o algoritmo BLAST. Quando necessário, árvores filogenéticas usando o método *Neighbor Joining* e *bootstrap* de 500 repetições foram realizadas para a classificação das amostras. Foram identificadas doze espécies distribuídas nos cinco gêneros causadores da doença, sendo elas: 58 do gênero *Fonsecaea* (44 *F. pedrosoi*, 12 *F. monophora*, 1 *F. nubica* e 1 *F. pugnacius*); 4 do gênero *Cladophialophora* (3 *C. carrionii* e 1 *C. bantiana*); 7 do gênero *Phialophora* (5 *P. americana* e 2 *P. verrucosa*), 5 do gênero *Exophiala* (3 *E. spinifera* e 2 *E. xenobiotica*) e 2 do gênero *Rhinocladiella* (1 *R. aquaspersa* e 1 *Rhinocladiella* sp.). Foi possível identificar 98,7% dos isolados pelo sequenciamento da região ITS. A classificação filogenética sugeriu que *Rhinocladiella* sp. 776 é uma nova espécie. A distribuição das espécies encontradas no trabalho contribui para a confirmação da hipótese que *F. pedrosoi* é a espécie mais frequente no Brasil.