

DIVERSIDADE DE ISOLADOS DE ACTINOBACTÉRIAS UTILIZANDO BOX-PCR E URP-PCR

Ballarini, A.E.¹; Van Der Sand, S.¹

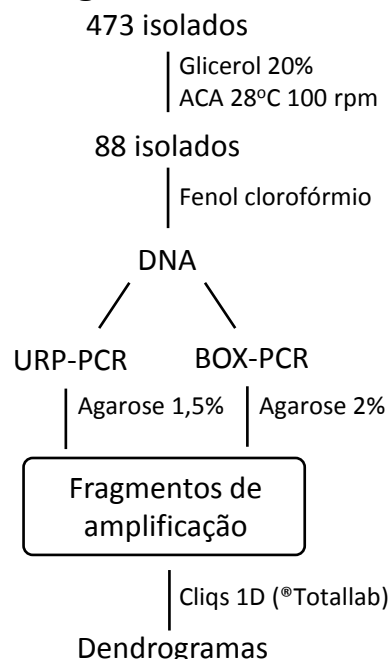
¹Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Instituto de Ciências Básicas da Saúde, Departamento de Microbiologia, Imunologia e Parasitologia.

paz no plural

Introdução

Bactérias do filo Actinobacteria estão distribuídas abundantemente em ambientes terrestres e aquáticos e são de grande interesse científico dada sua vasta produção de compostos biologicamente ativos (Bérdy, 2005). A identificação destes organismos, durante muito tempo, foi realizada seguindo características morfológicas e fisiológicas. Entretanto, os recentes avanços em técnicas de biologia molecular vêm permitindo a identificação a partir de comparações existentes em bancos de dados genômicos. Este trabalho teve como objetivo avaliar a diversidade de 88 isolados de actinobactérias, presentes no Laboratório de Microbiologia Ambiental ICBS/UFRGS com auxílio das técnicas de URP-PCR (*Universal Rice Primer*) (Kang, 2002) e BOX-PCR.

Metodologia



Resultados

Na técnica de BOX-PCR foram obtidos 73 fragmentos distintos e um fragmento de 210 pb repetiu-se em 45% dos isolados. Um dendrograma foi construído a partir dos dados obtidos (Figura 1). Para URP-PCR foram utilizados os *primers* 1F, 2F, 2R, 9F, 13R, 17R, 25F, 32F e 38F. O *primer* 2R gerou o maior número de padrões distintos entre os isolados, e foi capaz de amplificar 93,2% dos isolados (Tabela 1). O resultados mostraram que tanto o BOX-PCR quanto URP-PCR podem ser utilizados para avaliar a diversidade dos isolados utilizados.

Tabela 1: Análise geral dos fragmentos gerados das ampliações com a técnica URP-PCR.

Primer	Número de agrupamentos	Número total	Maior (pb)	Menor (pb)	1500pb a 1000pb (%)	999pb a 500pb (%)	Abaixo de 499pb (%)
1F	12	32	1487	100	21	44	35
2F	10	25	1161	113	8	44	48
2R	16	30	1253	73	14	43	43
9F	12	28	1400	108	14	43	43
13R	9	30	1475	72	27	33	40
17R	9	31	1480	77	19	39	42
25F	11	37	1459	106	32	41	27
32F	5	28	1469	238	25	46	29
38F	13	39	1482	103	33	36	31

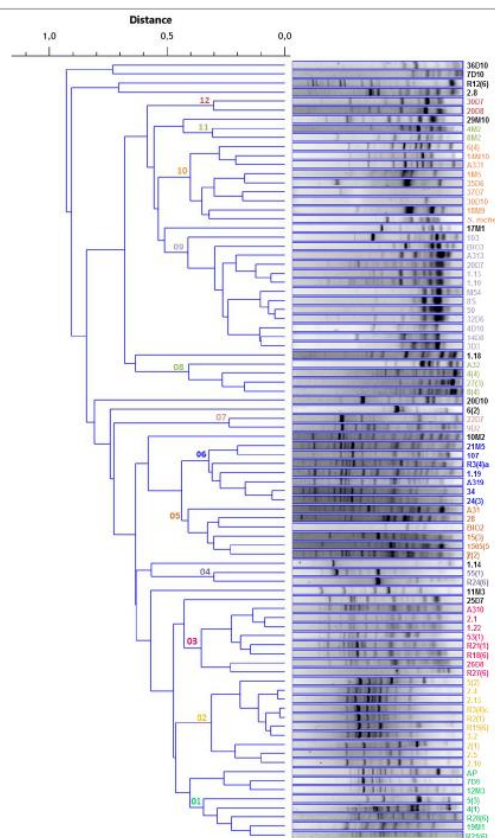


Figura 1: Dendrograma obtido a partir da amplificação das actinobactérias com a técnica BOX-PCR.

Referências

Bérdy J. 2005. Bioactive microbial metabolites. A personal review. *J Antibiot.* 58(1):1-26.
Kang H-W, Park D-S, Go S-J, Eun M-Y. 2002. Fingerprinting of Diverse Genomes Using PCR with Universal Rice Primers Generated from Repetitive Sequence of Korean Weedy Rice. *Mol Cells.* 13(2):281-287.

Agradecimentos