



XIV Congreso Nacional de Biotecnología y Bioingeniería



ANÁLISIS POR CODIGO DE BARRAS DE UNA COLECCIÓN DE HONGOS DE DIFERENTES AMBIENTES CON POTENCIAL BIOTECNOLÓGICO

N. Iván Tarqui, C. Patricia Larralde Corona, Erika A. De la Cruz Arguijo, J. Manuel Arratia y José A. Narváez-Zapata

Instituto Politécnico Nacional (Laboratorio de Biotecnología Industrial, Centro de Biotecnología Genómica). Blvd. del Maestro esq. Elías Piña, Col. Narciso Mendoza, C.P. 88710, Reynosa Tam., México. Tel. (55) 57 29 6000 ext. 87731. plarralde@ipn.mx, jnarvaez@ipn.mx

Palabras Clave: Código de barras, ITS1-5.8S-ITS2, 26/28S rADN

Introducción. La identificación de hongos a nivel de especie es importante en el campo de la investigación básica y aplicada (1). Para este análisis se utilizó una colección fúngica (LBI-CBG) previamente caracterizada a nivel morfológico y fisiológico, y que provienen de diferentes ambientes tales como: endofíticos de cítricos, biopelículas epifíticas, mostos de mezal y de suelos de cultivo. El objetivo de este trabajo fue probar la capacidad de discriminación de dos genes reportados como marcadores ITS (ITS1-5.8S-ITS2) y 28S (LSU) del ADN ribosomal, en una colección de 216 cepas caracterizadas LBI-CBG.

Metodología. Se realizó una base de datos de 216 cepas pertenecientes a 23 géneros de diversas fuentes. La identidad genética se realizó aplicando el método de mínima evolución con un re-muestreo de 1000 repeticiones, y la consistencia de apariciones de las diferentes cepas en cada clado se estableció al 99% de distancia euclidiana.

Resultados y discusión. En general la región ribosomal 26/28S fue capaz de discriminar más géneros (16) que la región ITS (12). De los 23 géneros nueve presentan consistencia del 90 al 100% de ser agrupados con individuos relacionados (Tabla 1.).

Tabla 1. Identidad genética de cepas en base a los marcadores ITS1-5.8S-ITS2 y 26/28S.

Género	Total Secuencias Analizadas	% Clados exclusivos (99% d. e.)	
		26/28S	ITS1-5.8-ITS2
<i>Alternaria spp.</i>	5	100	100
<i>Aspergillus spp.</i>	12	83	100
<i>Candida sp.</i>	2	100	100
<i>Cladosporium spp.</i>	5	100	100
<i>Clavospora spp.</i>	7	100	100
<i>Colletotrichum spp.</i>	23	100	100
<i>Dothideomycetes sp.</i>	2	0	0
<i>Fusarium spp.</i>	36	91	100
<i>Glomerella sp.</i>	2	0	0
<i>Hypocrea sp.</i>	2	100	0
<i>Kluyveromyces spp.</i>	28	86	86
<i>Lasiodiplodia sp.</i>	2	100	100
<i>Nigrospora sp.</i>	2	100	0
<i>Penicillium spp.</i>	6	100	40
<i>Pichia spp.</i>	23	50	55
<i>Pleurostoma sp.</i>	2	100	0
<i>Saccharomyces spp.</i>	25	100	100
<i>Torulaspora spp.</i>	9	100	0
<i>Trichoderma spp.</i>	11	100	100
<i>Zygosaccharomyces sp.</i>	2	0	0

d.e: distancia euclidiana.

Por otro dos de los géneros presentan nula resolución o menor al 55%, esto puede atribuirse a la variabilidad intergenómica presentes en los diferentes alelos

ribosomales. Por ejemplo, el género *Fusarium* no tuvo suficiente resolución con el región ITS (Fig. 1). Otros géneros como *Trichoderma* y *Pichia* fueron difíciles de clasificar debido a las pequeñas diferencias de nucleótidos en estas regiones (2). En estos casos se propone el empleo de otro marcador molecular como podría ser el citocromo 1 (3).

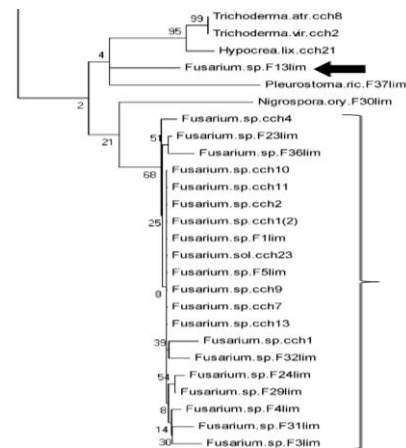


Fig. 1. Detalle del alineamiento filogenético de cepas con identidad de *Fusarium* spp, realizado a partir de la secuencia ribosomal 28S. El paréntesis indica el clado donde se agrupa el 91% de las cepas y la flecha, una de las cepas que no fue consistente en el alineamiento.

Conclusiones.

El empleo combinado de al menos dos genes marcadores para el establecimiento de un código de barras es necesario, y que en algunos géneros se requiere de al menos otros gene marcador para incrementar la consistencia de la identificación.

Agradecimientos. El alumno N.I. Tarqui agradece el apoyo del Programa Institucional de Formación de Investigadores (PIFI), y de los proyectos SIP20110241, SIP20110049 y FORDECyT 2RO/2009/08/06-07.

Referencias.

- Begerow D, Nilsson H, Unterseher M, Maier W. 2010. Current state and perspectives of fungal DNA barcoding and rapid identification procedures. Appl Microbiol Biotechnol 87:99-108
- Nilsson, R. H., M. Ryberg, E. Kristiansson, K. Abarenkov, K. H. Larsson, and U. Koljalg. 2006. Taxonomic reliability of DNA sequences in public sequence databases: a fungal perspective. PLoS One 1:e59.
- Chen W, Seifert KA, Lévesque CA. 2009. A high density COX1 barcode oligonucleotide array for identification and detection of species of *Penicillium* subgenus *Penicillium*. Molecular Ecology Resources. 9 (Suppl. 1), 114-129.