

## **IDENTIFICAÇÃO E DIFERENCIAÇÃO DE LINHAGENS DE LEVEDURAS EMPREGADAS NO CONTROLE BIOLÓGICO DE DOENÇAS FÚNGICAS UTILIZANDO SONDAS CONVENCIONAIS COMO INICIADORES NA REAÇÃO DE POLIMERIZAÇÃO EM CADEIA**

Zan<sup>1</sup>, MA; Burlani<sup>1</sup>, EL; Sanhueza<sup>2</sup>, RMV; Silva<sup>2</sup>, GA; Revers<sup>2</sup>, LF

<sup>1</sup>Universidade de Caxias do Sul, <sup>2</sup>Embrapa Uva e Vinho.

[merielez@hotmail.com](mailto:merielez@hotmail.com)

Palavras chave: controle biológico, PCR.

Leveduras antagonistas, isoladas da superfície de frutas como maçã, pêssego e laranja, têm sido usadas com sucesso no controle biológico de doenças fúngicas causadoras de podridões responsáveis por severas perdas no período da pós-colheita e armazenagem frigorífica. Com o objetivo de melhor caracterizar e desenvolver uma metodologia capaz de distinguir linhagens de leveduras empregadas no controle biológico de doenças fúngicas da macieira (*Malus domestica*), a reação de polimerização em cadeia (PCR) e sondas convencionais específicas para seqüências de DNA repetitivas hipervariáveis (minissatélites e microsatélites) foram utilizadas. A comparação dos perfis de polimorfismos de DNA amplificado obtidos utilizando-se a seqüência minissatélite-específica derivada do bacteriófago M13 (GAGGGTGGCGGTTCT) e a seqüência microsatélite-específica (GACA)<sub>4</sub> como oligonucleotídeos iniciadores, permitiu discriminar, inequivocadamente, linhagens de leveduras pertencentes a pelo menos 6 gêneros diferentes (*Cryptococcus*, *Myxozyma*, *Debaryomyces*, *Protomyces*, *Candida* e *Sporobolomyces*) e distinguir linhagens do mesmo gênero e espécie. Os resultados obtidos confirmaram que a tipagem molecular utilizando esta metodologia é uma ferramenta útil e confiável para a identificação de leveduras e para o monitoramento e controle de qualidade na produção em larga escala de microorganismos biotecnologicamente importantes.

Financiamento: EMBRAPA, FINEP, CNPq.