

filogenéticas atuais baseadas principalmente nas análises moleculares de DNA freqüentemente discordam das classificações tradicionais baseadas principalmente nas características morfológicas, não refletindo as interações determinadas anteriormente. Não há um único sistema de aceitação geral em todos os níveis de categoria de classificação dos fungos. Existem muitos esforços entre os pesquisadores sendo feito agora para estabelecer uma classificação unificada ou universal. O reino *Mycota* (sin. *Fungi*) foi recentemente dividido por Hibbett *et al.*, 2007, em sete filos, em seis filos por Kirk *et al.*, 2008 e atualmente em cinco filos por Luz, 2009. Neste último trabalho, diferente das outras classificações citadas o arranjo sistemático não utiliza termos sub hierárquicos ou intercalares como sub filo, sub classe ou outros. Para facilitar e melhorar a classificação são utilizados apenas os termos básicos comuns da classificação dos seres vivos: Reino, filo, classe, ordem, família, gênero e espécie (quando citadas). Nessa nova classificação, o autor realizou pequenos reajustes para facilitar o arranjo sistemático dos fungos incorporando algumas reflexões particulares ou indicadas. Esse último esquema de classificação geral e atual dos fungos é baseada principalmente em novas investigações filogenéticas em que foram estudados os seqüenciamentos de genes múltiplos. As mudanças foram profundas e surpreendentes. Muitos grupos tradicionais baseados somente em estruturas anatômicas mostraram-se artificiais e tornaram-se obsoletos. Em consequência muitas categorias apresentaram-se como agrupamentos de formas morfológicas distintas. O artigo de Luz, 2009, procura sumarizar ainda algumas das mudanças mais dramáticas ocorridas e aponta as mais significativas relações dos fungos fitopatogênicos. Nessa reclassificação o Reino *Mycota* foi dividido em 39 classes entre cinco filos. Os filos são os seguintes: *Microsporidiomycota*, *Zygomycota*, *Glomeromycota*, *Ascomycota* e *Basidiomycota*.

#### Referências

- HIBBETT, DS *et al.* 2007. A higher-level phylogenetic classification of the fungi. *Mycol. Res.* 111 (5): 509-47.  
KIRK, PM; CANNON, PF.; MINTER, DW; STALPERS, JA. 2008. *Dictionary of the Fungi*. 10th Edition. CAB International: Oxon, UK.  
LUZ, W C. 2009. Classificação atual dos fungos com ênfase especial nos fungos fitopatogênicos. *Revisão Anual de Patologia de Plantas*. 17:1-88.

## MESA REDONDA 12 - Vetor, Vírus e Viróides

**A versatilidade do uso de técnica de RCA (amplificação por círculo rolante) na virologia.** Inoue-Nagata, AK. Embrapa Hortaliças, CP 218, CEP 70.359-970, Brasília, DF, Brasil. E-mail: alicenag@cnph.embrapa.br. Versatility of using the RCA (rolling circle amplification) technique on virology.

A amplificação por círculo rolante (RCA) conquistou um espaço de destaque dentre os métodos de amplificação de DNA circular. O sistema consiste na amplificação isotermal (a temperaturas de 20 a 30°C) de DNA de fita simples utilizando a *phi-29* DNA polimerase. A capacidade de remoção da fita antecessora nascente permite a amplificação ilimitada e o uso de primers randômicos garante a amplificação de qualquer seqüência de DNA. É possível produzir microgramas de DNA fita dupla (na maior parte da sua extensão) a partir de DNA fita simples circular (fita dupla pode ser usada também, desde que desnaturada). A comercialização de kits que permitem o RCA no Brasil iniciou em 2003, principalmente voltado para a produção de DNA de alta qualidade e em grande quantidade, prontos para serem usados em reações de sequenciamento automático. O seu uso não ficou restrito ao sequenciamento na virologia. O sistema está sendo amplamente usado para amplificação para posterior clonagem do genoma de vírus de DNA circular, como por exemplo em geminivírus e circovírus. O produto do RCA pode ser também visualizado em gel para confirmação da presença de DNA circular na amostra original, ou ser digerido com enzimas de restrição, permitindo uma avaliação rápida da diversidade da amostra. O DNA viral não é o único alvo das amplificações: a produção do vetor plasmidial com extremidades prontas para a ligação é altamente beneficiada se precedida da RCA. A produção de clones infecciosos de begomovírus requer a presença de repetições de regiões específicas da molécula, em geral na forma de dímeros ou 1,5 cópias. Recentemente, os clones infecciosos são realizados sem a necessidade de subclonagens, mas diretamente dos fragmentos genômicos, via ligação do DNA genômico seguido de RCA e inoculação. Alternativamente, a inoculação de RCA de DNA total mostra excelentes resultados. Além disso, a sua versatilidade pode ser vista no estudo genômico de vírus de RNA. A técnica de RCA pode ser aliada ao procedimento de 5' RACE para a clonagem da extremidade 5' do genoma de RNA linear. Concluindo, a lista de utilidade é crescente e, provavelmente, interminável.

**Viroides: modelos moleculares para o estudo de interações patógeno-hospedeiro.** Eiras, M. Laboratório de Fitovirologia e Fisiopatologia, Centro de Pesquisa e Desenvolvimento de Sanidade Vegetal, Instituto Biológico. E-mail: eiras@biologico.sp.gov.br. Viroids: molecular models for the study on host-pathogen interactions.

Os viroides apresentam genoma constituído por um pequeno RNA circular que não codifica proteínas, porém, são capazes de se replicar de maneira autônoma em plantas superiores e causar doença interagindo diretamente com fatores