



Programa de Pós-Graduação Interunidades em Biotecnologia

BTC5827 - Fungos e Biotecnologia

Docente:

Prof. Dr. Felipe S. Chambergo Alcalde (fscha@usp.br), EACH-USP.

Link: **<https://sites.usp.br/lbbp/>**

Créditos: 4 (Aulas Teóricas: 4 h, Prática/Seminários: 2 h., Horas Estudo: 4 h)

Período: terça-feira (8:00 - 12:00 h)

Local: ICB IV

2024

Objetivos:

1. Apresentar e discutir de forma integrada a importância da biodiversidade de fungos para obtenção de bioprodutos de interesse em biotecnologia.
2. Introduzir conceitos de genética e metabolismo de fungos filamentosos.
3. Analisar e discutir os diversos produtos de interesse biotecnológico produzidos por fungos filamentosos.
4. Despertar no aluno raciocínio científico e crítico, capacitando-o a integrar e relacionar o conhecimento adquirido, com as demais disciplinas do programa de Biotecnologia.

Conteúdo Programático:

Modulo I. Fungos e Biodiversidade

1. Biologia e Classificação de fungos.
2. Fungos de importância em biotecnologia: Modelo *Aspergillus*, *Neurospora*, *Trichoderma*.

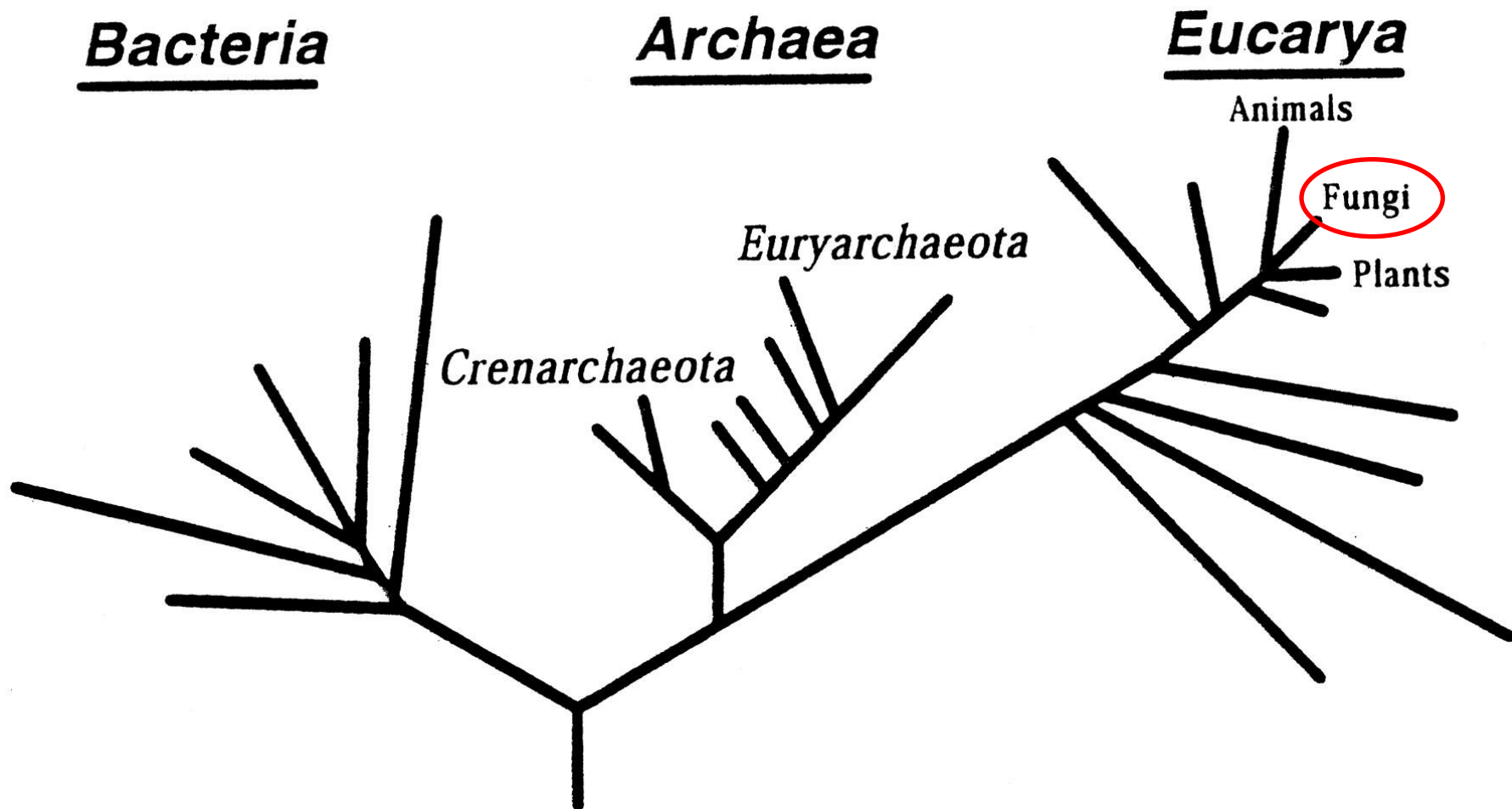
Modulo II. Genética e Metabolismo

1. Organização do genoma de fungos filamentosos modelo.
2. Metabolismo primário e secundário.

Modulo III. Fungos e Bioprodutos de interesse em biotecnologia

1. Identificação e análise de produção de bioprodutos.
2. Fungos como biorefinerías.

**Árvore filogenética: ~ 10.96 milhões.
(Descritas: 1.4 milhões, ~12,8%).**

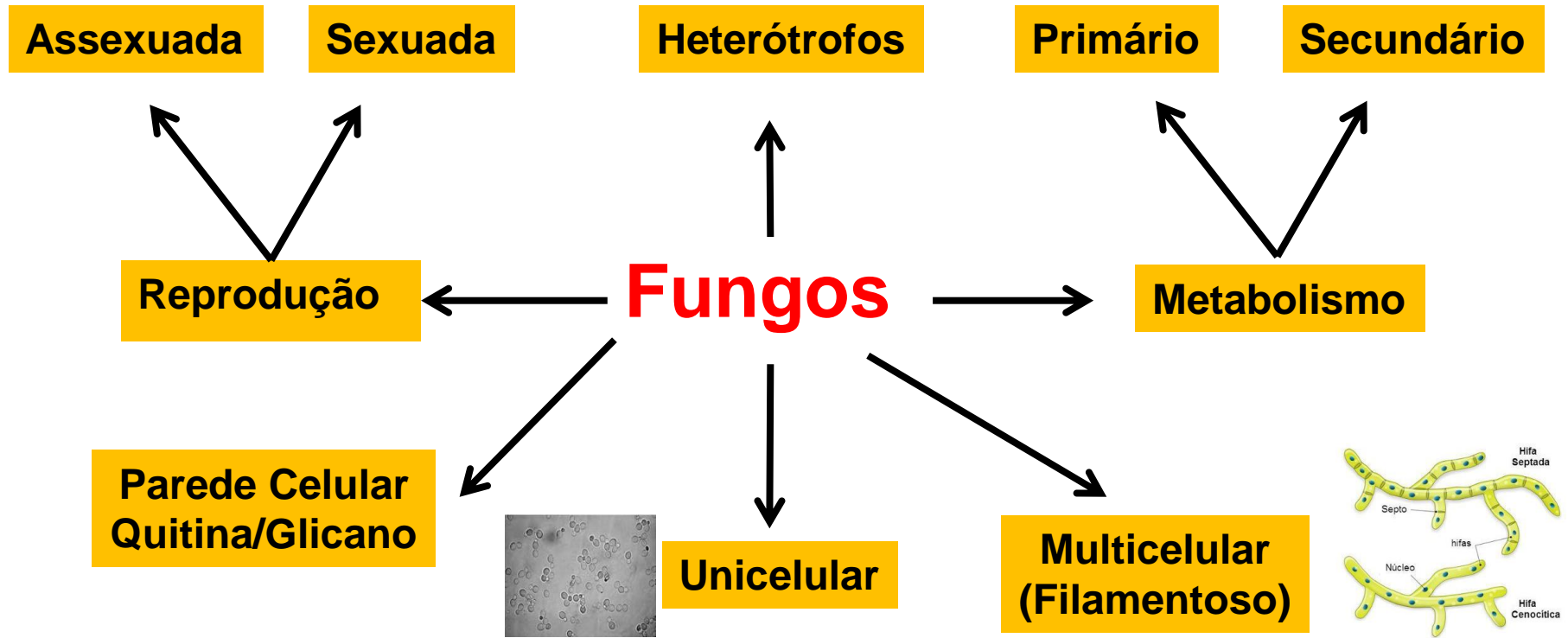


1.5 - 5.1 milhões de espécies de fungos

(Hawksworth et al., 2001; O'Brien et al., 2005).

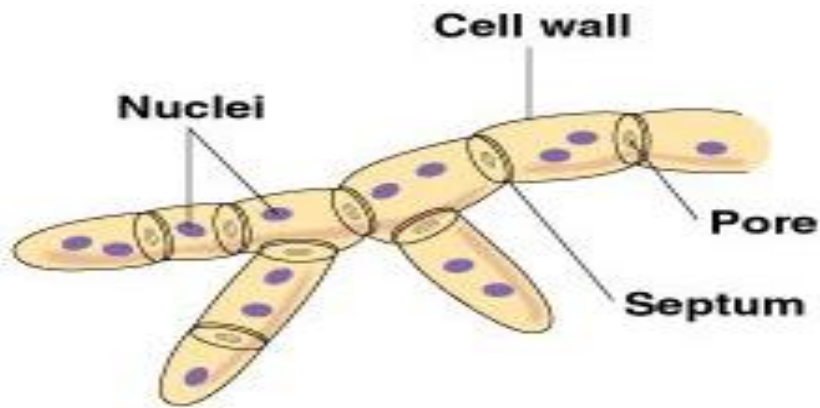
120 mil espécies de fungos catalogadas (Hibbett et al., 2011).

(Woese, 2000; Mora et al., 2011)

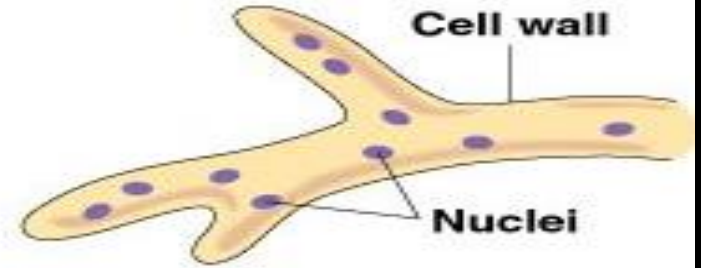


Os fungos surgiram na terra ~ mil milhões de anos atrás (na era neoproterozoica).

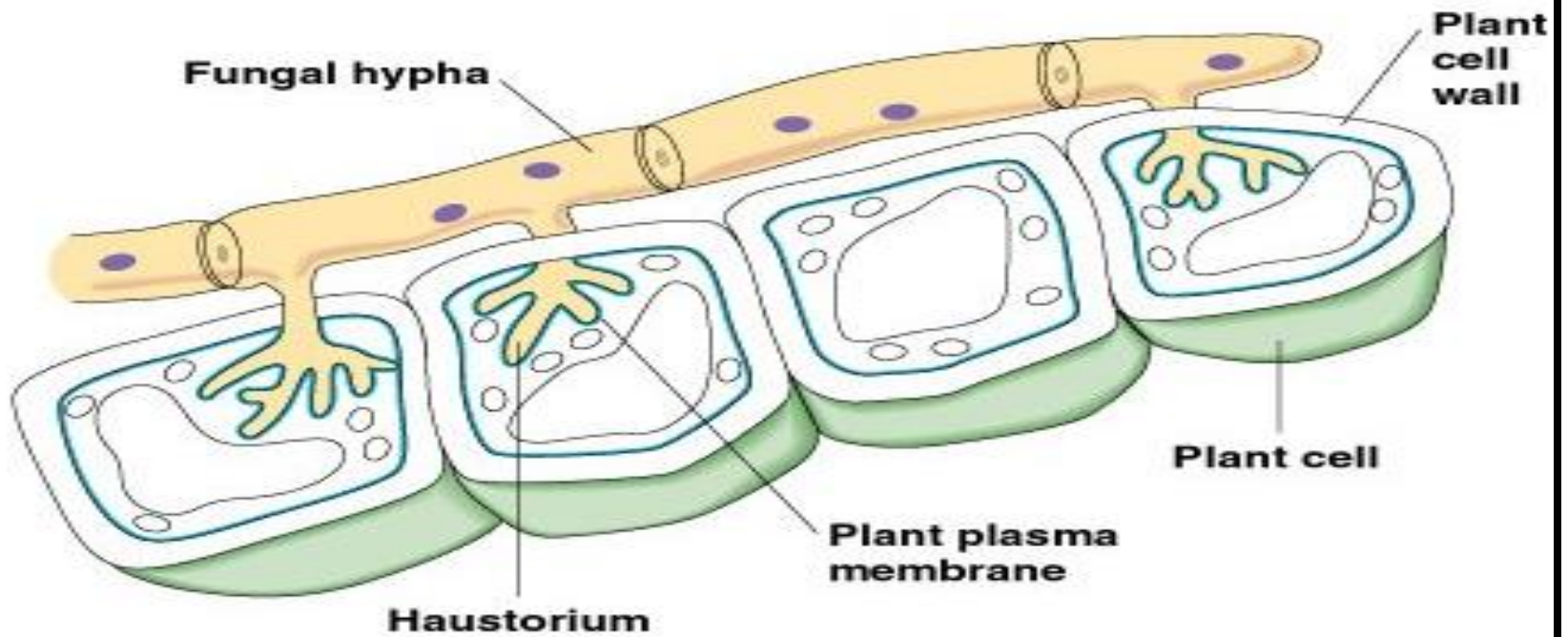
- Decompositores primários em todos os ecossistemas;
- Essenciais para a sobrevivência de muitos grupos de organismos com os quais se associam;
- Patógenos de humanos, plantas, fungos ou animais (~300 espécies);
- Importantes na agricultura e na produção de alimentos;
- Modelos genéticos com grande potencial para a biotecnologia.



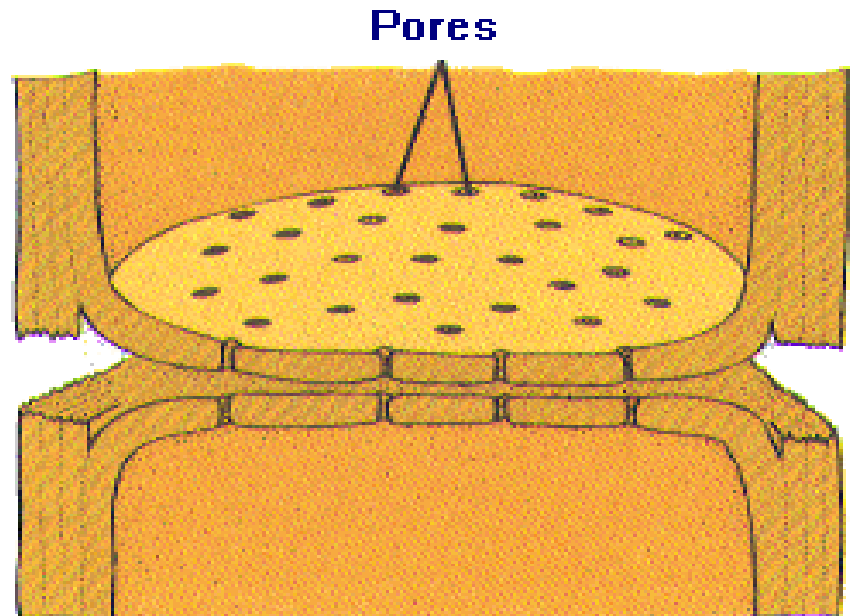
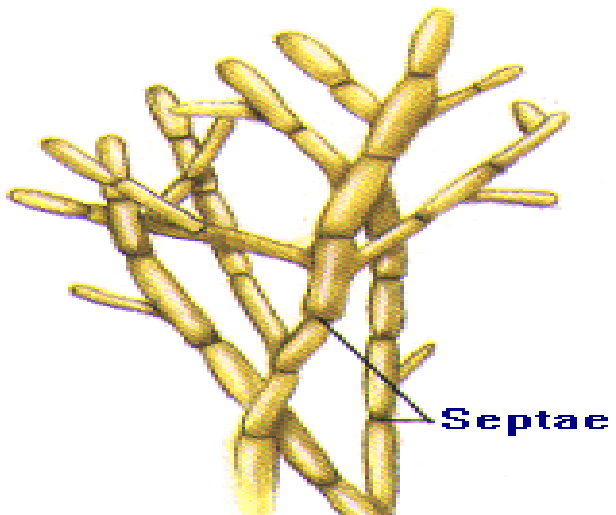
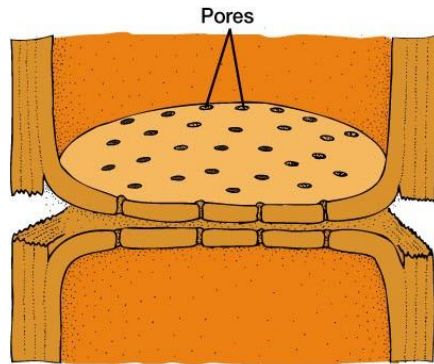
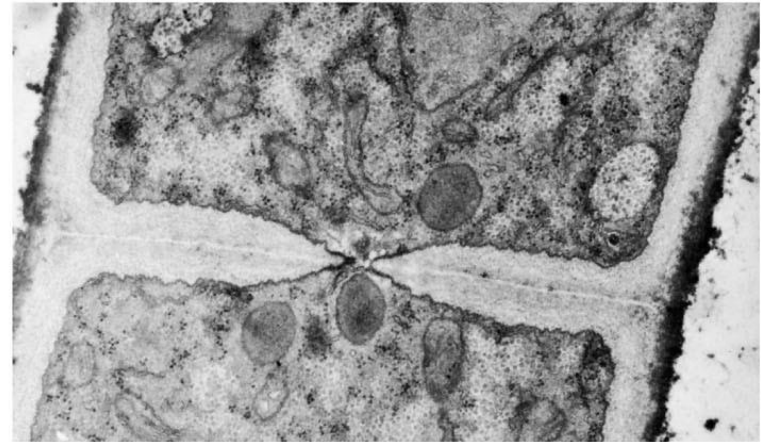
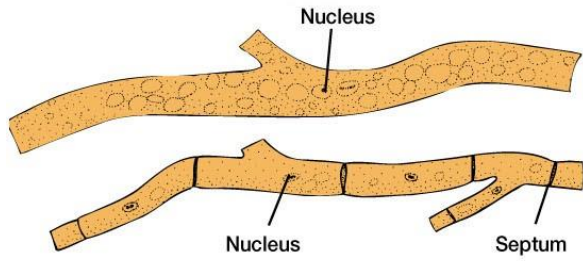
(a) Septate hypha



(b) Coenocytic hypha



(c) Haustoria



Lewinsohn e Prado (2005) estimam que o número de fungos no Brasil seja de 150 – 264 mil espécies.

Rodriguésia 66(4): 1033–1045. 2015

<http://rodriguesia.jbrj.gov.br>

DOI: 10.1590/2175-7860201566407



Diversity of Brazilian Fungi

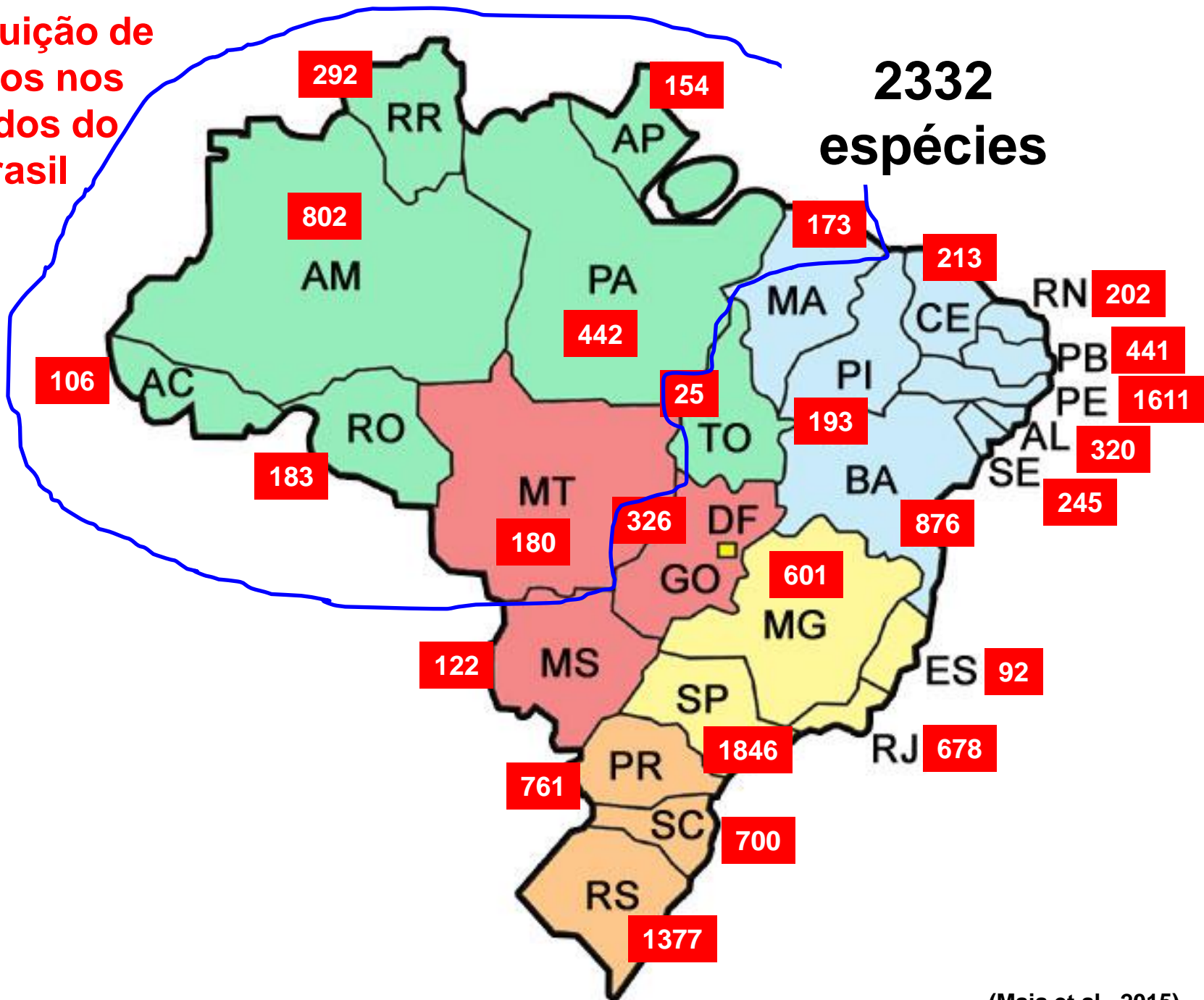
Leonor C. Maia, Aníbal A. de Carvalho Júnior¹, Laise de H. Cavalcanti, Adriana de M. Gugliotta, Elisandro R.

Resumo

Até 2010, o conhecimento sobre a diversidade de fungos do Brasil estava registrado em publicações esparsas de taxonomia e ecologia e em algumas poucas listas de espécies. Com a publicação do Catálogo de Plantas e Fungos do Brasil, e a disponibilização da lista *online*, tem sido possível agregar o conhecimento disperso. A versão ora apresentada acrescenta 2.111 nomes de espécies aos 3.608 listados em 2010. São citadas 5.719 espécies de fungos distribuídas em 1.246 gêneros, 102 ordens e 13 divisões, consistindo em considerável aumento em relação a 2010, quando estavam registrados 924 gêneros e 78 ordens. Predominam os Basidiomycota (2.741 espécies, em 22 ordens) e Ascomycota (1.881 espécies, em 41 ordens). A Mata Atlântica possui a maior quantidade de registros, com 3.017 espécies, seguido pela Amazonia (1.050), Caatinga (999), Cerrado (638) e Pampa e Pantanal com 84 e 35 espécies, respectivamente. A região Nordeste tem a maior riqueza (2.617 espécies), seguida pelo Sudeste (2.252), Sul (1.995), Norte (1.301) e Centro Oeste (488 espécies). Em relação aos Estados da Federação, São Paulo (1.846 espécies), Pernambuco (1.611) e Rio Grande do Sul (1.377) são os mais diversos.

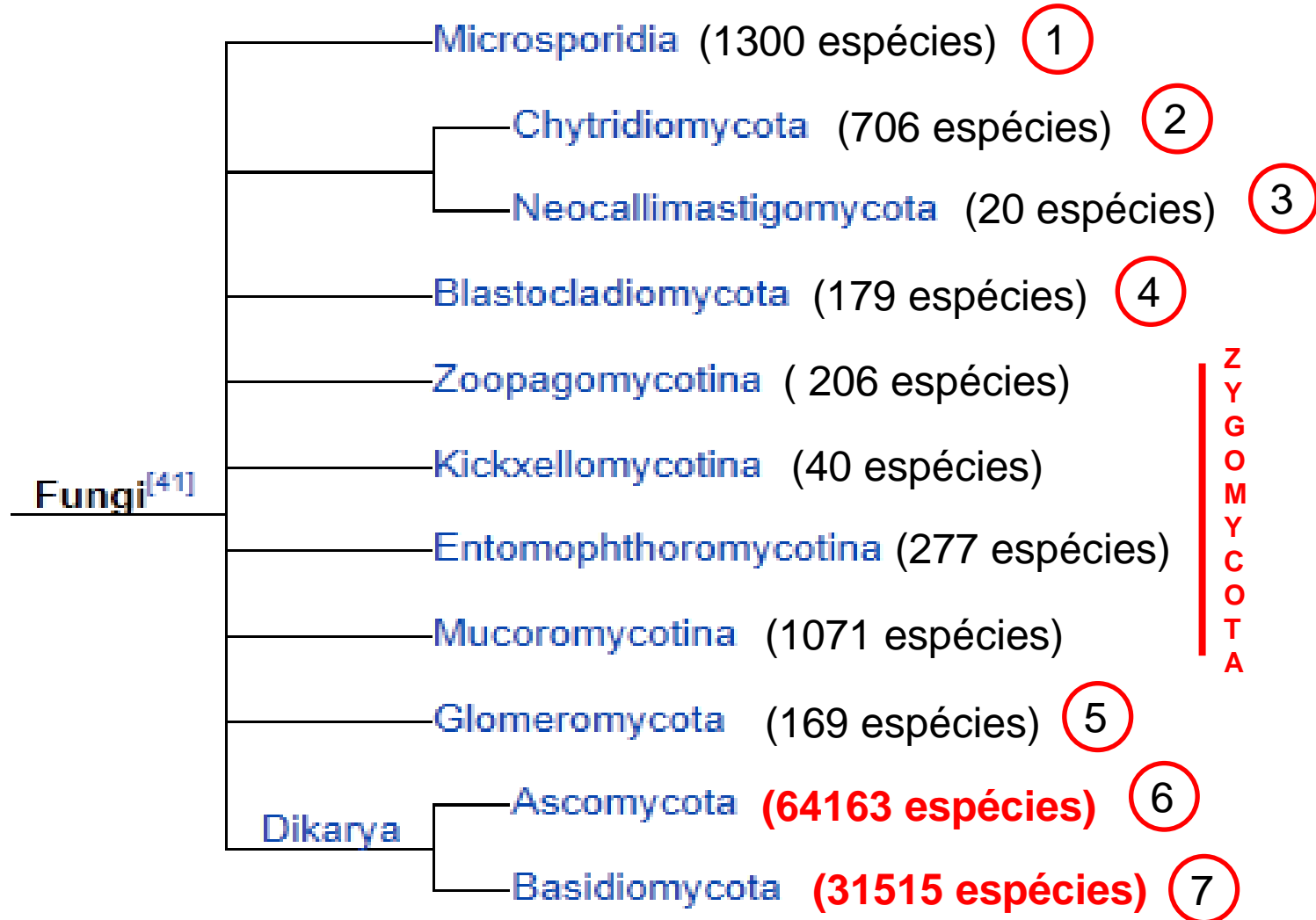
Palavras-chave: Taxonomia, micologia, regiões brasileiras.

Distribuição de Fungos nos Estados do Brasil



O Reino Fungi

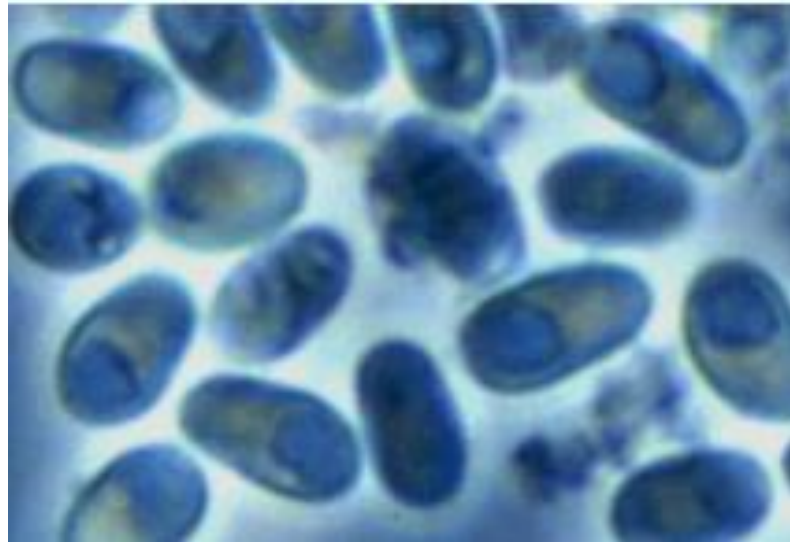
Os fungos representam o maior braço da árvore da vida.



1 Microsporidia

Fungos parasitas intracelulares obrigatórios de vertebrados e invertebrados, formadores de esporos pequenos e não apresentam mitocôndrias.

(1300 espécies)



Encephalitozoon intestinalis - Indivíduos imunodeficientes

② Chytridiomycota

Fungos com células (zoósporos e gametas), de um único flagelo, que parasitam algas, anfíbios, outros fungos, animais microscópicos e, plantas superiores ou são de vida livre.

(706 espécies)



Cladochytrium sp.

③ **Neocallimastigomycota**

Fungos anaeróbicos, encontrados principalmente no rúmen de ruminantes.
Potencial para produção de enzimas que degradam biomassa e utilizado na produção de biogás.

(20 espécies)

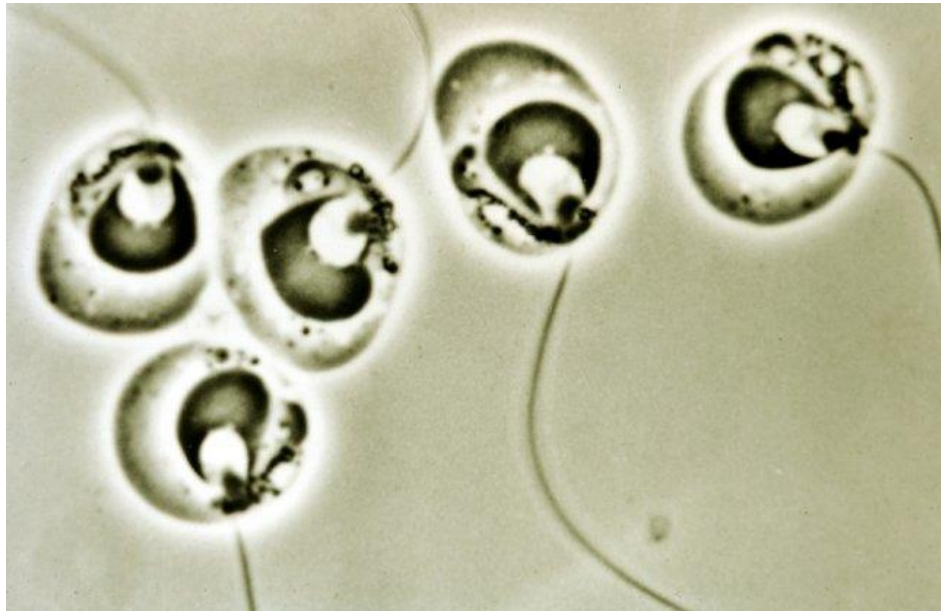


Neocallimastix sp.

4 Blastocladiomycota

Fungos de esporos com um único flagelo liso, encontrados no solo e água doce. Na maioria detritívoros ou parasitas de algumas espécies de plantas, nemátodes e algas.

(179 espécies)

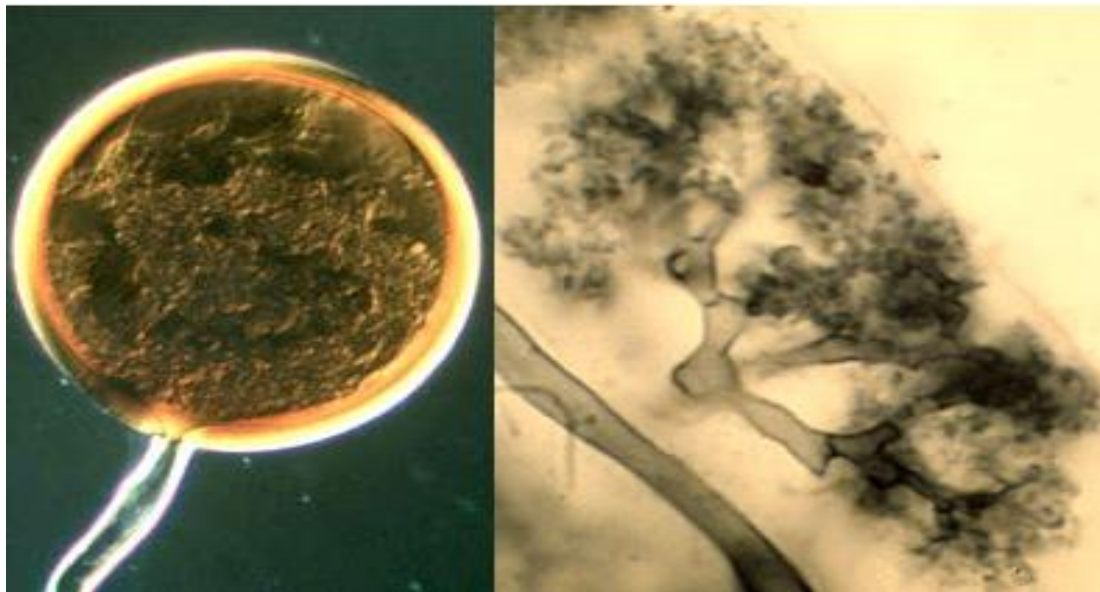


Blastocladiella emersonii

5 Glomeromycota

Simbiontes obrigatórios, mutualistas que formam micorrizas arbusculares (AM) dentro da raiz da maioria de plantas e árvores tropicais.

(150 espécies)



Glomus sp.

⑥ Basidiomycota



- Esporos numa estrutura em forma de bastão chamada basídio e hifas septadas com poros.
- Cogumelos, Leveduras não *Saccharomyces*, carvões e ferrugens.
- Alguns patógenos para plantas e humanos.

(31.515 ~32% das espécies descritas)



Phanerochaete chrysosporium

Degradação de HAPs, BTEX, resíduos de munição e pesticidas.
Produção de enzimas para indústria têxtil e de papel .



Ustilago maydis

Patógeno do milho.



Puccinia graminis

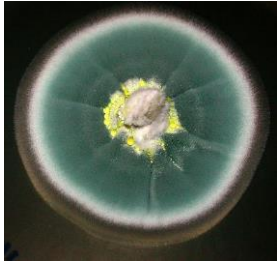
Patógeno de diversas plantas “ferrugem”.

7 Ascomycota



- Esporos (ascósporos) em esporângios (ascos).
- Simples (levedura – *Saccharomyces sp.*), filamentosos (hifas) ou ambos (dimórficos).

(64.163 ~ 65% de espécies descritas)



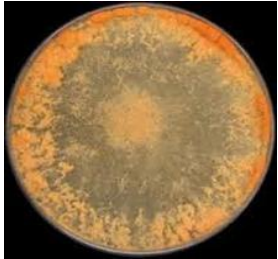
Penicillium chrysogenum

Penicillina.



Aspergillus terreus

Produção de ácido itacônico e Lovastatin



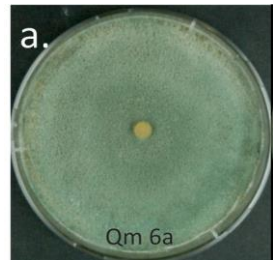
Neurospora crassa

Modelo genético.



Cephalosporium acremonium

Cefalosporina.



Trichoderma reesei

Enzimas celulases.
Produção de proteínas e enzimas recombinantes.



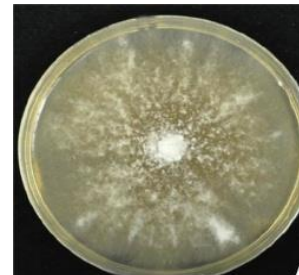
Tolypocladium inflatum

Ciclosporina.



Aspergillus flavus

Micotoxina: Aflatoxina (o mais potente cancerígeno natural).



Pestalotiopsis sp

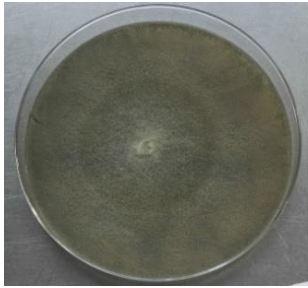
Taxol.

Zigomycota



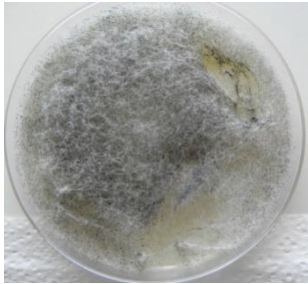
- Zigósporos formados em zigosporângio

(1.594 ~ 1% de espécies descritas)



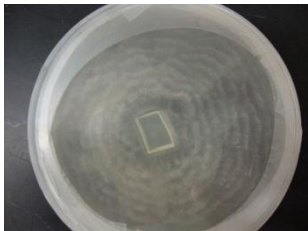
Mucor sp.

Produção de enzimas.



Rhizopus oligosporus

Produção de alimentos fermentados e bebidas alcoólicas.



Mortierella sp.

Produção de ácidos graxos.



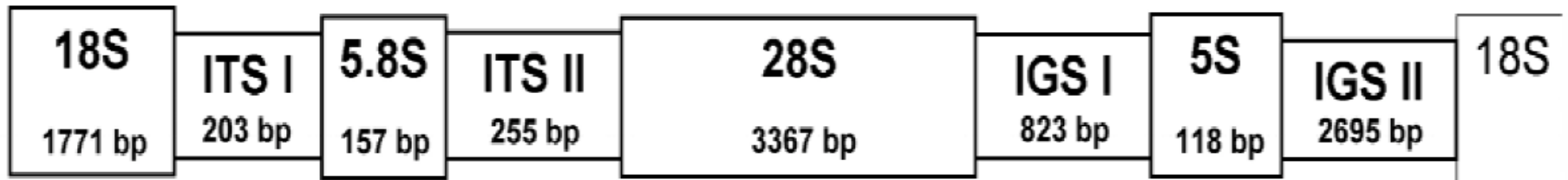
Entomophthora sp.

Patógenos de insetos, nemátodes e ácaros.

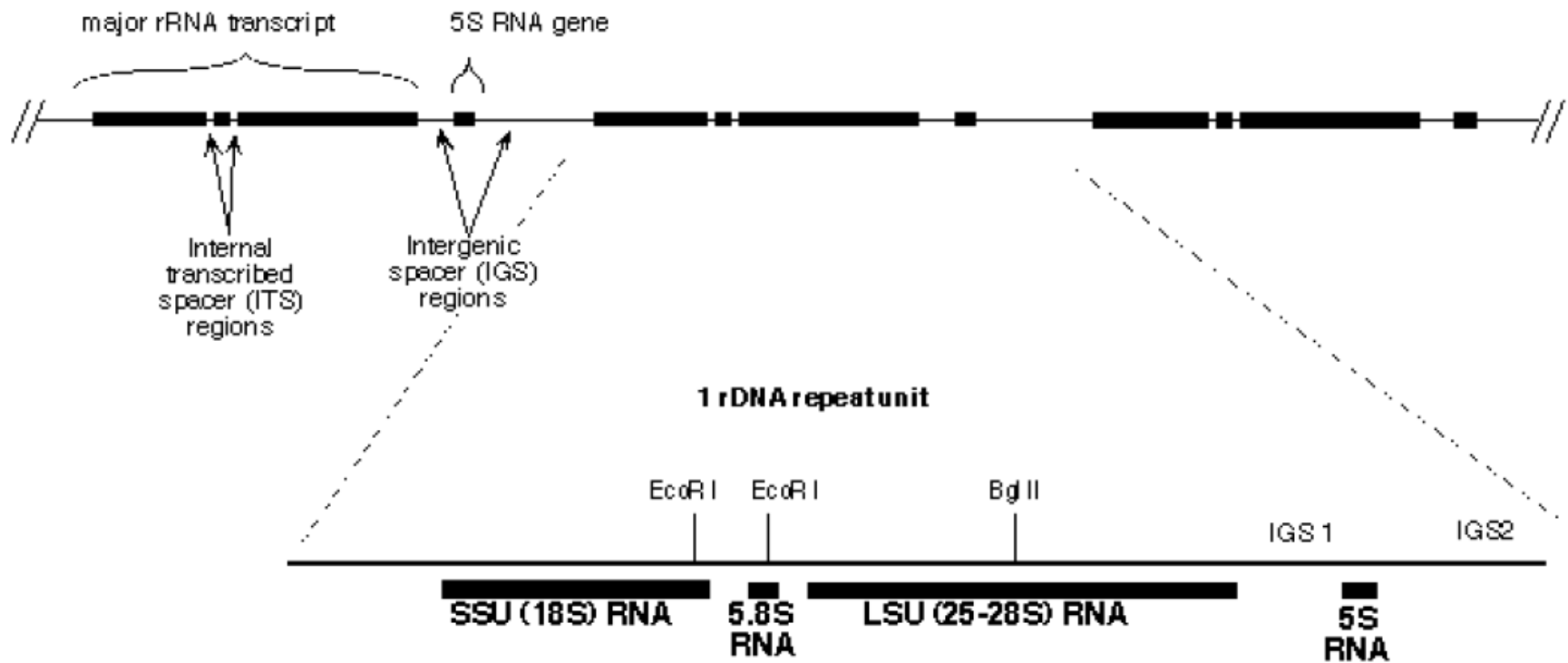
Identificação por Taxonomia Molecular

The eukaryotic rRNA cistron consists of the 18S, 5.8S, and 28S rRNA genes transcribed as a unit by RNA polymerase I.

These two spacers, including the 5.8S gene, are usually referred to as the ITS region. The 18S nuclear ribosomal small subunit rRNA gene (SSU) is commonly used in phylogenetics, and although its homolog (16S) is often used as a species diagnostic for bacteria (18), it has fewer hypervariable domains in fungi. The 28S nuclear ribosomal large subunit rRNA gene (LSU) sometimes discriminates species on its own or combined with ITS.



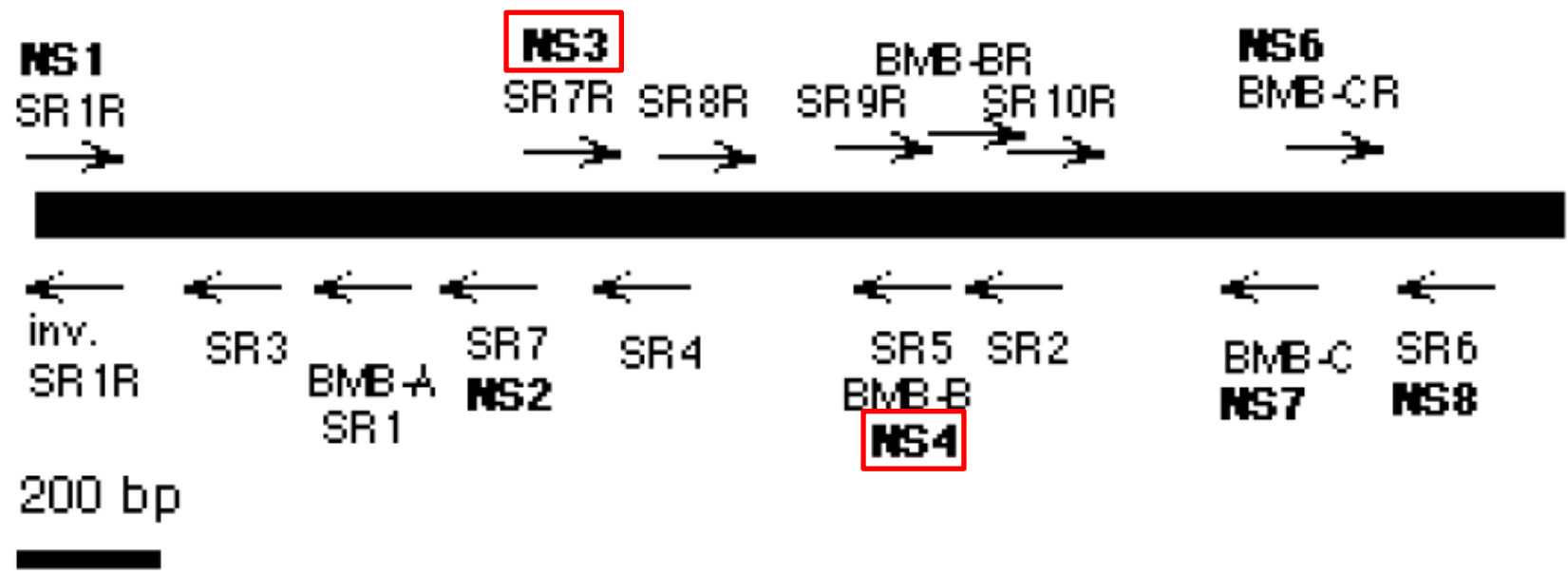
Vilgalys lab, Duke University



Small subunit RNA (SR) primers:

Primers for amplification of small-subunit (SSU) rDNA

SSU RNA

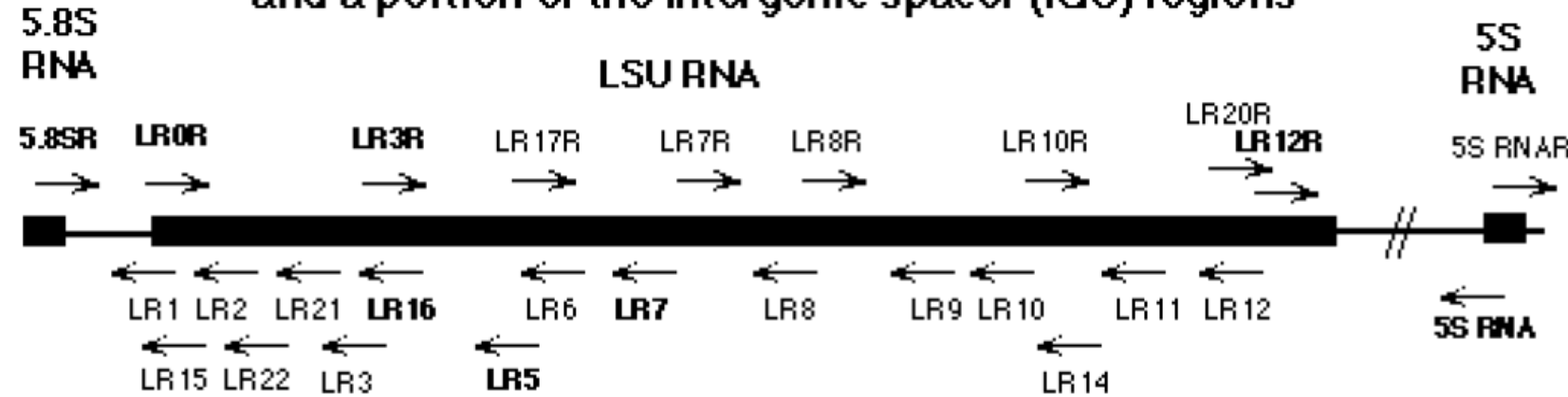


Primers most useful for routine sequencing are shown in bold

~500 pb

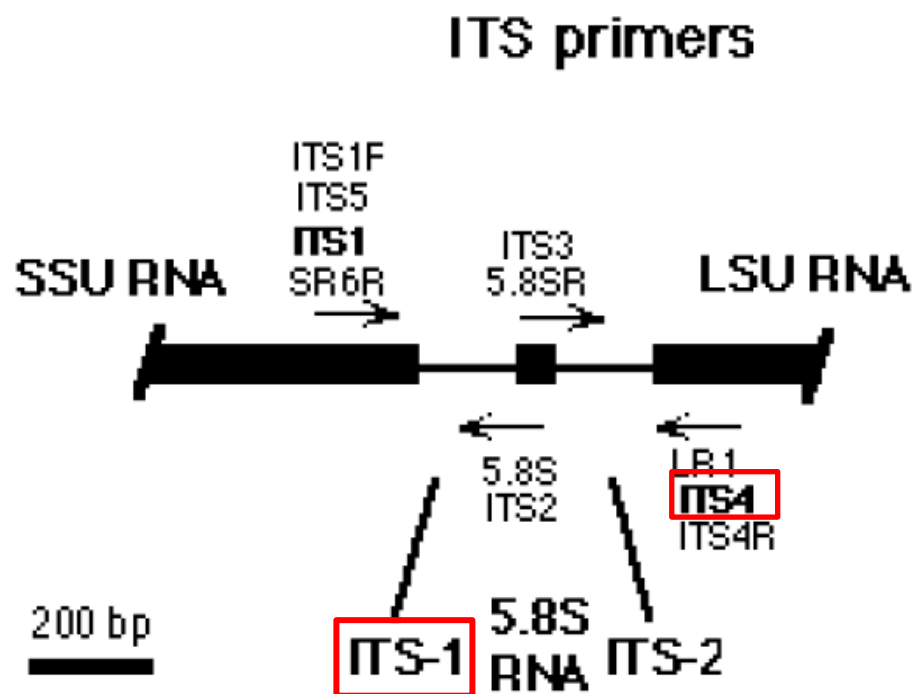
Large subunit RNA (25-28S) primer sequences

Primers for amplification of large-subunit (LSU) RNA and a portion of the intergenic spacer (IGS) regions



300 bp


Internal transcribed spacer (ITS) region primers



Primers for routine sequencing are shown in bold

~500 pb

Nuclear ribosomal internal transcribed spacer (ITS) region as a universal DNA barcode marker for *Fungi*

Conrad L. Schoch^{a,1}, Keith A. Seifert^{b,1}, Sabine Huhndorf^c, Vincent Robert^d, John L. Spouge^a, C. André Levesque^b, Wen Chen^b, and Fungal Barcoding Consortium^{a,2}

www.pnas.org/cgi/doi/10.1073/pnas.1117018109

PNAS | April 17, 2012 | vol. 109 | no. 16 | 6241–6246

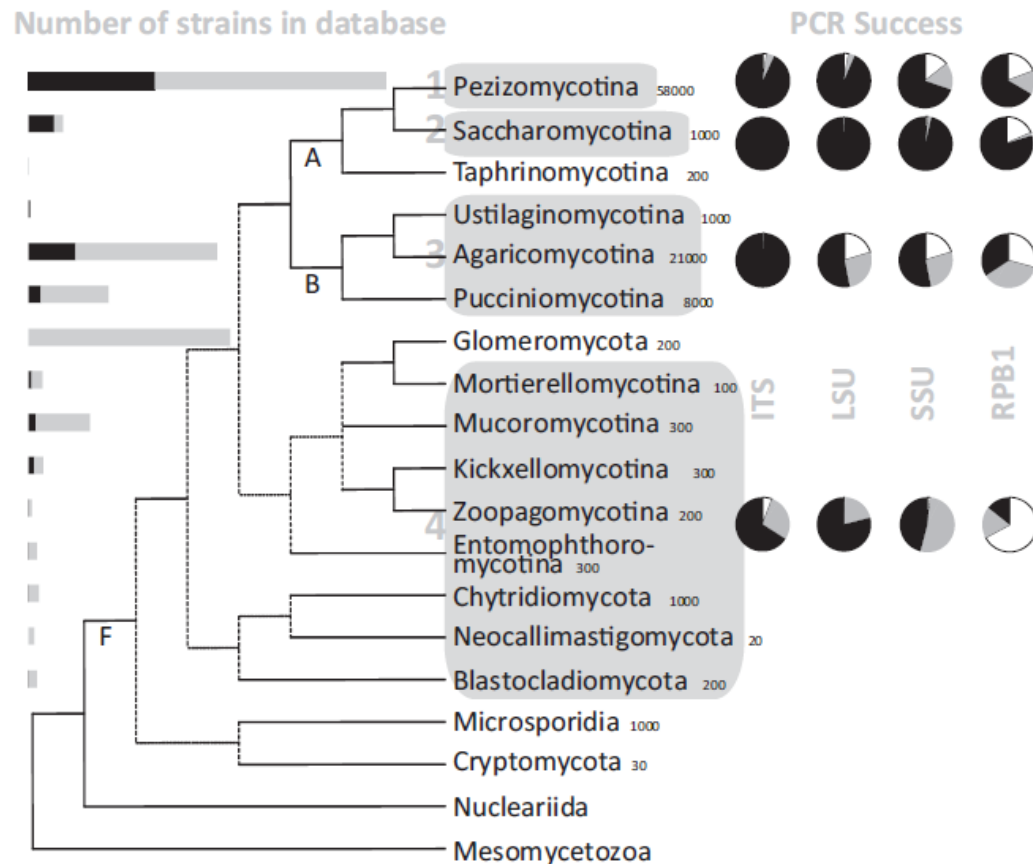


Fig. 1. Dendrogram of 17 fungal lineages sampled in this study showing consensus relationships and sampling. Relationships with high levels of uncertainty are indicated by stippled lines. Lineages are labeled and listed together with the approximate number of currently described species. The currently accepted node for delineating *Fungi* is indicated by F. The phyla *Ascomycota* and *Basidiomycota* are indicated by A and B, respectively. Gray bars to the left indicate numbers of strains in the barcode database, with the longest bar equal to 1,176 strains. Black bars indicate the proportions selected for a PCI analysis. The four datasets analyzed for PCI are numbered 1–4: 1, *Pezizomycotina*; 2, *Saccharomycotina*; 3, *Basidiomycota*; 4, early diverging lineages. Pie charts indicate the proportion of success from attempts to amplify the four-marker regions in the following order: ITS, LSU, SSU, and *RPB1*. Black, successful PCRs and sequences; gray, uncertain cases where no report was given; white, unsuccessful PCR.

Fungal Barcoding

International Fungal Working Group



[Home](#) [Search strain database](#) [Identification](#) [Deposit](#) [Registration](#) [Primers](#) [Publications](#) [Meetings](#) [Links](#) [Help](#) [Unknown user](#)

Fungal Barcoding Primers

April 11, 2011

primer name	sequence	Lab/commenter	Tax group
ITS			
ITS1	5'-TCCGTAGGTGAACCTGCGG-3'	forward	all
ITS 1F	5'-CTTGGTCATTTAGAGGAAGTAA-3'	forward	all
ITS4	5'-TCCTCCGCTTATTGATATGC-3'	reverse	all
ITS4BR	5'-TCAACAGACTTGACATGGTCC-3'	reverse	Hamelin
ITS4BR2	5'-GGATTATCACCCCTCAATGAT-3'	reverse	Hamelin
ITS3R2	5'-AAGGTACACCTGTTTGAGTGTC-3'	forward	Hamelin
ITS2R2	5'-GACACTCAAACAGGTGTACCTT-3'	reverse	Hamelin
ITS5	5'-GGAAGTAAAAGTCGTAACAAGG-3'	forward	Seifert
ITS3R3	5'-CACATCGATGAAGAACACAGT-3'	forward	Hamelin
5.8S	5'-CGCTGCGTTCTTCATCG-3'	forward	Moncalvo
5.8SR	5'-TCGATGAAGAACGCAGCG-3'	reverse	Moncalvo
UN-UP18S42	5'-CGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAAC-3'	forward	Levesque
UN-LO28S22	5'-GTTTCTTTTCTCCGCTTATTGATATG-3'	reverse	Levesque