

# IDENTIFICAÇÃO GENOTÍPICA DAS ESPÉCIES DE *MALASSEZIA* SPP. DE MICROBIOTA CUTÂNEA DE MAMÍFEROS SELVAGENS DO PARQUE ESTADUAL DA CANTAREIRA (APOIO UNIP)

**Aluna:** Eliana Cumino Chiurco

**Orientadora:** Profa. Dra. Selene Dall' Acqua Coutinho

**Curso:** Medicina Veterinária

**Campus:** Cantareira

*Malassezia* spp. são leveduras que fazem parte da microbiota cutânea de animais e do homem e podem causar infecções em situações de desequilíbrio. O objetivo deste projeto foi proporcionar, por meio de caracterização genotípica, maior conhecimento a respeito das espécies de *Malassezia* spp. em microbiota cutânea de mamíferos selvagens, visto que a maior parte dos levantamentos epidemiológicos dentro da Medicina Veterinária foi realizada em animais domésticos, de companhia e criação. Para tanto, foram empregadas 13 cepas de *Malassezia* spp. isoladas de conduto auditivo externo e pelame de 15 mamíferos selvagens de vida livre, do Parque Estadual da Cantareira. Estas cepas foram identificadas fenotipicamente em projeto anterior (Pesquisa de *Malassezia* spp. em microbiota cutânea de mamíferos selvagens do Parque Estadual da Cantareira, vigência: abr/2010 – dez/2011), financiado pelo Programa Institucional de Bolsas de Iniciação Científica da Vice-Reitoria de Pós-Graduação e Pesquisa da UNIP. O DNA das colônias isoladas foi extraído, para que então fossem realizadas reações de PCR (*Polymerase Chain Reaction*), nas quais foram visualizadas as bandas das cepas dentro do intervalo padrão para *Malassezia* (500-600pb) e RFLP (*Restriction Fragment Length Polymorphism*) com auxílio das enzimas de restrição *BtsCI* e *HhaI*, que permitem a caracterização final em espécies. No entanto, os padrões visualizados na utilização das duas enzimas de restrição (dois padrões de bandas para *BtsCI* e três para *HhaI*) encontram-se fora dos padrões estabelecidos ou estudados em trabalhos anteriores, o que torna necessário o sequenciamento genético das cepas isoladas, a fim de se

determinar se outras espécies, que não as conhecidas até o momento, fazem parte da microbiota desses mamíferos selvagens. O aprimoramento de informações a respeito destas leveduras na microbiota de animais selvagens de vida livre é de grande importância para a compreensão das enfermidades que são capazes de causar ao hospedeiro e em condutas terapêuticas a serem tomadas.