



SOLUCIONES MICROBIANAS

AccuGENX-ID® FunITS

Ventajas:

- Más de medio millón de identificaciones realizadas en los últimos 10 años
- El proceso de identificación AccuGENX-ID® cumple las BPF actuales
- La tasa de notificaciones más alta de la industria, el 98 %
- Resultados rápidos, incluso el mismo día, con una tasa de entregas en la fecha acordada del 99 %
- Bibliotecas de hongos validadas con más de 3400 entradas
- Más fiable, más reproducible y menos subjetivo que las metodologías tradicionales

Charles River identifica cepas aisladas desconocidas de hongos y levaduras mediante nuestro servicio AccuGENX-ID® FunITS. FunITS utiliza secuenciación de ADN comparativa de la región de ARNr ITS2, reconocida en toda la industria como el método más preciso y reproducible para identificar organismos desconocidos, y puede producir resultados fiables en tan solo cuatro horas.

Las ventajas de la secuenciación ITS2

La identificación de hongos, especialmente hongos filamentosos, ha sido siempre una tarea muy difícil. Debido a la cantidad de experiencia y tiempo necesarios para identificar con precisión los hongos filamentosos a nivel de especie, ha sido práctica común identificarlos a nivel de género o, en algunos casos, simplemente identificarlos como «mohos».

Accugenix utiliza la secuencia ITS2, que ha demostrado ser la secuencia de ADN más ampliamente aceptada para la identificación de hongos. La secuencia ITS2 presenta una mayor variabilidad que la secuencia de ADN del segmento de expansión D2, proporcionando así una mayor especificidad. De este modo, se obtiene una resolución mucho mayor en la identificación de especies que con D2^{1,2}. La secuencia ITS2 ha sido reconocida para la identificación de especies fúngicas a través de identificadores de secuencia de ADN por el Consorcio Europeo para el Código de Barras de la Vida³.

La base de datos de AccuGENX-ID®

En Charles River nos comprometemos a proporcionar las identificaciones más precisas a las industrias a las que servimos. Este compromiso requiere que actualicemos continuamente nuestras bibliotecas validadas Accugenix® para estar siempre al día de la constante evolución del mundo de los microorganismos. El beneficio directo de enviarnos sus muestras de mohos y levaduras es nuestra capacidad para identificar más muestras a nivel de especie que nuestros competidores. Subcontratar a Charles River para analizar sus muestras le permite obtener acceso a las bibliotecas de hongos más relevantes, actualizadas y validadas de la industria. Dado que nuestro objetivo es lograr el mayor porcentaje de identificaciones a nivel de especie, comparamos los datos de las secuencias de las muestras

EN CADA PASO DEL CAMINO



en las que no se obtiene una coincidencia a nivel de especie con una variedad de bases de datos de secuencias disponibles públicamente. Si existe un organismo descrito recientemente cuyas secuencias presentan un buen nivel de coincidencia con las de la muestra y dicho organismo recibe un nombre y se publica de forma válida, dichas secuencias pasan a formar parte de nuestra biblioteca validada⁴.

Estudios de casos: la mayor resolución de AccuGENX-ID® en comparación con la secuenciación de D2

La capacidad de la región ITS2 para distinguir claramente entre dos *Aspergillus* spp.

Aspergillus brasiliensis, descrita como especie recién descubierta en 2007⁵, fue creada en parte por la transferencia de varias cepas existentes de *Aspergillus niger* a *A. brasiliensis*. La importancia de poder diferenciar estas dos especies entre sí es que *A. niger* ATCC 16404 se cita como organismo de CC en muchos capítulos de la USP, como USP <61> y USP <71>. Por desgracia, la falta de características morfológicas diversas, unas características fenotípicas inestables y las condiciones de cultivo dificultan la diferenciación de estas dos especies. La secuenciación de ADN D2 no proporciona información adicional, ya que las secuencias de ADN para todas las cepas de estas dos especies son idénticas.

Sin embargo, la secuenciación de ITS2 distingue claramente las dos especies de *Aspergillus* spp., a pesar de que las dos especies presentan únicamente una diferencia de nucleótidos en la secuencia ITS2. Se ha demostrado que esta diferencia es sumamente reproducible y se considera un indicador de diagnóstico de la especie.

La capacidad de la región ITS2 para distinguir claramente entre *Komagataella pastoris*, *phaffii* y *pseudopastoris*

K. pastoris es un organismo común utilizado en la fabricación de productos biológicos. Es importante poder garantizar con confianza una correcta identificación a nivel de especie a lo largo del proceso de producción-fermentación para confirmar que, de hecho, se está utilizando *K. pastoris*, en lugar de identificar el organismo solo a nivel de género como *Komagataella* spp. o no poder distinguirlo de *K. phaffii* y *K. pseudopastoris*. La secuenciación de ITS2 ofrece una ventaja significativa en esta identificación. Demuestra una mayor resolución que la secuencia de ADN D2, identificando 16 diferencias de nucleótidos entre *K. pastoris* y *K. phaffii*, y 18 diferencias de nucleótidos entre *K. pastoris* y *K. pseudopastoris*, en lugar de las diferencias de 1-2 nucleótidos que se pueden encontrar mediante la secuenciación de ADN D2.

Bibliografía

1. The Utility of ITS2 Sequencing for Identifying Fungal Contaminants
2. ITS2 Sequencing as a Method for the Identification of Fungal Environmental Isolates
3. Chase *et al.* *Science*. **325**, 682-83 (Aug. 7, 2009).
4. Creating and Maintaining Validated Microbial Identification Libraries within a cGMP Quality Environment
5. Varga *et al.* *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology (IJSEM)*. **57**, 1925-1932 (2007).

Servicio	Tiempo hasta la obtención de resultados	Código
AccuGENX-ID® hongos (ITS2)	El mismo día	FunITS-0
	1 día	FunITS-1
	2 días	FunITS-2
	5 días	FunITS-5