



### CÓDIGO DE BARRAS DE DNA DE FUNGOS DEPOSITADOS NO ACERVO DA CENTRAL DE RECURSOS MICROBIANOS DA UNESP

BIANCA FAZIO RIUS<sup>1a</sup>; ANDRÉ RODRIGUES<sup>1b</sup>

<sup>1</sup> Departamento de Bioquímica e Microbiologia, Universidade Estadual Paulista, Câmpus de Rio Claro, SP, email: <sup>a</sup>biancafaziorius@gmail.com; <sup>b</sup>andrer@rc.unesp.br

*DNA barcoding* (ou Código de barras de DNA) é uma ferramenta desenhada para a rápida identificação de espécies através de sequências curtas e específicas encontradas no genoma. Para atingir esse objetivo são necessárias bases de dados de referência, as quais estão sendo estruturadas, como por exemplo, a plataforma BOLD (*Barcode of Life Data Systems*). O BrBOL (*Brazilian Barcode of Life*) é um consórcio para identificação molecular da biodiversidade brasileira, no qual todas as informações geradas são integradas à plataforma BOLD. O presente projeto teve como objetivo ampliar a base de dados do BOLD/BrBOL através do depósito de sequências *barcode* de fungos pertencentes ao acervo da Central de Recursos Microbianos da UNESP (CRM-UNESP). Foi depositado um total de 45 sequências ITS compreendendo 14 espécies distintas. Tais sequências atendem aos critérios mínimos para serem consideradas *barcodes*: (i) tamanho da sequência (maior que 550 pb), (ii) georeferenciamento e (iii) demais metadados associados (imagens das colônias e estruturas reprodutivas dos espécimes). Análise filogenética indicou que os *barcodes* formam grupos coesos. Quatro dentre as 14 espécies não apresentaram variabilidade intraespecífica na região ITS. As demais apresentaram variabilidade no *barcode*, sendo que a menor variabilidade foi de 0.34% para *Cladosporium cladosporioides*, *Escovopsis weberi*, *Trichoderma harzianum* e *T. virens*; já a maior variabilidade foi de 8.07%, no caso do fungo zigomiceto *Lichtheimia ramosa*. Os *barcode* gerados no presente trabalho contribuíram na ampliação da base de dados, a qual pode ser utilizada na identificação molecular de fungos.

Palavras-chave: sequenciamento, patrimônio genético, identificação.

Apoio: FAPESP