

Poster (Painel)**1950-1 Identificação molecular de Glomeromycetes no Brasil: DNA Barcode**

Autores: Francisco Adriano de Souza (CNPMS - Embrapa Milho e Sorgo) ; Sidney Luiz Stürmer (FURB - Universidade de Blumenau) ; Fátima M. S. Moreira (UFLA - Universidade Federal de Lavras) ; José Oswaldo Siqueira (UFLA - Universidade Federal de Lavras) ; Fernanda de Carvalho (UFLA - Universidade Federal de Lavras) ; Patricia Lopes Leal (UFLA - Universidade Federal de Lavras) ; Cícero Donizete Pereira (CPAC - Embrapa Cerrados) ; Eliane Aparecida Gomes (CNPMS - Embrapa Milho e Sorgo) ; Ivanildo Evódio Marriel (CNPMS - Embrapa Milho e Sorgo)

Resumo

O projeto "Caracterização molecular de fungos no Brasil", tem por objetivos (i) o desenvolver bibliotecas de código de barras de DNA de espécimes/isolados de distintas espécies de fungos que ocorrem nos diferentes biomas (Amazônia, Mata Atlântica, Cerrado, Caatinga) do Brasil aliada à (ii) formação, em todo o território nacional, de uma rede de pesquisadores (WG Fungos, como parte integrante da BR-BoL), treinados em todos os aspectos básicos (coleta, isolamento e caracterização fenotípica) e modernos (molecularização, informatização e padronização baseada em códigos de barras de DNA) da taxonomia de fungos, tendo a coordenação nacional do Dr. Aritóteles Góes Neto (UEFS). Nosso subprojeto engloba o filo Glomeromycota, Fungos Micorrízicos Arbusculares (FMA). Esses fungos são organismos biotróficos obrigatórios, que se associam simbioticamente com raízes de plantas vasculares terrestres, epífitas, aquáticas e com rizoides e talos de briófitas e outros vegetais basais, formando relação simbiótica mutualista denominada micorriza arbuscular (MA) e micotalia, para vegetais com e sem raízes, respectivamente. A origem dos FMA é anterior ao surgimento das plantas vasculares e esses fungos formam simbiose com espécies da maioria das famílias de plantas e são encontrados em todos os ecossistemas vegetais terrestres. No entanto, a diversidade conhecida é surpreendentemente baixa, sendo descritas atualmente menos de 300 espécies. Essa baixa diversidade em parte é devido a dificuldade de isolamento e caracterização morfológica desses fungos e ao reduzido número de inventários realizados no mundo. A caracterização molecular através de sequências BARCODE facilitará estudos de ecologia e diversidade e possibilitará um melhor entendimento do papel desses fungos nos ecossistemas brasileiros. Essa iniciativa engloba pesquisadores e bancos de germoplasma de quatro centros de pesquisa: (1) Embrapa Milho e Sorgo (CNPMS); (2) Embrapa Cerrados (CPAC), (3) Universidade Federal de Lavras (UFLA) e (4) Fundação Universidade Regional de Blumenau (FURB). Inicialmente serão caracterizadas 140 estirpes pertencentes a 46 espécies distintas e que englobam os gêneros Acaulospora, Archaeospora, Dentiscutata, Racocetra, Cetranspora, Fuscitata, Gigaspora, Glomus, Paraglomus. Posteriormente serão caracterizados materiais adicionais vindos de isolamentos em curso. A sequência BARCODE gerada pertence ao rDNA nuclear com aproximadamente 1500 pb e cobre desde a região V9 do 18S até a região D1 e D2 do 28S. Além do rDNA o projeto caracterizará também os fungos por genes que codificam para um transportador de P e para β tubulina e por DGGE visando a região variável V9 do rDNA. O projeto tem duração de três anos e serão apresentados resultados preliminares dos acessos já caracterizados.