



ISBN 978-85-66836-16-5

PADRÕES MOLECULARES DA REGIÃO ITS PARA O GÊNERO *Colletotrichum* / Molecular patterns from *Colletotrichum* genus by ITS region. F.M. MOREIRA ¹; <u>V.S. LIMA</u>¹; C.I. AGUILAR-VILDOSO¹. ¹Instituto de Biodiversidade e Florestas, Universidade Federal do Oeste do Pará, 68035-110, Santarém, Brasil. E-mail: viniciustm12@hotmail.com.

O gênero Colletotrichum possuí vários gargalos taxonômicos, principalmente nos complexos C. acutatum e C. gloeosporioides, dos quais vem surgindo novas espécies, com o apoio de dados moleculares. Entretanto, o depósito de sequências sem critérios rígidos no banco de dados (GenBank), vem ocasionando falhas na identificação molecular devido ao uso da simples comparação das sequências com a dos bancos (Blast), no qual existem erros e vão sendo amplificados. Os objetivos foram verificar na região ITS do gênero Colletotrichum, a anotação, determinação das sequências consensos, estimativa do número de espécies moleculares e aferição com os clados sugeridos ao grupo. Para isso foram obtidas 5742 sequências da região ITS do gênero no Genbank, realizando-se árvores filogenéticas para visualizar a formação de clados entre as sequências da mesma espécie, pelo alinhamento múltiplo (MUSCLE) das sequências em formato fasta, sequido do método da máxima verossimilhança (PhyML) e pela representação gráfica da árvore (TreeDyn). Para a obtenção dos consensos utilizou-se o software CAP3. Reavaliamos a filogenia de todas as espécies usando as sequências consenso usando sequências da Ordem Glomerellales. As 5742 sequências obtidas correspondem às 164 espécies no Genbank, das somente 60 classificadas para este gênero. Das sequências, 340 ficaram fora do clado da espécie anotada (5,92 %), das quais 14 nem pertenciam ao gênero (0,24%). Por este trabalho estimamos que há 222 padrões moleculares em pelo menos 173 espécies moleculares nos bancos de dados. Os padrões moleculares serão extremamente importantes nas novas identificações moleculares e ajudarão a estimar a diversidade deste gênero de grande importância, além de evitar erros no GenBank por pessoas menos familiarizadas com as análises filogenéticas ou com a identificação molecular ou trabalhos de metagenômica. No Genbank, há um grande número de potenciais novas espécies que podem ser detectadas com o apoio da obtenção de padrões moleculares de Colletotrichum.

Palavras-chave: Bioinformática; Espécies crípticas; Filogenia; Glomerella.