

Seção: Filogenia/Biogeografia

PROGRESSOS NA DELIMITAÇÃO DE *Ganoderma* P. Karst (Basidiomycota): UTILIZAÇÃO DE SEQUÊNCIAS ITS OU LSU DO DNA RIBOSSOMAL?

Nelson Correia de LIMA-JÚNIOR (1)

Tatiana Baptista GIBERTONI (1)

Elaine MALOSSO (1)

Devido aos avanços das ferramentas moleculares, a taxonomia de *Ganoderma* (Basidiomycota) passou por várias atualizações e muitos trabalhos baseados exclusivamente em dados morfológicos foram reavaliados. Em estudos filogenéticos, as regiões ITS são as mais popularmente utilizadas, porém, atualmente, há um consenso de que análise de mais de uma região do DNA representa um método mais poderoso para avaliar os limites das espécies. No entanto, isso nem sempre é possível devido ao alto custo para sequenciar vários genes. Assim sendo, o objetivo desse trabalho foi analisar a viabilidade de se utilizar sequências das regiões ITS e LSU (rDNA), combinadas ou não, em estudos filogenéticos. Desse modo, foram sequenciados 25 espécimes de *Ganoderma* (um *G. chalceum*, um *G. multiplicatum*, quatro *G. orbiforme*, sete *G. parvulum*, um *G. resinaceum* e 11 *G. testaceum*), além de dois *Tomophagus colossus* (grupo externo). As árvores filogenéticas obtidas pela análise combinada das regiões ITS e LSU a partir do método de neighbor joining (NJ) com as distâncias de Kimura 2-parâmetros e do método de máxima parcimônia (MP) apresentaram quatro clados principais (clado A: *G. chalceum* e *G. resinaceum*; clado B: *G. multiplicatum* e *G. parvulum*; clado C: *G. orbiforme*; e clado D: *G. testaceum*). Os mesmos agrupamentos foram observados ao se utilizar exclusivamente sequências da região LSU, exceto para o clado B, mas com divergências em relação à topologia geral da reconstrução ITS + LSU. Já a topologia baseada unicamente em sequências das regiões ITS, foi a mais semelhante em relação à reconstrução ITS + LSU. Isto pode ser explicado pelo fato das regiões ITS concentrarem a maior quantidade de caracteres parcimoniosos informativos (81% do total relativo a ITS + LSU). De modo geral, as sequências das regiões ITS e LSU foram capazes de fornecer clados semelhantes e de delimitar as espécies em estudo, podendo ambas as regiões do rDNA, isoladamente ou não, serem utilizadas com propósitos taxonômicos.

Palavras-chave: Marcadores moleculares, Sistemática, Ganodermataceae

Créditos de Financiamento: CNPq, FACEPE; PPG-Biologia de Fungos/UFPE

(1) Universidade Federal de Pernambuco, Centro de Ciências Biológicas, Departamento de Micologia: Av. Nelson Chaves s/n, CEP 50760-420, Recife, PE, Brasil.