

P05 - CARACTERIZAÇÃO ISOENZIMÁTICA DE ALGUNS ISOLADOS DO GÊNERO *Agaricus* DA COLEÇÃO DE CULTURAS DA EMBRAPA FLORESTAS

Cristiane Vieira Helm*, Daiane Rigoni, Daiane Bortolucci, Juliana Hey Coradin, Maria Angela Lopes de Almeida Amazonas, Valderês Aparecida de Sousa

Embrapa *Florestas*, Colombo / PR, Brasil

E-mail: cristiane@cnpf.embrapa.br

A análise de isoenzimas tem sido extensivamente utilizada na classificação e caracterização genética de plantas e fungos. Esta técnica permite a identificação de espécies e a avaliação da variabilidade genética entre linhagens – informações úteis para programas de seleção e melhoramento -, e foi utilizada para a caracterização de macrofungos pertencentes ao gênero *Agaricus* da coleção de culturas da Embrapa Florestas. Sete sistemas isoenzimáticos foram utilizados para analisar a variabilidade entre dez isolados. A extração das isoenzimas foi feita a partir da biomassa micelial obtida em culturas submersas; a separação dos extratos, por eletroforese em gel de amido; e a detecção das bandas, por coloração histoquímica com substrato específico. Os sistemas enzimáticos testados foram: fosfoglucomutase (E.C. 5.4.2.2), glutamato oxaloacetato transaminase (2.6.1.1), malato desidrogenase (1.1.1.37), xiquimato desidrogenase (1.1.1.25), 6-fosfogluconato desidrogenase (1.1.1.44), superóxido dismutase (1.15.1.1) e peroxidase (1.11.1.7). A partir dos resultados obtidos, foi construída uma matriz de similaridade genética e gerado um dendograma pelo método UPGMA (*Unweighted Pair-Group Method Using Arithmetic Averages*). Em conjunto, os sete sistemas testados permitiram dividir os isolados em grupos de acordo com as espécies, separando os isolados de *A. brasiliensis* daqueles de *A. fuscosubbrilliosus* e *A. campester*. Seis outros isolados, ainda não identificados em nível de espécie, foram agrupados como pertencentes a uma mesma espécie (100 % de identidade), diferente das demais. Sendo assim, o método mostrou-se útil para analisar a variabilidade interespecífica dentro do gênero estudado. Entretanto, os sistemas utilizados não foram suficientemente polimórficos para distinguir linhagens de uma mesma espécie. Outros sistemas deverão ser testados para essa finalidade.