

Integração de métodos, incluindo a espectrometria de massa, para a identificação/autenticação de *Aspergillus* preservados em coleções de culturas

Nelson Lima

Instituto de Biotecnologia e Bioengenharia/CEB, Micoteca da Universidade do Minho, Campus de Gualtar, Braga, Portugal
e-mail: nelson@ie.uminho.pt

A necessidade das coleções de culturas microbianas aderirem a elevados padrões de qualidade e de desempenho, exigida pela comunidade científica internacional e da bio-indústria, no fornecimento de materiais biológicos, e sua informação relacionada, levou nos últimos anos ao aprofundamento do conceito de Centros de Recursos Biológicos (CRBs). A Organização para a Cooperação e o Desenvolvimento Económico (OCDE) enfatiza os CRBs como elementos chave da infraestrutura científica e tecnológica para as ciências da vida e biotecnologia e desafia os estados membros a criarem CRBs nacionais que respeitem padrões de qualidade, de competência e de estabilidade financeira, garantidos por critérios internacionais e sistemas governamentais, ou independentes, de acreditação/certificação. Nesta abordagem a gestão da qualidade e preservação dos recursos biológicos foram desenvolvidos e publicados no documento de 2007 intitulado *OECD Best Practice Guidelines for Biological Resource Centres*. Neste contexto de mudança de paradigma das coleções de culturas microbianas para o novo conceito de CRBs implica igualmente que os métodos de identificação e de autenticação das estirpes preservadas e fornecidas pelas coleções de culturas estejam de acordo com o estado de arte. Na Micoteca da Universidade do Minho (MUM) a identificação dos fungos segue o esquema polifásico que integra a taxonomia morfológica (macro- e micro-morfologia), a caracterização de extrólitos (com especial enfoque nas micotoxinas aflatoxinas, citrinina, fumonisinas, patulina, ocratoxina A), a análise espectral por espectrometria de massa com células intactas pela técnica de *Matrix-assisted laser desorption/ionisation time-of-flight intact cell mass spectrometry* (MALDI-TOF ICMS) bem como a análise genómica ao nível de genes conservados (ITS, calmodulina, β -tubulina, etc.) para a filogenia e a análise do genoma completo para a tipagem de estirpes com a utilização de *primers* (M13, (GACA)₄, (AC)₁₀, etc.). Estes resultados serão apresentados para a seção *Nigri* e *Flavi* do género *Aspergillus* e será discutido a importância da integração destes métodos para o êxito da identificação e autenticação das estirpes preservadas na MUM.