

FILOGENIA MOLECULAR DE *TRICHODERMA* SPP. ISOLADOS DA RIZOSFERA DE ARROZ.
(MOLECULAR PHYLOGENY OF *Trichoderma* SPP. ISOLATED FROM THE RICE RHIZOSPHERE.)

Gustavo de Andrade Bezerra¹; **Marina Teixeira Arriel Elias**¹; **Maythsulene Inacio de Sousa Oliveira**¹; **Karolline Gomes Vilela Rezende**³; **Marta Cristina Corsi de Filippi**²

¹Discente de doutorado . Rodovia Goiânia-Nova Veneza, Km 0 s/n Campus - Samambaia, Goiânia - GO, 74690-900. Universidade Federal de Goiás; ²Pesquisador . km 12 - Zona Rural, GO-462, Santo Antônio de Goiás - GO, 75375-000. Embrapa Arroz e Feijão ; ³Discente de mestrado . Rodovia Goiânia-Nova Veneza, Km 0 s/n Campus - Samambaia, Goiânia - GO, 74690-900. Universidade Federal de Goiás

Resumo:

Devido aos efeitos danosos causado ao meio ambiente e a procura por métodos mais eficientes que seja acessível o uso de agentes de controle biológicos (ACB), vem ganhando destaque. Atualmente, o gênero *Trichoderma* é um dos principais ACBs, detendo quase 50% do mercado. O objetivo desse trabalho foi realizar a identificação molecular e a análise filogenética de *Trichoderma* spp. isolados da rizosfera de arroz cultivado em sistema agroecológico. Foram utilizados oito isolados no estudo, que foram obtidos de coletas de solo da Fazendinha Agroecológica da Embrapa Arroz e Feijão. Os isolados foram mantidos em meio de cultura BDA (batata-dextrose-agar). O DNA fúngico foi extraído a partir de micélio congelado pelo método CTAB modificado. A região do rDNA nuclear, contendo ITS1, 5.8S e ITS 2 , foi amplificado por PCR usando a combinação dos primers ITS1 e ITS4. A porção do fator de alongamento da transcrição 1 α (tef1 α) foi amplificado usando os primers tef1fw e tef1rev. Após amplificação, os produtos de PCR foram submetidos à eletroforese em gel de agarose 1,5 %. As sequências de DNA foram alinhadas utilizando o programa Clustal X ancoradas ao software Mega X. A análise das sequências amplificadas de ITS e tef1 α serão realizadas usando o TRICHOKEY 2.0 e TRICHOBLAST. A relação filogenética foi realizada com a união da região do rDNA nuclear e do gene tef1 α . Para o método por Neighbour-Joining (NJ), foram utilizados os modelos de Kimura-2- parameter e o melhor modelo proposto pelo Modeltest v3.7, com os valores de bootstrap calculados com base em 10000 replicatas. Como outgroup, foi utilizado o isolado *Protocrea palida* (CBS 299.78). Dentre os isolados identificados, quatro isolados pertencem à espécie *Trichoderma koningiopsis* (T23, T24, T26 e T27) e quatro espécies pertencem à *Trichoderma asperellum* (T3, T10, T11 e T19). Todos os isolados são pertencentes à seção Trichoderma. Os isolados de *T. koningiopsis* pertencem ao clado Viride e os isolados de *T. asperellum* pertencem ao clado Hamatum. Fungos do gênero Trichoderma, das espécies identificadas, são capazes de inibir o desenvolvimento de vários patógenos por mecanismos diversos, melhoria na absorção de nutrientes, indução de resistência e promoção de crescimento de plantas, atribuindo a essas espécies potenciais efeitos com diversos mecanismos envolvidos, melhorando a qualidade sanitária de diferentes culturas no mundo.

Palavras-chave: genômica; biocontrole; fungo;

Apoio

Apoio: CNPq, Embrapa