

**ID TRABALHO:** 204/2877-0

**ÁREA DO TRABALHO:** MICROBIOLOGIA DO SOLO

**TÍTULO DO TRABALHO:** Identificação Filogenética De Fungo Entomopatogênico Do Gênero *Purpureocillium* Isolado Do Solo Amazônico

**AUTORES:** Jeferson Chagas Da Cruz, Cristiane Krug, Irani Da Silva De Moraes, Gleucinei Dos Santos Castro, Ingrid Jarline Santos Da Silva, Ellen De Souza Brandão, Sabrina Sinara Portela De Sousa, Flávia Batista Gomes, Thiago Fernandes Sousa, Gilvan Ferreira Da Silva

**INSTITUIÇÃO:** Embrapa Amazônia Ocidental

#### **RESUMO:**

Identificação filogenética de fungo entomopatogênico do gênero *Purpureocillium* isolado do solo amazônico

Fungos entomopatogênicos são microrganismos promissores no controle biológico de insetos-praga. Entre eles, espécies do gênero *Purpureocillium* destacam-se pela ampla distribuição e eficácia em diferentes agroecossistemas. Este gênero inclui espécies com potencial reconhecido para o desenvolvimento de bioinseticidas e formulações comerciais já utilizadas no manejo de pragas agrícolas e vetores de importância médica. Sua versatilidade ecológica e capacidade de colonizar diversos habitats reforçam seu valor biotecnológico. Este trabalho teve como objetivo identificar filogeneticamente uma linhagem de fungo entomopatogênico isolada de solo amazônico, utilizando os marcadores moleculares ITS (espaçador transcrito interno), LSU (região do RNA ribossomal 28S) e TEF1- $\alpha$  (fator de alongação da tradução 1- $\alpha$ ). A amostragem foi realizada em área de floresta nativa, com isolamento do fungo por meio da exposição de larvas de *Tenebrio molitor* ao solo. O DNA genômico foi extraído e as regiões-alvo foram amplificadas por PCR e sequenciadas pelas plataformas Sanger e o genoma completo por Illumina. Após a edição, foi realizada a busca por sequências similares depositadas no GenBank utilizando a ferramenta BLASTn. As sequências obtidas foram alinhadas junto às sequências recuperadas do banco (incluindo culturas ex-type; Tabela 3) com o programa MAFFT v.7 (Yamada, Tomii e Katoh, 2016) e refinadas manualmente no MEGA v.7 (Kumar, Stecher e Tamura, 2016). Os modelos evolutivos mais adequados foram estimados individualmente para cada marcador por meio do MrMODELTEST 2.3 (Posada e Buckley, 2004), com base no critério de informação de Akaike (AIC). As análises filogenéticas foram conduzidas com Inferência Bayesiana ( $1 \times 10^6$  gerações) no MrBayes v.3.2.2 (Ronquist e Huelsenbeck, 2003),

implementado na plataforma CIPRES Science Gateway (Miller, Pfeiffer e Schwartz, 2010). As árvores geradas foram visualizadas no FigTree v.1.4.0 (Rambaut, 2012) e editadas em Adobe Illustrator e/ou CorelDRAW X6. As análises multilocus confirmaram alta similaridade da linhagem com *Purpureocillium lilacinum*, com suporte estatístico robusto nos três marcadores. A identificação precisa reforça a importância da abordagem multilocus para a taxonomia de fungos entomopatogênicos e destaca o potencial do bioma amazônico como fonte de microrganismos com aplicação no controle biológico. Este estudo contribui para a prospecção de agentes biológicos nativos e o desenvolvimento de tecnologias sustentáveis voltadas ao manejo de pragas agrícolas.

**Agradecimentos:** Os autores agradecem à Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado do Amazonas (FAPEAM) pelo apoio financeiro aos projetos (Nº Processo:01.02.016301.03979/2022-25 e Processo:01.02.016301.00260/2024-02). E ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) pelo apoio financeiro (Processo nº: 445406/2024-0 e Processo nº: 445388/2024-2).

**Palavras-chave:** entomopatogênico, Amazônia, *Purpureocillium*, filogenia, controle biológico