

**ID TRABALHO:** 204/3217-0

**ÁREA DO TRABALHO:** MICROBIOLOGIA DO SOLO

**TÍTULO DO TRABALHO:** Identificação De Duas Linhagens Entomopatogênicas De *Metarhizium Anisopliae* (Str3-Gua4 E Ttvr3)

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

**INSTITUIÇÃO:** Embrapa Amazônia Ocidental

#### RESUMO:

O uso de fungos entomopatogênicos no controle biológico tem se destacado como uma alternativa sustentável aos inseticidas químicos, contribuindo para a redução de impactos ambientais e riscos à saúde humana. *Metarhizium anisopliae* é um dos fungos mais estudados nesse contexto, devido à sua ampla gama de hospedeiros, elevada virulência e facilidade de cultivo. Avaliar a eficácia de diferentes linhagens desse microrganismo é essencial para identificar isolados com alto potencial entomopatogênico. Neste trabalho, duas linhagens de *Metarhizium* sp. (STR3-GUA4 e TTVR3), pertencentes à coleção microbiológica da Embrapa Amazônia Ocidental, foram identificadas molecularmente e avaliadas quanto à sua atividade inseticida contra *Tenebrio molitor*. A obtenção desses isolados foi realizada por meio do uso de inseto isca (*Tenebrio molitor*), que foram expostos a amostras de solo coletadas na região amazônica. Após a exposição, os insetos foram mantidos em ambiente estéril até a morte, sendo então transferidos para placas de Petri contendo meio BDA (batata-dextrose-ágar), onde se procedeu ao isolamento dos fungos a partir do crescimento micelial. As colônias fúngicas emergentes foram purificadas por repicagens sucessivas e armazenadas para posterior análise. A identificação molecular foi realizada por meio do sequenciamento das regiões ITS (usando os primers ITS1 e ITS4) e TEF-1 (primers EF1 e EF2). A análise filogenética foi realizada pelo método Neighbor-Joining com 1.000 réplicas de bootstrap. O alinhamento incluiu espécie-tipo do gênero *Metarhizium* para comparação. Para os ensaios de patogenicidade, adotou-se o princípio dos postulados de Koch. Dez indivíduos de *T. molitor* foram imersos por 1 minuto em uma suspensão contendo  $1 \times 10^8$  conídios/mL de cada isolado. Os insetos foram transferidos para placas de Petri, e incubadas a  $28 \pm 2^\circ\text{C}$  por 14 dias. Um grupo controle foi tratado com água estéril. Durante o período de incubação, observou-se crescimento fúngico em todos os indivíduos tratados com os dois isolados, enquanto nenhum crescimento foi detectado nos insetos do grupo controle, confirmando a eficácia da infecção. A análise filogenética indicou que os isolados STR3-GUA4 e TTVR3 formaram um clado monofilético com *Metarhizium anisopliae*, com valores de

bootstrap de 55% e 62%, respectivamente. Nos bioensaios, a linhagem STR3-GUA4 promoveu 90% de mortalidade em *T. molitor*, enquanto a linhagem TTVR3 atingiu 100% de mortalidade. Ambas as linhagens demonstraram intensa colonização micelial dos hospedeiros após a morte, evidenciando seu elevado potencial entomopatogênico, apresentando-se como candidatas promissoras para o desenvolvimento de bioinseticidas voltados ao manejo integrado de pragas.

#### Palavras-chave

Bioinseticida; Fungos entomopatogênicos; *Metarhizium anisopliae*; Controle biológico; Impactos ambientais.

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).