



Nº 178 – MARCADORES MOLECULARES NA IDENTIFICAÇÃO DE ISOLADOS DE *Trichoderma*

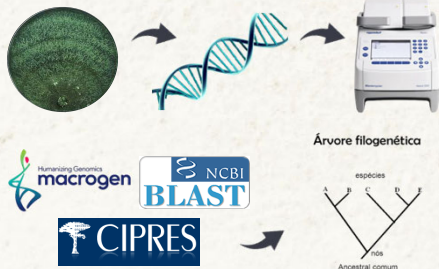
EDER MARQUES; **MOISÉS RODRIGUES SILVA**; MARCOS GOMES DA CUNHA
Universidade Federal de Goiás, Núcleo de Pesquisa em Fitopatologia, Goiânia, GO, Brasil

OBJETIVOS

Identificar em nível de espécie oito isolados de *Trichoderma* (T1-T8), obtidos em estudos anteriores e oriundos de cana-de-açúcar (*Saccharum officinarum* L.), através do sequenciamento dos marcadores moleculares actina (act), calmodulina (cal), espaço interno transcrito do rDNA (ITS), RNA polimerase 2 (rpb2) e fator de alongação (tef1- α).

MATERIAL E MÉTODOS

Os fungos foram recuperados do armazenamento em glicerol a 10% em meio Batata-Dextrose-Ágar. Em seguida, tais culturas tiveram seu DNA extraído através do método CTAB, que serviu de molde para a amplificação das regiões citadas anteriormente, por meio da Reação em Cadeia da Polimerase (PCR). Após a amplificação, os produtos da PCR foram enviados para purificação e sequenciamento na Macrogen Inc.



RESULTADOS

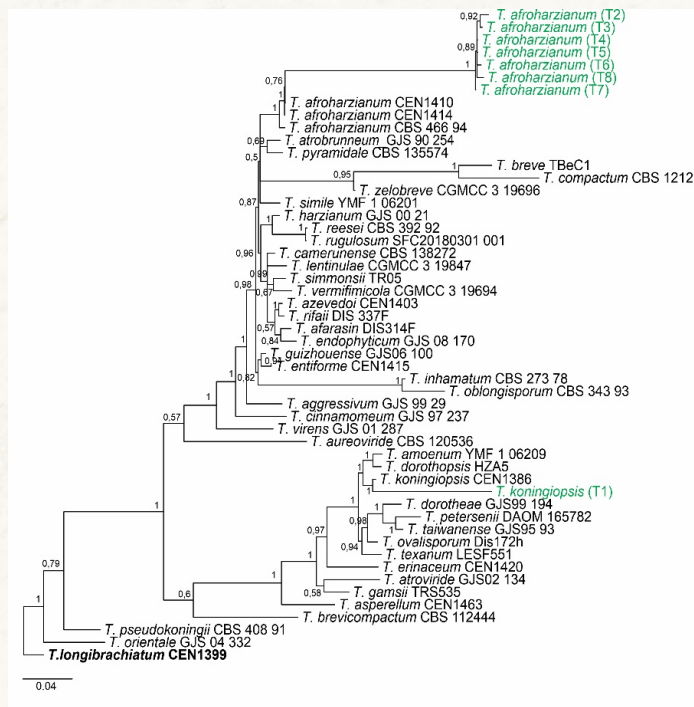


Figura 1. Árvore filogenética multilocus (inferência Bayesiana) com base nas seqüências concatenadas de act, cal, ITS, rpb2 e tef1- α .

Não foi possível obter seqüências de qualidade para os isolados T1 (act, cal e tef1- α), T3 (tef1- α) e T7 (rpb2). Com base nas análises filogenéticas, observou-se que os marcadores act e ITS individualmente não foram informativos, pois não permitiram o agrupamento dos nossos isolados com as seqüências de referência empregadas. Por outro lado, os demais genes cal, rpb2 e tef1- α permitiram melhor distinção tanto individual, quanto conjuntamente.

CONCLUSÃO

A análise concatenada dos genes indicou que o isolado T1, para o qual se obteve apenas seqüências de ITS e rpb2, pertence à *Trichoderma koningiopsis*, com probabilidade posterior (PP) igual a 1. Os demais isolados se agruparam com os taxa de referência para *T. afroharzianum*, esse clado também foi altamente suportado na análise (PP=1).

AGRADECIMENTOS

