



## Identificação molecular de isolados de *Trichoderma* oriundos de plantas medicinais

**Moisés Rodrigues Silva<sup>1</sup>, Keren Hapuque Mendes de Castro<sup>1</sup>, Vanessa Pereira de Abreu<sup>1</sup>, Marcos Gomes da Cunha<sup>1</sup> e Eder Marques<sup>1</sup>**

<sup>1</sup>Universidade Federal de Goiás, Núcleo de Pesquisa em Fitopatologia, Goiânia, GO,  
Brasil E-mail: edermarques@ufg.br

*Trichoderma* é o mais conhecido e empregado agente de controle biológico de doenças de plantas. A taxonomia deste fungo foi baseada em caracteres morfológicos, gerando equívocos devido às semelhanças entre as formas anamórficas do gênero. Diante disso, o objetivo deste trabalho foi identificar cinco isolados deste fungo, oriundos de plantas medicinais (*Cymbopogon citratus* e *C. winterianus*), através do sequenciamento dos marcadores moleculares actina (*act*); calmodulina (*cal*); espaço interno transcrito do rDNA (ITS) e fator de alongação (*Tef1- $\alpha$* ). 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 sequenciamento na MacroGen Inc. As sequências obtidas foram analisadas no BioEdit, comparadas no *GenBank* e alinhadas no MEGA. O melhor modelo de substituição de nucleotídeos foi determinado usando o Akaike Information Criterion, implementado no MrMODELTEST. A inferência bayesiana empregou o método da Cadeia Markov Monte Carlo. A análise filogenética de cada região e do conjunto de dados concatenado foi realizada no MrBayes no XSEDE do CIPRES Science Gateway. Com base nas análises filogenéticas, observou-se que os marcadores *ITS* e *act* individualmente não foram informativos, pois não permitiram o agrupamento dos nossos isolados com as sequências de referência empregadas. Por outro lado, *tef1- $\alpha$*  permitiu uma melhor distinção, embora nem todos os isolados agruparam no mesmo clado. Dentre os marcadores utilizados, *cal* permitiu a melhor resolução, onde todos os isolados agruparam com as referências de *T. afroharzianum*. A árvore filogenética concatenada também reuniu todos os isolados com os taxa de referência da espécie *T. afroharzianum*. O clado foi altamente suportado na análise (PP=1).

**Palavras-chave:** Agentes de controle biológico de doenças, Análises filogenéticas, Fungos antagonistas, Marcadores moleculares, Plantas fitoterápicas.