

Categoria: IC - PIBIC

Isolamento, caracterização e identificação de linhagens de fungos endofíticos de raízes e lignolíticos

Rara Kauffmann Sudá¹, Everton Vieira Rocha², Camila Maistro Patreze³, Orivaldo José Saggin Junior⁴

¹Graduanda em Biologia, UFRRJ raraksbiologia@gmail.com; ²Graduando em Biologia, UFRRJ evertbio@gmail.com; ³Professora do Depto. de Botânica, UNIRIO, camila.m.patreze@unirio.br; ⁴Pesquisador da Embrapa Agrobiologia, orivaldo.saggin@embrapa.br

Fungos endofíticos de raízes, entre eles ectomicorrízicos, conferem benefícios à planta hospedeira, como proteção de doenças, produção de fitohormônios e melhora na absorção de nutrientes. Fungos lignolíticos compreendem saprófitos de serapilheira (celulose, lignina e hemicelulose) sendo de interesse na compostagem, biorremediação e produção de enzimas. O presente trabalho teve o objetivo de isolar linhagens de fungos endofíticos de raízes e lignolíticos, preservar por métodos de longa duração e caracterizar os isolados visando sua identificação taxonômica para a futura inserção no acervo da Coleção de Fungos da Embrapa Agrobiologia (COFMEA) pertencente ao Centro de Recursos Biológicos Johanna Döbereiner (CRB-JD). Para o isolamento foi utilizado o meio “Modified Melin-Norkrans” com antibióticos e para a preservação o meio “Malt Extract-Agar” sem antibióticos. Os métodos de preservação utilizados foram Castellani, Criopreservação e Liofilização. Para caracterização foram tomadas georeferências, fotos do momento da coleta e da frente e verso das colônias isoladas e montadas lâminas de microscopia permanentes do micélio. Para identificação foi extraído o DNA de micélio e amplificado o operon rRNA por PCR (primers NS1short e RCA95m) para futuro sequenciamento. Foram obtidos até o momento 88 isolados fúngicos, cada um preservado com 10 tubos em Castellani e 2 tubos criopreservados a -80 °C. Trinta isolados foram já preservados por liofilização com 5 tubos de cada. Os micélios de 68 linhagens já foram submetidos à extração de DNA, amplificação e purificação do rDNA. No futuro, ao finalizar as etapas de preservação, caracterização e identificação, as linhagens serão depositadas na COFMEA, recebendo o código da COFMEA, composto pela letra A seguida de uma numeração sequencial, serão catalogadas na base de dados Alelomicro, recebendo o código BRM, e serão cadastradas no Sistema Nacional de Gestão do Patrimônio Genético e do Conhecimento Tradicional Associado (SisGen).

Palavras Chave: Coleção biológica, Micoteca, Basidiomycota, Ascomycota, Diversidade, Preservação

Agradecimento aos financiadores do projeto: CNPq, Embrapa SEG n° 10.20.02.009.00.03

Pesquisador Orientador: Orivaldo José Saggin Junior