

## ASSOCIAÇÃO MICORRÍZICA EM ORQUÍDEAS DO CERRADO DO ALTO PARANAÍBA

Herika Paula Pessoa, Letícia Miranda, Marlon Corrêa Pereira, Natalia Tartarine

Universidade Federal de Viçosa - Campus de Rio Paranaíba (UFV-CRP), Rodovia MG-230 – Km 7 - 38.810-000 – Rio Paranaíba – MG, [leticia.miranda@ufv.br](mailto:leticia.miranda@ufv.br)

Na família Orchidaceae a associação com fungos micorrízicos compatíveis é essencial para a germinação das sementes e estabelecimento das plântulas, uma vez que as sementes de orquídeas não possuem reservas suficientes para tal. Quando adultas, observa-se enovelados fúngicos nas células corticais das raízes, os pelotões, o que caracteriza essa associação micorrízica. O cerrado é um bioma extremamente rico em biodiversidade e as orquídeas são apresentadas como uma das cinco famílias mais representativas dessa flora. O objetivo deste trabalho é avaliar as associações micorrízicas em populações de *Cattleya cernua*, *Cattleya walkeriana*, *Epidendrum difforme* e *Oeceoclades maculata*, orquídeas encontradas em fragmentos de cerrado no município de Rio Paranaíba. As raízes dessas espécies foram coletadas, lavadas em água corrente, desinfestadas superficialmente e seccionadas transversalmente sob lupa para confirmação da colonização micorrízica pela observação de pelotões. Nos fragmentos colonizados, o velame foi destacado e a porção colonizada foi transferida para placas de Petri contendo meio de cultura BDA (Batata Dextrose Agar). As placas foram analisadas diariamente durante quinze dias. Os isolados obtidos foram caracterizados morfológicamente avaliando-se taxa de crescimento, características culturais (micélio aéreo, margem, aspecto e cor da colônia) e análise microscópica das características vegetativas do micélio fúngico tratado com o corante Azul de Tripiano (0,05% em Lactoglicerol). O DNA dos fungos foi extraído seguindo o protocolo de extração salina, quantificado por eletroforese em gel de agarose a 1%, contendo  $0,5 \mu\text{g mL}^{-1}$  de brometo de etídeo. A região ITS do rDNA dos fungos foi amplificada em reação de PCR utilizando-se o par de oligonucleotídeos ITS1-ITS4. Os produtos de PCR foram enviados para Macrogen Inc. para sequenciamento. Observou-se pelotões nas raízes das quatro orquídeas, entretanto, nenhum fungo foi isolado de *C. cernua*. Das demais orquídeas foram isolados 177 fungos. Com base na caracterização morfológica, esses isolados foram organizados em 27 morfotipos: 12 morfotipos de *C. walkeriana*, 9 de *O. maculata* e 6 de *E. difforme*. Alguns fungos foram identificados como do *Fusarium* sp., *Rhizoctonia*, *Trichoderma* sp. e *Xylaria* sp. Outros isolados apresentaram grampo de conexão, permitindo identificá-los Basidiomiceto. O DNA total de *Rhizoctonia*, *Trichoderma* e *Xylaria* foi extraído, mas só obteve-se boas sequências do produto de PCR de *Xylaria* e *Trichoderma*, confirmando a identificação morfológica. Há uma grande diversidade de fungos associados às espécies de orquídeas do Cerrado. Outras metodologias de isolamento e identificação de fungos simbiotes devem ser testadas para *C. cernua*. Os protocolos para amplificação do ITS devem ser aprimorados para melhor identificação das *Rhizoctonias*.

Palavras chave: Simbiose, Orchidaceae, *Rhizoctonia*, *Xylaria* sp., *Trichoderma* sp.

Apoio Financeiro: FAPEMIG e CNPQ