



A composição de comunidades micorrízicas das orquídeas *Zygopetalum mackayi* e *Z. pedicellatum* é relevante para sua coexistência?

Andressa H. Regina*, Lais S. Sisti, Juliana L. S. Mayer, Samantha Koehler

Resumo

Para testar a hipótese de que as orquídeas que apresentam maior distribuição geográfica estabelecem associações generalistas com simbiontes fúngicos e que orquídeas com distribuição mais restrita apresentam associações mais específicas, estudamos duas espécies de orquídeas irmãs e simpátricas, *Zygopetalum mackayi* Hook. e *Z. pedicellatum* (Sw.) Garay, que apresentam distribuição ampla e restrita, respectivamente. Identificamos para as duas orquídeas fungos endofíticos não micorrízicos pertencentes ao filo Ascomycota e micorrízicos (Basidiomycota). Apenas a comunidade de fungos endofíticos não-micorrízicos é distinta entre as duas espécies de orquídeas. Possivelmente o método de cultivo de fungos testado não é eficiente para o cultivo de fungos micorrízicos, uma vez que só conseguimos identificá-los através do sequenciamento direto da raiz das orquídeas.

Palavras-chave:

Ascomycota, fungos endofíticos, Tulasnellaceae

Introdução

O presente projeto de pesquisa teve como objetivo analisar a comunidade micorrízica entre duas espécies de orquídeas irmãs e simpátricas, *Zygopetalum mackayi* Hook. e *Z. pedicellatum* (Sw.) Garay. Nós testamos a hipótese de que espécies de orquídeas que apresentam maior distribuição geográfica estabelecem associações generalistas com simbiontes fúngicos, enquanto que orquídeas com distribuição mais restrita apresentam associações mais específicas (Swarts & Dixon 2009). Sabendo que *Z. mackayi* apresenta uma distribuição geográfica muito mais ampla e heterogênea do que *Z. pedicellatum* (FLORA DO BRASIL 2017), nossa previsão para as espécies em estudo é que *Z. mackayi* apresente maior diversidade fúngica do que *Z. pedicellatum*.

Resultados e Discussão

Realizamos o cultivo de 70 fungos micorrízicos, sendo 27 resultantes das raízes de *Z. mackayi* e 43 de *Z. pedicellatum*. Em seguida foi feita a extração de DNA e amplificação da região ITS1-2 dos fungos cultivados e de seis amostras de raízes, sendo três de cada espécie. Os testes de amplificação da região ITS1-2 com os iniciadores específicos para fungos micorrízicos orquidóides falharam nas amostras dos fungos isolados. Entretanto, amplificamos com sucesso 12 fungos de *Z. mackayi* e 22 *Z. pedicellatum* utilizando iniciadores mais genéricos para região ITS1-2. Já a amplificação utilizando iniciadores específicos para fungos micorrízicos orquidóides foi bem sucedida para todas as seis amostras de raízes. A comparação das sequências obtidas com o banco de dados GenBank através do algoritmo BLAST indicou que todos os fungos endofíticos cultivados pertencem ao filo Ascomycota, não sendo, portanto fungos micorrízicos. A comunidade dos fungos Ascomycota entre as duas espécies de orquídeas é distinta, com apenas espécies de Xylariaceae em comum (Tabela 1). Já para as amostras de raízes, identificamos fungos micorrízicos pertencentes a família Tulasnellaceae (Basidiomycota), não havendo diferenças significativas entre as orquídeas.

Tabela 1. Fungos Ascomycota identificados para as orquídeas *Zygopetalum mackayi* Hook. e *Z. pedicellatum* (Sw.) Garay a partir de sequências de DNA da região ITS 1-2 através do algoritmo BLAST.

Amostra	Fungo identificado
<i>Z. mackayi</i>	<i>Colletotrichum gloeosporioides</i>
	<i>Chaetomium subspirale</i>
	<i>Nemania abortive</i>
	<i>Nigrospora oryzae</i>
	Xylariaceae sp.
<i>Z. pedicellatum</i>	<i>Ilyonectria</i> sp.
	<i>Hypoxyylon investiens</i>
	<i>Pestalotiopsis oxyanthi</i>
	<i>Pestalotiopsis microspora</i>
	<i>Pezicula rhizophila</i>
	<i>Pezicula rhizophila</i>
	<i>Podospora curvicolla</i>
	<i>Xylaria berteri</i>
Xylariaceae sp.	

Conclusões

Não há variação nas as espécies de fungos endofíticos micorrízicos entre as duas espécies de orquídeas, mas fungos endofíticos não micorrízicos são muito diversos. O método de cultivo de fungos empregado é ineficiente para o cultivo de fungos micorrízicos, uma vez que só conseguimos identificá-los através do sequenciamento direto da raiz das orquídeas.

Agradecimentos

G. Mendes, N. Polizelli, T. Campacci pela ajuda no campo e/ou laboratório. Programa Institucional de Bolsas de Iniciação Científica (PIBIC/Unicamp). Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP 2014/04426-5).

Flora do Brasil 2020 em construção. Jardim Botânico do Rio de Janeiro. Disponível em: <<http://floradobrasil.jbrj.gov.br/>>. Acessado em: 10 Abr. 2017.

Swarts, N. D. e Dixon, K. W. *Annals of Botany* 2009, 104, 543.