



Controle de fitopatógenos por membros da família *Micromonosporaceae* isolados de solos de fragmentos florestais em processo de restauração.

Rafael E. Silva^{1, 2}, Itamar S. Melo¹ & Tiago D. Zucchi¹

¹Embrapa Meio Ambiente, Rodovia SP-340 Km, Jaguariúna, SP, Brasil. ²Pontifícia Universidade Católica de Campinas, Rodovia D. Pedro I, km 136, Campinas-SP

A atual necessidade do uso de produtos naturais no controle de fitopatógenos gerou uma demanda de novas técnicas para mitigar os danos causados pelo uso indiscriminado de defensivos agrícolas. Nesse contexto, o uso de agentes microbianos de controle biológico tem se mostrado uma alternativa eficaz e, dentre estes, os actinomicetos vem sendo largamente explorados por serem exímios produtores de antibióticos e antifúngicos. Assim, o objetivo desse trabalho foi avaliar o potencial antagônico *in vitro* de isolados de *Micromonosporaceae* contra fungos fitopatogênicos (*Rhizoctonia solani*, *Fusarium oxysporum*, *Sclerotinia sclerotiorum*, *Sclerotium rolfsii*, *Pythium aphanidermatum*). Esses isolados foram obtidos de três áreas florestais em processo de restauração situadas nas mesmas condições edafoclimáticas, mas com diferentes idades de reflorestamento: Cosmópolis (57 anos), Iracemápolis (24 anos) e Santa Barbara D'Oeste (12 anos). O isolamento mostrou que um pré-tratamento com 1,5% de fenol (15 min) foi necessário para acessar a comunidade desse grupo de actinomicetos. Assim, foram recuperados 48 isolados, sendo a maioria ($n=25$) isolada do reflorestamento mais antigo (Cosmópolis). A posição filogenética dos isolados foi confirmada pela análise do gene 16S rRNA e todos foram classificados como pertencentes ao gênero *Micromonospora*. Destes, apenas nove isolados apresentaram atividades contra pelo menos um fungo fitopatogênico e nenhum foi ativo contra todos os fitopatógenos testados. Apesar do baixo número de linhagens antagônicas encontradas, o índice de inibição por isolado mostrou-se relativamente elevado (>50% de inibição), demonstrando o potencial desses organismos como agentes de biocontrole. Além disso, a análise comparativa do gene 16S rRNA mostrou que dois isolados (2C7-9 e 2C7-10) apresentaram baixa similaridade com espécies tipo de *Micromonospora*. Esse resultado sugere que esses isolados podem ser o centro de novos núcleos filéticos.

Palavra-chave: *Micromonosporaceae*, antagonismo, fitopatógenos, reflorestamento.

Apoio: FAPESP