



**V**

**Congreso Argentino  
de Microbiología  
Agrícola y Ambiental**



# **Libro de Resúmenes**

**15, 16 y 17 de septiembre de 2021**

**Modalidad Virtual  
Centro de Convenciones Sergio Karakachoff de la  
Universidad Nacional de La Plata, La Plata,  
Argentina.**

## ANÁLISIS DE LA SECUENCIA GENÓMICA DE *Bacillus thuringiensis* serovar *darmstadiensis* INTA Mo14-4, UNA CEPA ARGENTINA CON ACTIVIDAD NEMATICIDA

Leopoldo Palma (2,4), Bárbara Ghiglione (3,4), Melisa Pérez (1), Augusto Salas (1,4), Marcelo Berretta (1,4), Diego Sauka (1,4)\*

(1) Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Instituto de Microbiología y Zoología Agrícola (IMYZA), Hurlingham, Buenos Aires, Argentina. (2) Instituto Multidisciplinario de Investigación y Transferencia Agroalimentaria y Biotecnológica (IMITAB), Universidad Nacional de Villa María, Córdoba, Argentina. (3) Universidad de Buenos Aires (UBA), Facultad de Farmacia y Bioquímica (FFyB), Buenos Aires, Argentina. (4) Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Argentina.

\* sauca.diego@inta.gob.ar

*Bacillus thuringiensis* es una bacteria gram positiva que produce durante la esporulación uno o más cuerpos parasporales cristalinos proteínicos responsables de su actividad letal para diversos invertebrados (artrópodos y algunos nematodos). Actúan previa ingestión por parte del huésped, resultando en su intoxicación, daño intestinal y consiguiente muerte. La cepa argentina INTA Mo14-4 perteneciente al serovar *darmstadiensis* produce un cristal bipiramidal y una inclusión en forma de barra, compuestos por proteínas de 130, 60 y 40 kDa. Bioensayos realizados con cultivos esporulados de esta cepa mostraron niveles altos de toxicidad para el nematodo de vida libre *Panagrellus redivivus*. A pesar de su importancia en la agricultura y salud humana, los estudios realizados con cepas de *B. thuringiensis* nematicidas son actualmente escasos, siendo también limitada la información asociada a sus secuencias genómicas. El objetivo de este trabajo fue secuenciar y analizar el genoma de INTA Mo14-4, focalizando el estudio en la identificación de genes asociados a factores de virulencia.

La secuenciación de genoma completo utilizando la plataforma Illumina se llevó a cabo en el Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (Texcoco, México). Para el ensamblado de las lecturas se empleó el software CLC Genomic Workbench 21.0.3, y para la anotación de secuencias codificantes (CDs) el servidor RAST. La integridad del ensamblaje se evaluó con BUSCO utilizando el conjunto de datos del linaje Bacillales de ortólogos conservados de una sola copia.

En cuanto a la secuenciación genómica, tras el ensamblaje, se obtuvieron 261 *contigs* con un tamaño total de 6.403.763 pb y un porcentaje de G+C de 35,1%, representando un 99,8% de completitud del genoma. La anotación permitió delimitar 6.986 CDs de entre las cuales una, mostró un 99% de identidad con la proteína nematicida Cry5Ba1. Otras dos CDs mostraron homología con las proteínas Cry21Aa1 y Cry65Aa1. Las proteínas Cry5Ba1 y Cry21Aa1 se han asociado con toxicidad para ciertos nematodos mientras que para Cry65Aa1, se ha descrito ausencia de actividad contra insectos y nematodos.

Se aportan datos para desarrollos tecnológicos futuros destinados tanto a la investigación como al diseño de nuevos bionematicidas bacterianos. El rol de las proteínas homólogas a Cry5Ba1 y Cry21Aa1, como responsables de la actividad nematicida de la cepa INTA Mo14-4, queda pendiente de comprobación.