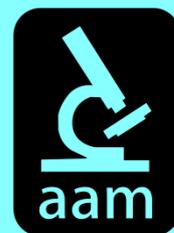




V

**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.**

EL ESTUDIO DE AISLAMIENTOS AUTÓCTONOS REVELA UN NUEVO LINAJE DEL COMPLEJO DE ESPECIES *Metarhizium anisopliae*

Natalia Adriani (1), Julieta Posadas (1), Ricardo Salvador (1), Marcelo Berretta (1,2)*.

(1) Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Instituto de Microbiología y Zoología Agrícola (IMYZA), Hurlingham, Buenos Aires, Argentina. (2) Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Buenos Aires, Argentina.

* berretta.marcelo@inta.gob.ar

El género *Metarhizium* comprende un grupo ubicuo de hongos entomopatógenos productores de conidios de coloración verde a marrón. Actúan como reguladores de las poblaciones de insectos de distintos órdenes, y varios han sido desarrollados como agentes de control biológico de plagas agrícolas y vectores de importancia sanitaria. Más recientemente se ha reportado la capacidad de estos hongos de colonizar plantas con propiedades PGPM y de protección frente a herbivoría por plagas. La diversidad de especies de *Metarhizium* se ha evidenciado con marcadores moleculares, dado que muchas especies presentan convergencia morfológica. En particular, *M. anisopliae*, un biocontrolador ampliamente difundido, se considera taxonómicamente como un complejo de especies.

El objetivo del presente trabajo consistió en relevar la diversidad genética de un grupo de cepas autóctonas identificadas morfológicamente como *M. anisopliae* s.l., y evaluar su posible asignación de clado, dentro del complejo de especies *M. anisopliae*.

Se analizaron siete cepas (entre aislamientos obtenidos de suelo y de hormiga, *Acromyrmex lundii*) de la colección de hongos entomopatógenos de IMYZA-INTA. En estudios previos se determinó que de entre las cepas analizadas, resultaron patógenas en insectos: la cepa M18, en *A. lundii*, la cepa M48, en mosca brava (*Stomoxys calcitrans*), y las cepas M20 y M50, en picudo del algodónero (*Anthonomus grandis*). Asimismo, M20 evidenció capacidad PGPM en tomate. Se secuenciaron los loci ITS (*barcode* primario), β -tubulina (parcial) y la secuencia intergénica MzIGS3. Este último marcador fue desarrollado por otros autores a partir de la disponibilidad de los genomas completos de dos miembros del complejo *M. anisopliae*, y provee por sí solo la información para discriminar las especies establecidas para el complejo. Las secuencias de referencia de dichas especies fueron obtenidas del GenBank. Los análisis filogenéticos se realizaron con el programa MEGA (versión 7), utilizando los métodos de Máxima Verosimilitud (MV) y Máxima Parsimonia (MP).

Las secuencias de β -tubulina e ITS de las cepas nativas representaron un haplotipo único y dos haplotipos, respectivamente. Por su parte, la amplificación de la región intergénica MzIGS3 evidenció la sintenia conservada de los genes flanqueantes en las cepas nativas, confirmando su identidad como miembros del complejo *M. anisopliae*. El análisis filogenético reunió dichas cepas en un clado separado, asociado al clado definido como PARB (conformado por las especies *M. pingshaense*, *M. anisopliae*, *M. robertsii* y *M. brunneum*).

El marcador MzIGS3 resultó altamente informativo y podría usarse en un relevamiento masivo para la caracterización preliminar de la colección. Para evaluar una propuesta de asignación de especie nueva a las cepas analizadas, resta extender el análisis con los marcadores RPB1, RPB2 y TEF, utilizados como estándares para estudios filogenéticos en hongos.