

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)
 2. Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET) *berretta.marcelo@inta.gov.ar

El hongo entomopatógeno *Metarhizium anisopliae*, un biocontrolador ampliamente difundido, es considerado como un complejo de especies a partir de estudios taxonómicos con los marcadores moleculares BTUB, RPB1, RPB2 y TEF, comúnmente utilizados en sistemática de hongos. Se ha reportado la utilidad de la región intergénica nuclear MzIGS3 para ser usada como único marcador para discriminar las especies del complejo, por la alta señal filogenética de su secuencia.

Se analizaron siete cepas autóctonas de la colección del IMYZA-INTA, identificadas morfológicamente como *M. anisopliae* s.l. En estudios previos se determinó que de entre las cepas analizadas, resultaron patógenas en insectos: la cepa M18, en hormiga (*Acromyrmex lundí*), la cepa M48, en mosca brava (*Stomoxys calcitrans*), y las cepas M20 y M50, en picudo del algodón (*Anthonomus grandis*). Asimismo, M20 evidenció capacidad PGPM en tomate.

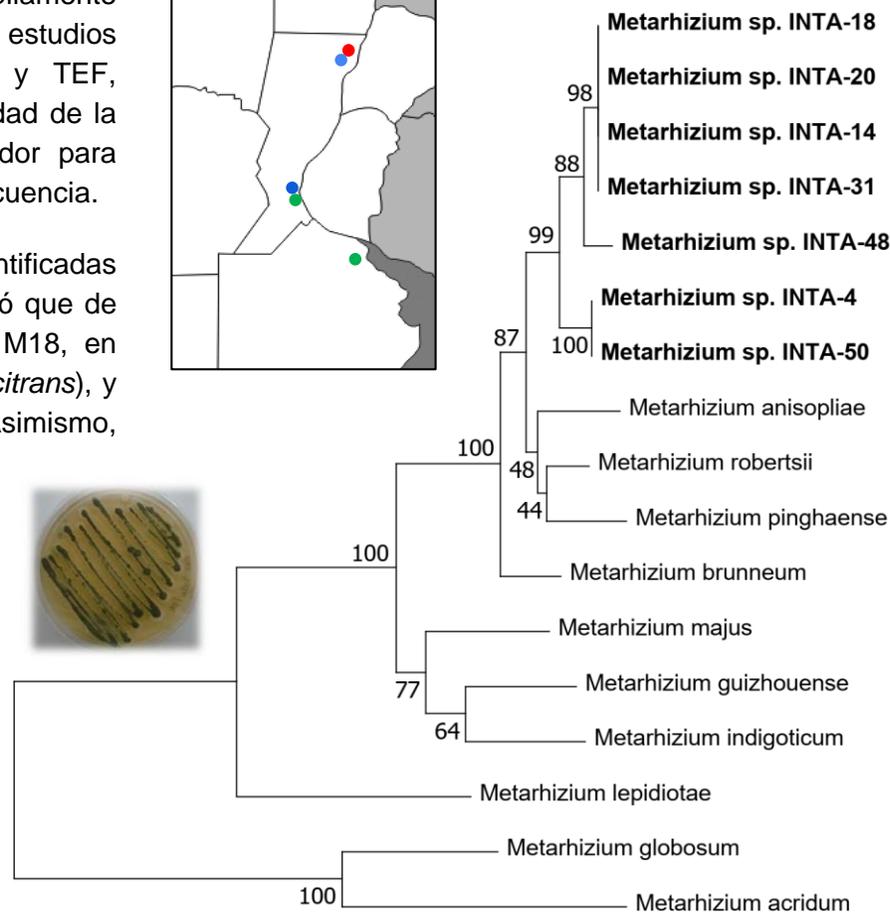
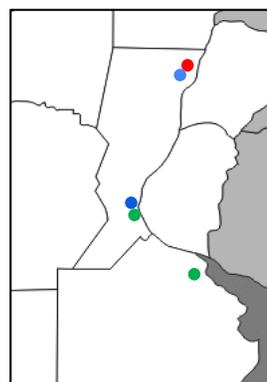
Se secuenciaron los marcadores MzIGS3, ITS y BTUB.



A. lundí

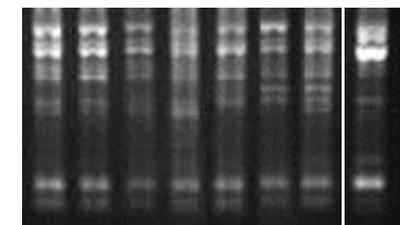


A. grandis



Aislada de:	Lugar	Año
<i>Acromyrmex lundí</i>	Castelar, Bs. As.	2005
<i>Acromyrmex lundí</i>	Castelar, Bs. As.	2005
<i>Acromyrmex lundí</i>	Castelar, Bs. As.	2005
Suelo	Oliveros, Sta. Fe	1996
Suelo	Las Toscas, Sta. Fe	2009
Suelo	Oliveros, Sta. Fe	1995
Suelo	Las toscas, Sta Fe	2009

Árbol obtenido con el método de máxima verosimilitud basado en la secuencia concatenada de MzIGS3+BTUB+ITS.



31 20 18 14 48 4 50 Ma

Patrones de bandeos obtenidos por ISSR-PCR correlacionan con el agrupamiento de las cepas.

El marcador MzIGS3 resultó altamente informativo y podría usarse en un relevamiento masivo para la caracterización preliminar de la colección. El análisis filogenético reunió las cepas en un clado separado con 3 genotipos, asociado al clado definido como PARB (*M. pingshaense*, *M. anisopliae*, *M. robertsii* y *M. brunneum*).

0.020