

## INTRODUCCIÓN

*Aspergillus flavus* es un hongo patógeno de maíz responsable de la contaminación con aflatoxinas. Por medio del análisis filogenético se establecieron relaciones entre aislados de *A. flavus* a través de la secuenciación de segmentos del gen de la calmodulina (*CaM*).

## MATERIALES Y MÉTODOS

Se colectó el micelio de aislados cultivados en medio Lixiviado Papa y Glucosa, se extrajo el ADN por CTAB y se amplificó y secuenció un segmento del gen *CaM*. Las secuencias obtenidas se alinearon con Clustal X2, se seleccionó el mejor modelo de sustitución nucleotídica con MEGA v.7 y se obtuvieron árboles filogenéticos por Neighbor-Joining (NJ) y Maximum-Likelihood (ML). Las secuencias obtenidas se compararon con la de referencia NW\_002477238.1 y *A. niger* MH645004.1 del GeneBank.

## RESULTADOS

La totalidad de los aislados pertenecieron al clado *A. flavus*, con el que agruparon con un valor de bootstrap de 10000 réplicas (Fig. 1 y 2).

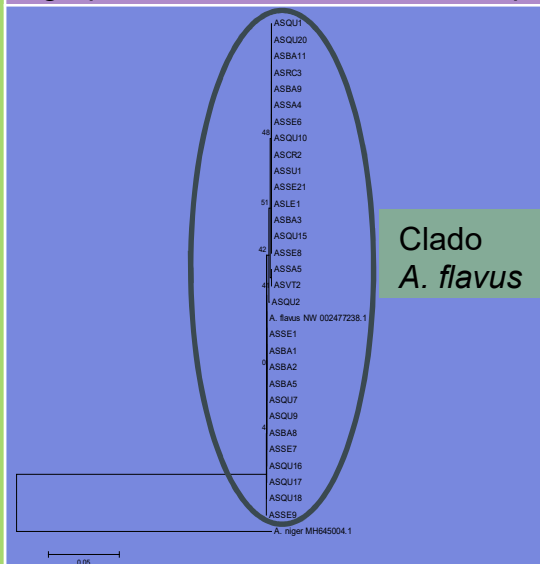


Fig. 1. Árbol filogenético Neighbor-Joining.

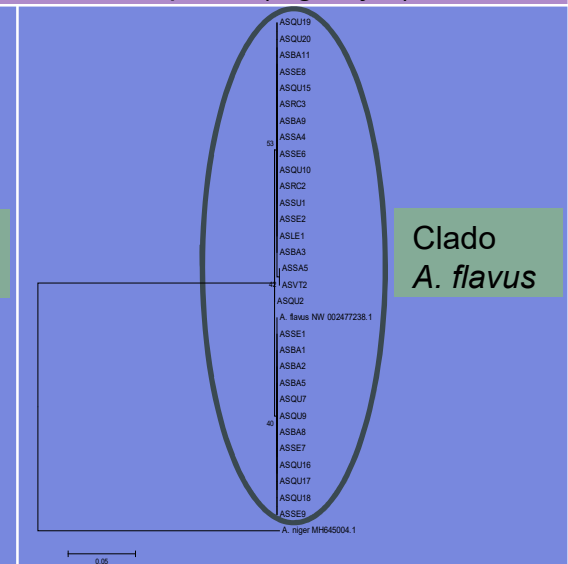


Fig. 2. Árbol filogenético Maximum Likelihood.

Estudios morfológicos y toxicológicos permitirán avanzar en la selección de aislamientos de *A. flavus* atoxigénicos con potencialidad para su utilización como biocontroladores a través de la exclusión competitiva.