

XV CONGRESO ARGENTINO DE MICROBIOLOGÍA (CAM 2019)

finalmente, Cry1Aa/Cry1Ia y Cry1Aa/Cry1Ab presentaron un FS cercano a 1 evidenciando un efecto aditivo entre las mismas.

Conclusiones: En conclusión, las proteínas individuales Cry1Aa y Cry1Ab poseen altos niveles de toxicidad para *C. pomonella*, por lo que podrían utilizarse para su control, ya sea formando parte de bioinsecticidas de primera generación o de organismos modificados genéticamente (OMG) expresando dichas toxinas. El uso simultáneo de Cry1Ab/Cry1Ia también podría emplearse para un control óptimo de *C. pomonella*, ya que la mezcla mostró un efecto sinérgico. El uso combinado de Cry1Aa/Cry2Aa y Cry1Ab/Cry2Aa en OMG debería ser evitado, ya que mostraron un antagonismo moderado y probablemente compartan el mismo sitio de unión.

MI 098

0260 - ETIOLOGÍA DE LA MANCHA DE LA ALMENDRA CON PRODUCCIÓN DE GOMA OBSERVADA EN EL VALLE MEDIO DE RÍO NEGRO

MARANGI, María Julia¹ | TEMPERINI, Carolina Virginia² | FERNANDEZ, Diana³ | PARDO, Alejandro Guillermo⁴ | POSE, Graciela Noemí⁴

UNIVERSIDAD NACIONAL DE RÍO NEGRO - CONSEJO NACIONAL DE INVESTIGACIONES CIENTÍFICAS Y TÉCNICAS¹; UNIVERSIDAD NACIONAL DE RÍO NEGRO²; INSTITUTO NACIONAL DE TECNOLOGÍA AGROPECUARIA³; UNIVERSIDAD NACIONAL DE QUILMES - CONSEJO NACIONAL DE INVESTIGACIONES CIENTÍFICAS Y TÉCNICAS⁴

Introducción y Objetivos: La "Mancha Bacteriana de la Almendra" (Bacterial Spot of Almond) es una patología causada por *Xanthomonas arboricola* pv. *pruni*. Es un problema importante en Australia y durante 2013-2014 se reportó en California. Fue descrito que las lesiones comienzan en la cáscara, como manchas acuosas pequeñas, produciéndose una sustancia gomosa color ámbar claro a oscuro. Las lesiones son marrones y aumentan lentamente en diámetro (2 a 4 mm, generalmente menor a 5 mm). El color de la sustancia gomosa es importante porque ayuda a distinguir la patología de otros tipos de daños. Durante 2017, en plantaciones de Luis Beltrán, Valle Medio de Río Negro (VMRN), se observaron frutos jóvenes de almendro con pequeñas lesiones circulares acuosas, de las cuales emergía una sustancia ámbar gomosa. El objetivo de este trabajo fue determinar la etiología de esta patología, considerando que los síntomas eran coincidentes con los previamente descritos a los causados por *X. arboricola* pv. *pruni* y que en los últimos años fueron determinados casos de Bacteriosis del Nogal (*X. arboricola* pv. *juglandis*) y Necrosis Apical del Nogal (*X. arboricola* pv. *juglandis* y *Alternaria* spp.) en el VMRN, siendo Luis Beltrán una de las zonas afectadas.

Materiales y Métodos: Luego de una desinfección superficial de los frutos, tejidos internos fueron extraídos desde la lesión y colocados en solución fisiológica estéril. Luego de homogeneizar, 0,1 ml de la suspensión fue inoculado en medio Luria Bertani (LB). Las placas se incubaron a 27°C durante 4 días. Las colonias sospechosas de ser *Xanthomonas* fueron repicadas a un medio diferencial para este género, Xan-D. Género y especie fueron confirmados mediante técnicas moleculares. La extracción de ADN se realizó utilizando el kit "DNeasy blood and tissue mini kit" (Qiagen) con un protocolo de pre-tratamiento para bacterias Gram negativas, de acuerdo al protocolo del proveedor. El ADN genómico extraído se cuantificó utilizando un fluorómetro Qubit 2.0 (Life Technologies). Se realizó la amplificación (PCR) y secuencia de los fragmentos amplificados con los primers especie específicos para *X. arboricola* XarbQF y XarbQR (gen qumA - quinato deshidrogenasa). La patogenicidad fue comprobada de acuerdo a los postulados de Koch, inoculando frutos sanos inmaduros con los microorganismos aislados y re-aislando el patógeno.

Resultados: Se pudo determinar la presencia de *X. arboricola*, confirmado por análisis molecular, en 4 de 5 muestras analizadas. Respecto a las pruebas de patogenicidad, se repitió la sintomatología y se observó la producción de goma en el total de los frutos inoculados.

Conclusiones: A partir de los resultados obtenidos, se presume la presencia de Mancha Bacteriana de la Almendra causada por *X. arboricola* pv. *pruni* en el VMRN.

MI 099

0274 - CAMBIOS ESTACIONALES EN LA ESTRUCTURA DE LAS COMUNIDADES MICROBIANAS DEL SUELO EN DISTINTOS SISTEMAS PRODUCTIVOS EN EL CHACO ÁRIDO DE CÓRDOBA

VÁZQUEZ, Carolina | VERDENELLI, Romina Aylén | MERLO, Carolina | PRIETO, María Cecilia | GONZÁLEZ, Matías | LUCINI, Enrique Iván | KOWALJOW, Esteban | MERILES, José Manuel

FACULTAD DE CIENCIAS AGROPECUARIAS. UNIVERSIDAD NACIONAL DE CÓRDOBA. CÓRDOBA. ARGENTINA.

XV CONGRESO ARGENTINO DE MICROBIOLOGÍA (CAM 2019)

Introducción y Objetivos: Las comunidades microbianas del suelo están involucradas en la regulación de la dinámica del C y del N, y juegan un papel preponderante en la disponibilidad de nutrientes, la salud del suelo y la sustentabilidad de los agroecosistemas. Los cambios en el uso de la tierra pueden alterar la estructura de las comunidades microbianas del suelo, modificando los procesos en las cuales ellas participan. Particularmente, en ecosistemas áridos los patrones estacionales pueden afectar la abundancia y estructura de las comunidades microbianas. El objetivo de este estudio fue determinar los cambios estacionales producidos en la estructura, composición y diversidad de las comunidades microbianas del suelo debido al uso productivo.

Materiales y Métodos: Se trabajó al oeste de la provincia de Córdoba en un área representativa de la ecoregión del Chaco árido. Dentro del área de estudio se muestrearon cuatro sitios: un sitio no disturbado (Reserva Chancaní) y tres sitios productivos: desmonte total y selectivo con ganadería (DT-ganadería y DS-ganadería) y desmonte total con agricultura (DT-agricultura). En cada sitio se tomaron 3 muestras compuestas de suelo (0-20cm) durante la temporada seca (agosto-2011) y la húmeda (febrero-2012) y se determinó: a) abundancia de bacterias y hongos por qPCR y b) estructura y diversidad de la comunidad bacteriana por PCR-TRFLP.

Resultados: No se detectaron variaciones significativas en la abundancia de bacterias entre sitios. La abundancia de bacterias sí varió de la temporada seca a la húmeda en el sitio R-Chancaní, siendo superior durante la húmeda. La abundancia fúngica no se modificó entre sitios durante la temporada seca pero sí durante la época húmeda, siendo más elevada en el sitio DS-ganadería. No se detectaron variaciones durante temporadas. La abundancia fúngica evaluada en todos los sitios fue aproximadamente dos veces menor que la bacteriana. El número de TRF (fragmentos) compartidos entre todos los sitios fue más bajo en la temporada húmeda que en la seca. El uso del suelo modificó en forma substancial la estructura de la comunidad bacteriana. El sitio R-Chancaní mostró el menor número de TRF bacterianos en comparación con los demás sitios de estudio. Al evaluar la riqueza y diversidad de la comunidad, el sitio DT-agricultura presentó los mayores valores de ambos estimadores.

Conclusiones: Las conclusiones basadas en la medición de la abundancia, diversidad y estructura de las comunidades microbianas en el suelo bajo diferentes regímenes del uso de la tierra actuales durante la temporada seca y húmeda, indican que el manejo del bosque (particularmente su conversión a sistemas productivos para ganadería o agricultura) produce importantes modificaciones en la diversidad y estructura de las comunidades microbianas. En este sentido, el impacto debido al uso intensivo del suelo en el Chaco árido de Córdoba debe ser evaluado y valorado antes de que se pierdan indefectiblemente las funciones del suelo, afectando los servicios ecosistémicos asociados.

MI 100

0230 - SUSCEPTIBILIDAD IN VITRO DE AISLAMIENTOS DE *BOTRYTIS SP.* FRENTE A FUNGICIDAS COMERCIALES

MACHUCA, Laura Marcela¹ | ACUÑA OJEDA, María Florencia² | ALFARO, Esteban² | CANTEROS, Karen Anthonela² | GÓMEZ, Johana² | SPAGNOLO, Lorena Cecilia² | DIETZ, Rocio Milagros²

INSTITUTO DE INVESTIGACIONES CIENTÍFICAS - UNIVERSIDAD DE LA CUENCA DEL PLATA (IDIC - UCP) / CONICET¹; INSTITUTO DE INVESTIGACIONES CIENTÍFICAS - UNIVERSIDAD DE LA CUENCA DEL PLATA (IDIC - UCP)²

Introducción y Objetivos: *Botrytis cinerea* es un hongo filamentoso, fitopatógeno causal del "moho gris" en plantas de tomate (*Solanum lycopersicum* L.). Este microorganismo es uno de los responsables de la disminución de la cantidad de fruta cosechada. El propósito del presente trabajo fue evaluar la susceptibilidad in vitro de tres aislamientos de *Botrytis sp.* frente a fungicidas de uso habitual para el manejo de las enfermedades en horticultura, y a su vez, establecer el tipo de diferencia estadística en su desempeño.

Materiales y Métodos: Los aislamientos fúngicos, A, B y C, provenientes de plantas de tomate con síntomas compatibles con la enfermedad, fueron cedidos por el Laboratorio de Sanidad Hortícola-Estación Experimental Agropecuaria-INTA, Bella Vista, Corrientes. Los fungicidas utilizados fueron Amistar Top y Daconil 72F de Syngenta Agro S.A., Bellis de BASF Arg. S.A. y Consist de Bayer. La susceptibilidad fue evaluada empleando medidas de concentración inhibitoria mínima (CIM) y fungicida mínima (CFM), expresadas en µg/mL. Para hallar la CIM, se empleó la técnica de dilución en caldo, tomando como base el estándar M38-A del Clinical and Laboratory Standards Institute, reemplazando el medio de cultivo por caldo Sabouraud y variando la temperatura de incubación a 23 ± 1°C. Para la determinación de la CFM, se transfirieron 20 µL de cada tubo que no mostró crecimiento visible, del último tubo con crecimiento visible y del control positivo, a placas de Petri con Agar Sabouraud. Estas fueron incubadas a 23 ± 1°C hasta observar crecimiento en la placa correspondiente al control positivo. La CFM fue la mínima concentración del fungicida que no mostró crecimiento en placa o donde este fue menor a tres colonias. Para establecer el tipo de diferencia estadística, se utilizó el método de Kruskal-Wallis, para los valores de CIM y CFM, por separado.

Resultados: Los valores hallados para CIM y CFM (µg/mL), fueron los siguientes, respectivamente: para *Botrytis sp.* A: Daconil 72F (1; 1), Amistar Top (4; 8), Bellis (0,5; Sin determinar (SD)), Consist (32; SD); para *Botrytis sp.* B: Daconil 72F (2; 2), Amistar Top (0,5; SD), Bellis (0,0625; SD), Consist (>64; SD); y