

## USO DE HERRAMIENTAS MOLECULARES PARA EL ESTUDIO DEL COMPLEJO *Helicoverpa/Heliothis* EN ARGENTINA Y DE UN BACULOVIRUS ASOCIADO CON POTENCIAL INSECTICIDA

Arneodo Larochette J.I.<sup>1</sup> Instituto de Microbiología y Zoología Agrícola (IMyZA), INTA, Instituto de Agrobiotecnología y Biología Molecular (IABIMO), CONICET-INTA, Buenos Aires, Argentina.  
arneodo.joel@inta.gob.ar

El complejo *Helicoverpa/Heliothis* está conformado por varias especies de lepidópteros que en estado larval ocasionan daños a cultivos. En Argentina, a las autóctonas *Helicoverpa zea* y *H. gelotopoeon*, se sumó en los últimos años *H. armigera*, una de las plagas más destructivas del mundo. Estas especies tienen aspecto similar (se diferencian por microscopía de la genitalia), y sus orugas son casi indistinguibles. Se desarrolló un método basado en la amplificación por PCR de un fragmento del gen de la citocromo oxidasa I (COI) con cebadores universales para *Heliothinae*, y posterior corte con enzima que muestra un patrón de restricción distinto para cada especie. La PCR-RFLP fue luego aplicada a la detección de *H. armigera* en diversas zonas agroecológicas del país. La secuenciación parcial de dos genes mitocondriales (COI y citocromo b) de los individuos colectados, reveló la ocurrencia de múltiples linajes maternos de esta especie invasora, posiblemente fruto de distintas introducciones. La presencia de haplotipos similares en países limítrofes y/o en otros continentes permitió inferir posibles vías de ingreso de la plaga. Asimismo, se caracterizó y evaluó el potencial insecticida de un baculovirus aislado de *H. gelotopoeon*. Mediante secuenciación de genes virales, bioensayos de infección y estudios microscópicos se clasificó al aislamiento como una variante de *Helicoverpa armigera* nucleopolyhedrovirus. Este virus ya ha sido reportado en *H. armigera*, *H. zea* y *Heliothis virescens*, y es actualmente utilizado en algunos países en programas de manejo integrado de *Heliothinae*.

---

## LA INVASIÓN DE *Drosophila suzukii* EN ARGENTINA, ¿QUE NOS INDICAN LAS VARIANTES GENÉTICAS MITOCONDRIALES?

Soliani C., G. De La Vega<sup>1</sup>, J.C. Corley<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Investigaciones Forestales y Agropecuarias Bariloche (IFAB), INTA-CONICET, EEA INTA Bariloche, S.C. de Bariloche, Río Negro, Argentina.  
soliani.carolina@inta.gob.ar

*Drosophila suzukii* (Diptera: Drosophilidae), conocida como la mosca de alas pintadas, es una especie plaga de frutales (fruta fina) originaria de Asia. Se caracteriza por su alta capacidad de invasión y en las últimas décadas ha logrado ampliar considerablemente su distribución a todo el mundo. En este trabajo nos propusimos investigar los patrones de diversidad genética de esta especie introducida en Argentina, así como las probables rutas de introducción al país. Identificamos la variedad y distribución de haplotipos mitocondriales, comparándola con las variantes presentes en el resto del mundo. Relacionamos las variantes genéticas con el flujo comercial de fruta fina que ingresa y egresa del país, por considerarse el principal vehiculizador de los estadios inmaduros de la especie. Encontramos que Brasil sería la principal fuente de ingreso de la especie al país, pero no se descartan otras, entre ellas la más relevante sería la vía comercial directa desde USA. Consideramos que nuestro trabajo constituye un primer paso para comprender los patrones de invasión y la dispersión de la especie en Argentina, un aspecto clave para esgrimir estrategias de control.