



CIENCIA-ARTE-DESCUBRIMIENTO-DESARROLLO

XVI Congreso Argentino de Microbiología (CAM 2024)

V Simposio Argentino de Inocuidad Alimentaria

LIBRO DE RESUMENES

21 al 23 de agosto de 2024
Palais Rouge. Ciudad Autónoma de Buenos Aires,
Argentina



XVI Congreso Argentino de Microbiología / Marisa Almuzara... [et al.]; Compilación de
Marisa Almuzara: Oscar Taboga. - 1a ed - Ciudad Autónoma de Buenos Aires:
Asociación Argentina de Microbiología, 2024.
Libro digital, PDF

Archivo Digital: descarga y online
ISBN 978-987-48458-2-5

1. Microbiología. I. Almuzara, Marisa, comp. II. Taboga, Oscar, comp.
CDD 579.071

ELUCIDACION DE LAS SECUENCIAS DE LOS GENES MAT DEL HONGO PATOGENO DE MANÍ *Thecaphora frezii*

Del Canto, Agostina; Giordano, Damián Francisco; Perlin, Michael; Palacios, Sofia Alejandra; Torres, Adriana Mabel.

Instituto de Investigación en Micología y Micotoxicología (IMICO), Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET) – Universidad Nacional de Río Cuarto (UNRC), Río Cuarto, Córdoba, Argentina; Department of Biology 139 Life Sciences Bldg. University of Louisville, Kentucky

Thecaphora frezii es el hongo responsable de la devastadora enfermedad denominada carbón del maní. Debido a su característica de biótrofo, este microorganismo lleva a cabo parte de su ciclo de vida en el interior de la planta huésped, lo cual ocurre luego de que dos hifas compatibles se anastomosén en un proceso que es gobernado por los genes MAT. Tales genes son imprescindibles para el inicio del estadio patogénico y son un potencial blanco para el desarrollo de estrategias de manejo de la enfermedad. La estructura y organización de dichos genes ha sido estudiada en hongos carboños como *Ustilago maydis*, sin embargo, información de este tipo es inexistente para *T. frezii*. Con el objetivo de elucidar estos aspectos, se compararon las siguientes secuencias proteicas del hongo *T. thlaspeos* (única especie del género que presentaba un genoma secuenciado al momento de realizar este estudio), con aquellas depositadas en la base de datos del NCBI, a través de la herramienta pBLAST: secuencias de los alelos *pra1* y *pra2* (receptores de feromonas), *mfa1* y *mfa2* (feromonas) y *bE* y *bW* (homeodímeros). Se seleccionaron aquellas que presentaron los valores de identidad y cobertura más altos y se alinearon entre sí. Posteriormente, se buscaron regiones consenso, es decir, regiones dentro de las secuencias alineadas compartidas por la mayoría de ellas, con el objetivo de utilizarlas como base para el diseño de cebadores que permitan amplificar parte de los genes bajo estudio.

Una vez diseñados los cebadores se procedió al desarrollo de las PCR y a la posterior secuenciación de los productos obtenidos. Se obtuvieron dos cebadores *forward* y dos *reverse* para la amplificación de un fragmento del alelo *pra1* y dos cebadores *forward* y uno *reverse* para amplificar una región del *pra2*. No fue posible diseñar cebadores para amplificar regiones de los alelos *mfa1* y *mfa2* ya que no se identificaron secuencias de otros hongos con similitud suficiente. Si bien fue posible el alineamiento de las secuencias *bE* y *bW* con otras provenientes de distintos géneros fúngicos, no pudieron detectarse regiones consenso. Las feromonas son moléculas altamente variables entre los organismos que las producen, lo cual constituye un posible motivo por el cual no se detectaron secuencias lo suficientemente similares como para diseñar cebadores. Por otro lado, los inconvenientes presentados en el análisis de las secuencias *bE* y *bW* eran previsible ya que, aunque estos homeodímeros posean una región (C-terminal) conservada, también presentan una región (N-terminal) altamente variable, incluso entre los alelos provenientes de *T. thlaspeos*. En genes con estas características, se dificulta implementar la estrategia aquí desarrollada.

Este trabajo presenta los resultados obtenidos en el primer intento registrado hasta la fecha de elucidar la secuencia de los genes MAT en el hongo *T. frezii*, aunque es necesario seguir investigando para aportar más información sobre este sistema génico.