



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

ESTRATEGIAS PARA EL ESTUDIO DE LA VARIABILIDAD GENETICA DE POBLACIONES NATURALES DEL HONGO *Thecaphora frezii*

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

Instituto de Investigación en Micología y Micotoxicología.

El carbón del maní es una enfermedad fúngica causada por *Thecaphora frezii*, responsable de importantes pérdidas de rendimiento de este cultivo. Su elevada prevalencia e incidencia en el área manisera se debe, en parte, a la carencia de herramientas eficientes de control. Un factor importante a la hora de desarrollar estrategias de manejo de una enfermedad es el conocimiento de la biología del patógeno que la ocasiona, incluyéndose en este concepto al estudio de la estructura genética de sus poblaciones. Dicha información puede obtenerse a través del análisis de la variabilidad genética, utilizando diferentes regiones del genoma que presenten las características adecuadas para tal fin. Debido a que estos datos son inexistentes para las poblaciones locales de *T. frezii*, en este trabajo se pretendió elucidar la estructura de las mismas mediante el análisis de la región D1/D2, localizada en el extremo 5' del gen del ARNr de la subunidad mayor (LSU), el gen mitocondrial COX y el desarrollo del marcador molecular ISSR. Se amplificaron por PCR y secuenciaron posteriormente las regiones D1/D2 de 10 individuos diferentes; dichas secuencias se alinearon con la finalidad de buscar regiones variables. El estudio del gen mitocondrial COX, se llevo a cabo mediante la amplificación y secuenciación de fragmentos contiguos del mismo, estrategia denominada *primer-walking*. Por último, el análisis ISSR se realizó con 79 individuos provenientes de 8 localidades diferentes de la región manisera argentina, utilizando los tres cebadores que presentaron los mejores resultados del total de los 15 evaluados. Con la finalidad de definir la agrupación de los individuos bajo estudio, se utilizó el software STRUCTURE y se realizó un Análisis de Coordenadas Principales (PCoA). Para analizar la distribución de la variabilidad genética se llevó a cabo un análisis de Varianza Molecular (AMOVA).

Las regiones D1/D2 no presentaron diferencias entre los individuos analizados, por lo tanto, se descartó su uso para llevar a cabo el presente estudio. Con respecto al gen COX, fue posible el diseño de 9 pares de cebadores capaces de amplificar fragmentos contiguos lo cual permitiría cubrir la total extensión del mismo, sin embargo, no se continuó con el desarrollo de esta metodología porque es necesario ADN de alta calidad lo cual dificulta el análisis cuando se tiene un gran numero de muestras.

El análisis mediante el marcador molecular ISSR demostró que la población bajo estudio se estructura en dos subpoblaciones diferentes. Las dos metodologías usadas agruparon a los individuos de manera similar, mientras que el análisis AMOVA informo que existe una variabilidad mayor dentro de las subpoblaciones (67%) que entre ellas (33%). Estos resultados parecen indicar una estructuración de la población fúngica local, sin embargo, es necesario continuar con este estudio incluyendo una mayor cantidad de muestras y cebadores para lograr una caracterización más certera.