1RAS. JORNADAS INSTITUCIONALES

# AISLAMIENTO E IDENTIFICACIÓN DE MICROALGAS NATIVAS CON POTENCIAL APLICACIÓN BIOTECNOLÓGICA

MIÑO [a,b], María L; KOLMAN [a,b], María A., ZAPATA, Pedro D.[a,b]

*a) Laboratorio de Biotecnología Molecular. Instituto de Biotecnología Misiones. Facultad de Ciencias Exactas Químicas y Naturales. Universidad Nacional de Misiones.*

*b)CONICET*

## INTRODUCCIÓN

Muchas especies de microalgas son capaces de producir diferentes tipos de biocompuestos y dada su versatilidad metabólica tienen un gran potencial de aplicación en diversas áreas como la producción de biodiesel, la obtención de productos destinados a la industria cosmética y farmacéutica, el uso como suplementos alimentarios y, en términos ambientales, son útiles para la biorremediación de aguas residuales.

## OBJETIVO

El objetivo de este trabajo fue colectar, aislar e identificar cepas de microalgas nativas de diversas localidades de Misiones y Corrientes para el posterior estudio de compuestos con potencial aplicación biotecnológica.

## RESULTADOS

**Figura 1. Ubicación geográfica de toma de muestras de microalgas.** Durante los años 2019-2021, se obtuvieron muestras de distintos ambientes de las localidades de Posadas, Garupá, San Ignacio, Santo Pipó, Comandante Andresito en la provincia de Misiones y de la localidad de Ituzaingó, Corrientes.

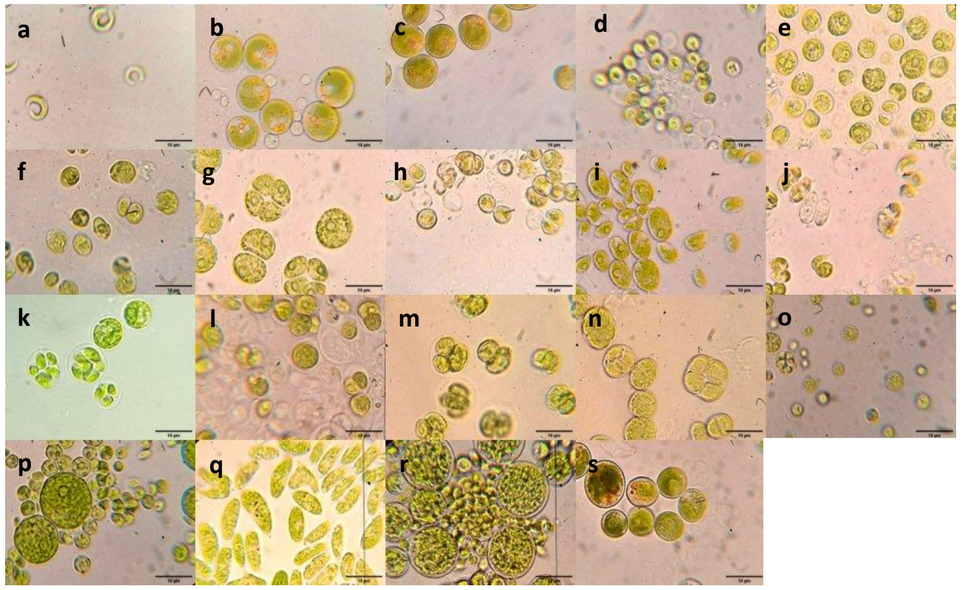



**Figura 2. Análisis microscópico de cultivos monoalgales aislados.** Las muestras obtenidas fueron cultivadas en medio BG11 y posteriormente se realizó el aislamiento por dilución de estría en medio BG11 sólido. Las colonias aisladas fueron analizadas por microscopía óptica. (a) E24.2U. (b) Andresito 2U. (c) Yerbal nuevo 1U. (d) Yerbal Nuevo 2U. (e) Yerbal Viejo 1U. (f) Yerbal Viejo 1U NF. (g) Yerbal Viejo 2U. (h) Yerbal Viejo 2U NF. (i) Costa U. (j) 13.1U. (k) Marilyn 1U. (l) Marilyn 2U. (m) Andresito 1U. (n) Andresito NF 1U. (o) Brete I 2U. (p) F4II U. (q) Mártires 2U. (r) Mártires 1U. (s) Pipó 1U.

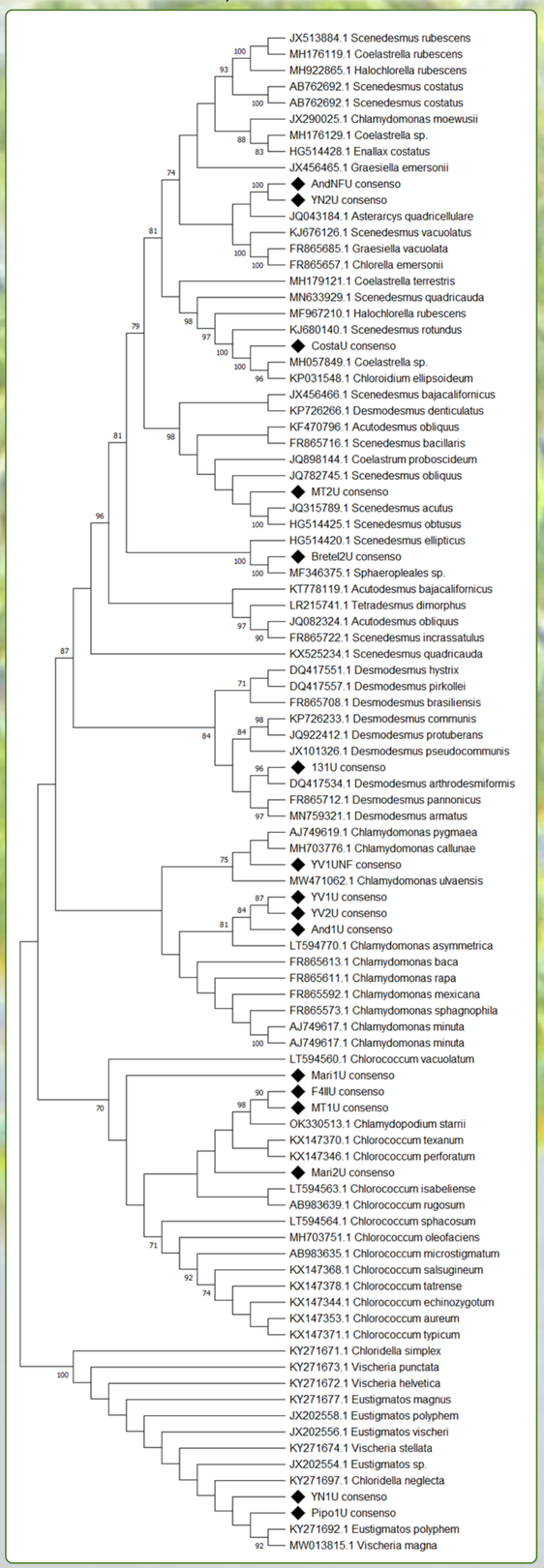
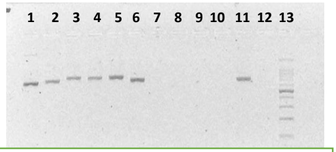
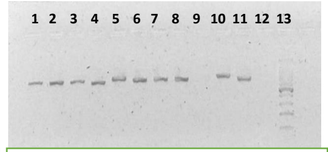


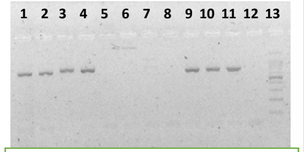

**Figura 3. Análisis filogenético por método Neighbor Joining.** Luego de verificar la calidad de las secuencias y obtener los fragmentos consenso, se realizó una búsqueda de secuencias utilizando la herramienta BLAST del NCBI y, seguidamente se realizó el alineamiento de múltiples secuencias utilizando el paquete ClustalW del software MEGA, se analizaron 94 secuencias y 700 sitios.El Modelo Evolutivo determinado por Software MEGA fue el de Tamura-Nei + Distribución Gamma (0.63).




**1.** YV 1U NF; **2.** YV 2U NF; **3.** YN 1U; **4.** And 2U; **5.** F4 II; **6.** Brete 2U; **7.** Mari 2U; **8.** E24.2U; **9.** Mártires 1U; **10.** Mártires 2U; **11.** C+; **12.**C-; **13.** PM




**1.** YN 2U; **2.** YV 1U; **3**. YV 2U; **4**. 13.1 U; **5.**Costa U; **6.**Marilyn 1U; **7.** And 1U; **8.** And NF; **9**.C2U; **10**. Pipó 1U; **11**. C+; **12.** C-; **13**. PM




**1-2.** Mártires 2U; **3-4.** Mártires 1U ; **5-6.** E24 2U; **7-8.** C2U; **9-10.**Marilyn 2U; **11.** C+; **12.** C- ; **13.** PM.

**Figura 4. Productos de amplificación por PCR utilizando los cebadores para la región ribosomal comprendida entre ITS1-5.8S-ITS2.** se realizó la extracción de ADN genómico de los 20 aislamientos, para la posterior amplificación por PCR utilizando los cebadores para la región ribosomal comprendida entre ITS1-5.8S-ITS2. Los fragmentos amplificados fueron enviados a secuenciar a un servicio externo (Macrogen, Korea).

| Cultivos monoalgales | Identificación molecular | Crecimiento cualitativo | Tasa de crecimiento |
|---|---|---|---|
| **E24.2 U** | ND | M | ND |
| **Andresito 2U** | ND | M | ND |
| **Yerbal Nuevo 1U** | Eustigmatos sp. | M | ND |
| **Yerbal Nuevo 2U** | Graesiella emersonii | R | 0.139 |
| **Yerbal Viejo 1U** | Chlamydomonas sphagnophila | R | 0.146 |
| **Yerbal Viejo 1U NF** | Chlamydomonas ulvaensis | R | 0.129 |
| **Yerbal Viejo 2U** | Chlamydomonas asymmetrica | M | ND |
| **Yerbal viejo 2U NF** | ND | M | ND |
| **Costa U** | Coelastrella sp. | R | 0.266 |
| **C2U** | ND | R | ND |
| **13.1 U** | Desmodesmus arthrodesmiformis | R | 0.136 |
| **Marilyn 1U** | Chlorococcum vacuolatum | R | 0.278 |
| **Marilyn 2U** | Chlorococcum vacuolatum | R | 0.275 |
| **Andresito 1U** | Chlamydomonas asymmetrica | M | ND |
| **Andresito NF U** | Graesiella emersonii | R | 0.296 |
| **Brete I 2U** | Sphaeropleales | R | 0.334 |
| **F4II U** | Chlamydopodium starrii | R | 0.353 |
| **Mártires 2U** | Coelastrum proboscideum | R | 0.335 |
| **Mártires 1U** | Chlamydopodium starrii | R | 0.267 |
| **Pipó 1U** | Eustigmatos sp. | M | ND |

**Tabla 1.** Aislamientos identificados molecularmente, con la caracterización de crecimiento y su tasa específica de crecimiento calculada a partir de la formula $\mu = ln(ODf) - ln(ODi)/\ tf - ti$ donde $OD_f$ y $OD_i$ son la densidad óptica al tiempo final y al tiempo inicial. Crecimiento: M, Medio. R, Rápido. ND: no determinado

## CONCLUSIÓN

Este trabajo nos permitió establecer el primer banco de microalgas nativas de la provincia de Misiones que resulta de vital relevancia para iniciar la bioprospección de productos de interés biotecnológico.