

CARACTERIZACIÓN MOLECULAR DE *Streptomyces* spp. AISLADOS DE RIZÓSFERA DE YERBA MATE EN MISIONES

GRICHENER, Ramiro^a; AZNAR, Silvina S.^{a,b}; KOLMAN, María A.^{a,b}; FUENTES, María, S.^c; ALVARENGA, Adriana E.^{a,b}

a) Universidad Nacional de Misiones. Facultad de Ciencias Exactas Químicas y Naturales. Instituto de Biotecnología Misiones "Dra. María Ebe Reca". Laboratorio de Biotecnología Molecular. b) Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). Buenos Aires, Argentina. c) Planta Piloto de Procesos Industriales Microbiológicos (PROIMI - CONICET). Tucumán, Argentina.

gricheneramiro@gmail.com

Introducción

Las bacterias del filo Actinomycetota son microorganismos Gram positivos filamentosos con un elevado contenido de G+C, reconocidas por su capacidad de producir una amplia gama de metabolitos secundarios con aplicaciones en biocontrol, biorremediación y biofertilización. Dada su relevancia ecológica y biotecnológica, el estudio de estos microorganismos asociados a cultivos regionales es fundamental para el desarrollo de prácticas agrícolas sostenibles.

Objetivo

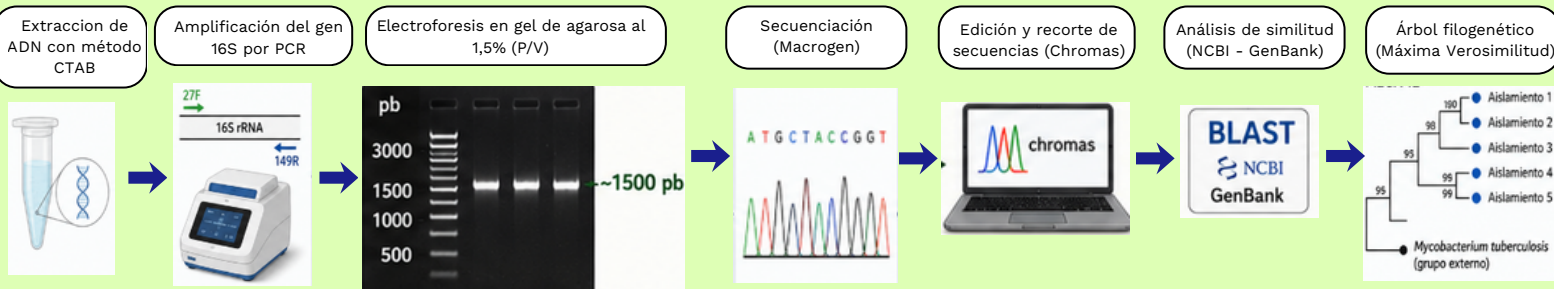
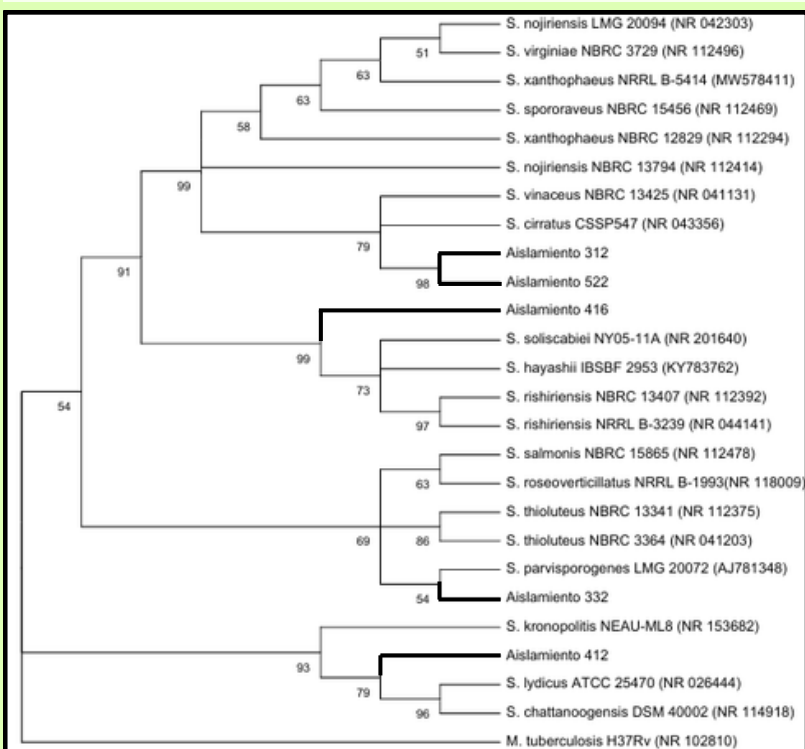
El objetivo de este trabajo fue identificar molecularmente cinco aislamientos obtenidos de suelos rizosféricos de plantas de yerba mate (*Ilex paraguariensis*) provenientes de la ciudad de Oberá, Misiones.

Metodología

Los aislamientos fueron cultivados en medio TSB para la extracción de ADN genómico mediante el método CTAB. Se amplificó el gen ARNr 16S mediante PCR utilizando los cebadores universales 27F y 1492R, los productos fueron secuenciados por MacroGen. El análisis bioinformático incluyó la búsqueda de identidad mediante la herramienta BLASTn del NCBI y el análisis filogenético por el método de Máxima Verosimilitud (con 1000 repeticiones de bootstrap) empleando el software MEGA 12. Se utilizó la especie *Mycobacterium tuberculosis* como grupo externo.

Resultados

El análisis filogenético reveló que los aislamientos 312 y 522 se agruparon con *Streptomyces vinaceus* y *Streptomyces cirratus* (identidad de 98,69% y 97,79%, respectivamente). Además, el aislamiento 332 mostró una estrecha relación con *S. parvisporogenes* (96,77% de identidad), el aislamiento 412 se ubicó junto a *S. kronopolitis* con un soporte de bootstrap del 93% y una identidad del 98,62%. Finalmente, el aislamiento 416 se posicionó dentro de un clado que incluye a *S. soliscabiei*, *S. rishiriensis* y *S. hayashii*, con identidades entre 98,06% y 98,28%.



Conclusión

Se confirmó que los aislamientos pertenecen al filo Actinomycetota, específicamente al género ***Streptomyces***, distribuyéndose en diversos clados filogenéticos. Estos resultados sientan las bases para futuras evaluaciones de su potencial biotecnológico como promotores de crecimiento o agentes de biocontrol en el cultivo de yerba mate.