

Area: CA - Cs. Agropecuarias

Título del Trabajo: **DIVERSIDAD DE BACTERIAS Y HONGOS ENDOFÍTICOS EN CULTIVOS DE YERBA MATE, ILEX PARAGUARIENSIS ST. HIL.**

Autores: PÉREZ, MARÍA L. - GALDEANO, ERNESTINA - MROGINSKI, LUIS A.

E-mail de Contacto: p_mlaura@hotmail.com

Teléfono: 4427589 (int. 146)

Tipo de Beca: UNNE Perfec. Tipo B

Resolución N°: 101612

Período: 01/03/2013 - 01/04/2015

Proyecto Acreditado: PI A010/2010, Diversidad de bacterias endofíticas y su relación con la infección por fitoplasmas en árboles de paraíso (*Melia azedarach*), Secretaría de Ciencia y Técnica (UNNE). Facultad de Ciencias Agrarias, UNNE. Período de vigencia 2011-2014.

Lugar de Trabajo: IBONE - Instituto de Botánica del Nordeste

Palabras Claves: microorganismos -control biológico- promotores de crecimiento

Resumen:

Las plantas en ambientes naturales viven asociadas a hongos y bacterias endofíticas. Los microorganismos endofíticos son aquellos que producen infecciones internas e inconspicuas y en las cuales el tejido infectado es al menos transientemente asintomático. Si bien estas interacciones no están comprendidas en su totalidad, se han encontrado muchos aislamientos que influyen en la fisiología de la planta hospedante, sea promoviendo el crecimiento, produciendo compuestos antimicrobianos o induciendo respuestas de defensa de la planta. La yerba mate (*Ilex paraguariensis* St. Hil.) es un árbol o arbusto que crece principalmente en selvas subtropicales. El monocultivo de la especie representa importantes cambios con respecto al ecosistema natural y ha favorecido la aparición y el aumento de plagas y enfermedades. Las características particulares de la interacción de la planta con los endófitos, los presenta como candidatos para el control biológico u otras funciones promotoras del crecimiento. El objetivo de este trabajo fue identificar las poblaciones de microorganismos endofíticos asociados a la yerba mate. Se realizaron 5 muestreos en 2 años (verano, otoño 2010, verano, otoño, invierno 2011) en un huerto clonal de yerba mate. Se analizaron ramas y hojas jóvenes y adultas, desinfectadas con alcohol luego con lavandina y finalmente enjuadas 3 veces con agua destilada estéril. Para el aislamiento de bacterias, las muestras fueron maceradas y el jugo vegetal obtenido, se sembró en cajas de Petri con medio enriquecido TSA con cicloheximide 100g/l, para evitar el crecimiento de hongos. Para el aislamiento de hongos se tomaron porciones de ramas y hojas que fueron sembradas en cajas de Petri con medio APG y streptomycin 100 g/l, para evitar el crecimiento de bacterias.

De los 329 aislamientos de bacterias obtenidos, se analizaron hasta el momento 183 (el 56%). El análisis de las secuencias parciales del gen 16S ARNr permitió asociar los aislamientos a los géneros: *Curtobacterium* sp., *Cellulosimicrobium* sp., *Sphingomonas* sp., *Microbacterium* sp., *Brevundimonas* sp., *Kineococcus* sp., *Agrobacterium* sp., *Roseomonas* sp., *Methylobacterium* sp., *Bacillus* sp., *Agrococcus*, *Mycobacterium* sp., *Herbiconiux* sp., *Paenibacillus* sp., *Staphylococcus* sp., *Leucobacter* sp., *Rhizobium* sp., *Aeromicrobium* sp. El grupo dominante correspondió al orden *Actinomycetales* (60% del total de aislamientos analizados), y los géneros dominantes fueron *Microbacterium* y *Curtobacterium* (88% del total).

De los 302 aislamientos de hongos obtenidos, se identificaron hasta el momento 197 (el 65%). El análisis del gen 5.8S e ITS1 y 2 ADNr junto a las descripciones morfológicas permitió determinar los géneros: *Fusarium* sp., *Penicillium* sp., *Colletotrichum* sp., *Phomopsis* sp., *Alternaria* sp., *Aspergillus* sp., *Cladosporium* sp., *Guignardia* sp., *Phyllosticta* sp., *Xylariaceae* sp., *Giberella* sp., *Gliocladium* sp., *Botryosphaeria* sp., *Cercospora* sp., *Curvularia* sp., *Eutypa* sp., *Paecilomyces* sp., *Trichoderma* sp., *Pleosporales* sp. y *Cochliobolus* sp.. *Fusarium* sp. fué el género con mayor frecuencia de ocurrencia y el único que persistió en la planta en todas las estaciones.