

***Bacillus thuringiensis*: prospección, caracterización y análisis de diversidad de cepas nativas asociadas a cultivos de maíz transgénico.**

Federici, M.T.¹, Rivas, F.¹, Giannone, N.³, Altier, N.¹, Zerbino, S.²; Dalla Rizza, M.¹

1- Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria. Estación Experimental INIA Las Brujas

2- Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria. Estación Experimental La Estanzuela

3- Facultad de Ciencias

Las proteínas cry, producidas por la bacteria *Bacillus thuringiensis*, pueden usarse como un insecticida biológico o bien expresarse en plantas transgénicas. El interés por estas proteínas como alternativa al uso de insecticidas, ha llevado a que se obtengan más de 50.000 cepas de *B. thuringiensis* a partir de insectos muertos, plantas, suelos y ambientes marinos.

Actualmente en INIA Las Brujas se están procesando muestras de suelo y de rizósfera de maíz transgénico para la obtención de cepas nativas de *Bacillus*. A los efectos de eliminar otros géneros bacterianos las muestras, durante su procesamiento, fueron sometidas a un tratamiento térmico. A la fecha se identificaron varias cepas candidatas por medio de la tinción de Gram, observación morfológica y determinación de movilidad. Para la confirmación de género está previsto el uso de pruebas bioquímicas, mientras que la identificación a nivel de especie se realizará por biología molecular a través de la amplificación del gen ribosomal 16S, secuenciación y apareamiento de secuencias en el GenBank-NCBI. Posteriormente, la colección de cepas se caracterizará por la presencia de los distintos grupos de genes cry con el fin de determinar el potencial de uso contra insectos plaga en programas de control biológico: cry1 y cry2 (Lepidópteros y Dípteros), cry3 (Coleópteros), cry4 (Dípteros), cry7 y cry8 (Coleópteros). Este trabajo además incluye una tesis de grado de la Licenciatura en Ciencias Biológicas de la Facultad de Ciencias (UDELAR) con actividades desarrolladas en el Laboratorio de Bioproducción y en la Unidad de Biotecnología.

Adicionalmente, está previsto extraer el ADN metagenómico de suelos y rizósfera que se analizará por pirosecuenciación ("amplicon sequencing"). Los resultados generados aportarán conocimiento original sobre diversidad microbiana en relación a distintos manejos agrícolas y variedades de maíz, y orientarán la prospección de cepas nativas de *Bacillus thuringiensis*.

Utilización de metagenómica y secuenciación de última generación en la identificación de microorganismos y genes asociados a la movilización del fósforo en el suelo

Federici, M.T.¹; Garaycochea, S.¹, Beyhaut, E.¹, Dalla Rizza, M.¹, Altier, N.¹

1- Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria. Estación Experimental INIA Las Brujas

A nivel mundial, la agricultura muestra un creciente interés en el desarrollo y uso comercial de bioinsumos de origen microbiano. En ese sentido, se ha puesto énfasis en la acción de los microorganismos en los procesos de fijación biológica del nitrógeno, solubilización y mineralización de fósforo, así como también estrategias de control biológico de insectos plaga. Los suelos cultivables contienen generalmente una importante reserva de fósforo no disponible para las plantas. Esta reserva incluye gran parte del fósforo nativo del suelo y también el que proviene a partir del agregado de fertilizantes fosfatados, rápidamente inmovilizado luego de la aplicación. En el marco de la propuesta "Identificación de microorganismos y genes asociados a la movilización del fósforo en el suelo", se plantea el uso de la metagenómica para la prospección de nuevas cepas de bacterias que aumenten la fracción disponible para las plantas del fósforo total del suelo. Asimismo, se pretende determinar los mecanismos involucrados en la transformación de las distintas formas de fósforo. Los microorganismos, tanto cultivables como no cultivables, de géneros