

Título: “Análisis metatranscriptómico y transcriptómico del tracto digestivo de larvas de *Spodoptera frugiperda* alimentadas con *Sorghum halepense*”

Alumno/a: CASTRO, Micaela

Director/a: Dra. Christina McCarthy

Fecha de defensa: 22/03/2018

RESUMEN

Spodoptera frugiperda (Orden Lepidoptera, Familia Noctuidae) tiene una amplia distribución geográfica (desde Argentina hasta el sur de los Estados Unidos), y es una de las plagas que más daño causa a los cultivos de maíz en Argentina. Su control se realiza principalmente utilizando cultivos de maíz transgénico e insecticidas químicos, aunque su uso inadecuado ha llevado a que *S. frugiperda* desarrolle resistencia a ambos y, por ello, urge desarrollar estrategias de control alternativas. En este sentido, se sabe que muchos insectos obtienen su microbiota del ambiente circundante, y que estos microorganismos pueden influir en el ciclo de vida del insecto. Por otra parte, un inventario de la microbiota asociada, especialmente de especímenes silvestres, ayudaría a comprender su biología de manera más exhaustiva, y a desarrollar nuevas estrategias de control biológico. Previamente a la realización de este trabajo se capturaron larvas de *S. frugiperda* de una fuente de alimentación alternativa, *Sorghum halepense*, una planta cianogénica, en la localidad de El Manantial (26°49'50''S, 65°16'59.4''O; Departamento de Lules, provincia de Tucumán) a 495 metros sobre el nivel del mar (m.s.n.m.). Posteriormente, se extrajo ARN total de intestinos de larvas de quinto estadio, y se lo sometió a un procedimiento de transcripción reversa y amplificación independiente de secuencia en un solo paso. La muestra se pirosecuenció y las lecturas obtenidas fueron pre-procesadas y ensambladas en *contigs*. Se realizaron búsquedas por homología con los *contigs* contra bases de datos del NCBI (nucleotídicas no redundante, 16S microbiana, y genomas secuenciados de lepidópteros; y proteica no redundante). Los resultados obtenidos fueron procesados con MEGAN (Huson et al., 2007), y los perfiles taxonómicos y funcionales fueron contrastados y verificados con herramientas desarrolladas a medida. Los *contigs* correspondientes al metatranscriptoma mostraron homología con los Dominios Bacteria y Eukarya, entre los cuales se identificaron microorganismos que estarían estableciendo relaciones simbióticas con el hospedador, y otros que provendrían del ambiente circundante. Por otra parte, el análisis del transcriptoma del hospedador reflejó los posibles efectos de *S. halepense* y de las condiciones ambientales sobre el perfil de expresión génica. En particular, se identificaron genes vinculados con detoxificación y otros relacionados con la protección de

la larva de los compuestos tóxicos producidos por las plantas, que estaban sobre-representados respecto de otros genes identificados. Entre estos se identificaron varios genes que podrían actuar como blancos para el control de esta plaga mediante el uso de ARN de interferencia (ARNi). En conclusión, este estudio ha permitido obtener una visión integral de los posibles efectos de esta fuente alternativa de alimentación (*S. halepense*) y de las condiciones ambientales, sobre el transcriptoma del intestino de la larva de *S. frugiperda*, su metatranscriptoma asociado, y las interacciones entre ambos.