

RESÚMENES

CYRTOMENUS BERGI: IDENTIFICACIÓN DE *BLASTOCRITHIDIA CYRTOMENI* SP. NOV. Y CARACTERIZACIÓN DE LA RESPUESTA INMUNE A MICROORGANISMOS

Ana Milena Caicedo Vallejo - 2009

Universidad del Valle, Facultad de Ciencias, Departamento de Biología

Correo electrónico: anamcaicedo@yahoo.com

Director: James Montoya Lerma, Universidad del Valle, Departamento de Biología

Cyrtomenus bergi, es una plaga polífaga que causa pérdidas económicas en Colombia y otros países neotropicales. Intentos para desarrollar programas de manejo integrado con entomopatógenos permitieron la evaluación de nematodos y hongos entomopatógenos sobre adultos, con los cuales se obtuvieron porcentajes de mortalidad inferiores al 30 y 50%, respectivamente, en un período entre 10 y 30 días.

El hallazgo de infecciones del 100 % con un flagelado no identificado, en glándulas salivares, tracto intestinal, tubos de Malphigi y hemolinfa, conllevaron a postular la posible vinculación de éste sobre la inmunología de adultos de *C. bergi* al generar una serie de sustancias para defenderse de los enemigos naturales y alcanzar un cierto grado de resistencia.

Con la caracterización morfológica del flagelado se estableció que pertenece a la familia Trypanosomatidae con epimastigotes como las formas predominantes con quistes adheridos al flagelo. La caracterización molecular con la amplificación positiva de los genes SL RNA y 5S rRNA, en todos los estados del insecto, incluyendo huevos, produjo una banda monomérica de 0.8 kb, el tamaño de las secuencias de 797-803 pb y con más del 98.5% de identidad, permitió determinar que se trataba de una sola especie de tripanosomátido. El análisis y comparación de las secuencias del SL con otros Trypanosomatidae mediante “neighbor-joining” permitió establecer que el tripanosomátido asociado a *C. bergi* era único y claramente distinto de otras especies como *Blastocrithidia triatomae* (59.2% identidad) y *B. leptocorodis* (55.8%). El análisis filogenético con el gen SSU rARN y su comparación con especies de clados conocidos filogenéticamente de Trypanosomatidae, permitió observar su asociación cercana a *B. triatomae*. Se puede concluir con base en la caracterización morfológica y molecular, que el tripanosomátido de *C. bergi* representa una nueva especie, asignada al género *Blastocrithidia* y nombrada como *B. cyrtomeni*. n. sp.

Se determinó la transmisión transovarial de una generación a otra que presentaba *B. cyrtomeni* en poblaciones de *C. bergi*, mediante la amplificación específica de los genes SL rARN y 5S rARN. Es la primera vez que se comprueba experimentalmente la transmisión transovarial de un tripanosomátido en un insecto hospedero.

Al considerar el tipo de alimentación de *C. bergi*, el daño causado en raíces y semillas de algunos cultivos y la presencia de *B. cyrtomeni* en glándulas salivares y hemolinfa se exploró su potencial asociación con las plantas. Se analizaron extendidos de savia de plántulas de maíz infestadas con adultos de *C. bergi* y se probaron los genes específicos SL y 5S rARN. Las observaciones de los extendidos de tallo de plántulas infestadas mostraron pequeñas células con cinetoplasto y núcleo. La amplificación de los genes SL rRNA y 5S rARN de las muestras evaluadas fue negativa.

Finalmente, se caracterizó de una manera general y empleando herramientas bioinformáticas, la respuesta inmune de adultos de *C. bergi* inoculado con microorganismos patógenos y no-patógenos a insectos con la técnica molecular SSH. Se analizaron 104 secuencias de EST y se clasificaron en ocho grupos de acuerdo a la

función putativa. Se destacó el hallazgo del probable péptido antimicrobial relacionado con el péptido hemiptericina aislado del Hemiptera *Pyrrhocoris apterus* en respuesta a bacterias.

Esta es la primera aproximación en la identificación de genes relacionados con la respuesta inmune de *C. bergi*, lo cual puede contribuir en un futuro a elucidar características evolutivas de la respuesta de insectos hemimetábolos y contribuir a un uso más eficiente de controladores biológicos. En síntesis los resultados permiten concluir que los genes de *C. bergi* se activan en defensa a la infección por microorganismos.
