

GMH

GENÉTICA MICROBIANA Y DE HONGOS

MICROBIAL AND FUNGAL GENETICS

GMH 1

SINGLE-STRANDED RNA MYCOVIRUSES MODULATE MULTITROPHIC INTERACTIONS IN THE SUGARCANE BORER-ROT COMPLEX

Gonçalves Soares I.F.¹, de Oliveira Henrique M.¹, Irigoin Becerra E.¹, Martins Magalhães D.², Simões Bento J.M.², de Castro Silva-Filho M.¹. ¹ Departamento de Genética, ESALQ-USP, Brasil, ² Departamento de Entomologia e Acarologia, ESALQ-USP, Brasil. filipeisraelgoncalves@gmail.com

The single-stranded RNA (ssRNA) mitovirus *Fusarium andiyazi* mitovirus 1 was isolated from *Colletotrichum falcatum*, the causal agent of red rot disease in sugarcane (*Saccharum officinarum* L.). The viral genome was identified through RNA extraction, endonuclease treatment, RNA sequencing, ORF prediction, and phylogenetic analysis based on the RNA-dependent RNA polymerase (RdRp) region, confirming its affiliation with the family Mitoviridae. This study evaluated the effects of the mycovirus on fungal physiology, volatile organic compound (VOC) emission, and fungus–insect interactions. Virus-free strains were obtained using cycloheximide treatment. Experiments were conducted in a completely randomized design with five to ten replicates to assess mycelial growth, sporulation, colony morphology, VOC emission, and the preference behavior of *Diatraea saccharalis* in dual-choice assays. Fungal isolates were cultivated on Potato Dextrose Agar and Czapek–Dox media supplemented with glucose or glycerol. The virus-infected isolate showed halo-shaped mycelial growth, stronger pink pigmentation, and increased growth after 48 h. Viral infection reduced sporulation in all treatments. In behavioral assays, *D. saccharalis* showed 80% preference for the virus-infected fungus. Additionally, the infected isolate produced higher levels of 6,10,14-Trimethyl-2-pentadecanone, Heptadecane, alpha-Acorenol, and 1-Octen-3-ol. Overall, infection by *Fusarium andiyazi* mitovirus 1 promotes physiological and VOC-emission changes in *C. falcatum*, influencing fungus–insect interactions in the sugarcane complex. Financing: Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP).

GMH 2

EFEITO DE INTERAÇÃO MULTITRÓFICAS NA MICROBIOTA INTESTINAL DA BROCA DA CANA-DE-AÇÚCAR

dos Santos Silva Salgado G.H.¹, de Oliveira Henrique M.¹, Auler P.A.¹, Sierra Martinez J.D.², da Silva F.H.², de Castro Silva-Filho M.¹. ¹ Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz – Universidade de São Paulo (ESALQ – USP), Brasil, ² Universidade Federal de São Carlos (UFSCar), Brasil. gabriel_salgado01@hotmail.com

A interação entre insetos herbívoros, fungos fitopatogênicos e micovírus pode alterar a microbiota intestinal e influenciar as relações ecológicas em sistemas agrícolas. Este estudo avaliou o efeito de *Colletotrichum falcatum*, *Fusarium verticillioides* e *F. verticillioides* + micovírus na microbiota intestinal de *Diatraea saccharalis* alimentada com cana-de-açúcar ou dieta artificial. Após sete dias, o microbioma intestinal foi caracterizado por sequenciamento Illumina utilizando marcadores de 16S rRNA e ITS. O tipo de alimentação influencia fortemente as comunidades microbianas, sendo a cana-de-açúcar associada a maior diversidade e estabilidade estrutural em comparação à dieta artificial. Na comunidade bacteriana, observou-se predominância de gêneros como *Pseudomonas*, *Roseomonas*, *Paenibacillus*, *Enterococcus*, *Pantoea* e *Bacillus*. A associação entre *F. verticillioides* + micovírus reduziu *Pseudomonas* e *Roseomonas* em insetos alimentados com cana e aumentou *Paenibacillus* em dieta artificial. Na microbiota fúngica, *Ilyonectria* apresentou alta abundância, enquanto *F. verticillioides* promoveu redução na diversidade e maior dominância de poucos táxons. As análises PERMANOVA indicaram diferenças significativas entre os tratamentos. Além disso, plantas inoculadas com *F. verticillioides* + micovírus apresentaram menor severidade das lesões em comparação com o tratamento sem micovírus. Os resultados demonstram que o micovírus modula as interações entre planta, fungo e inseto, influenciando a microbiota intestinal de *D. saccharalis* e a severidade da doença. Financiamento: Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) e a Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP).

GMH 3

EMORPHOLOGY AND EDNA METABARCODING REVEAL COMPLEMENTARY PHYTOPLANKTON PATTERNS IN TROPICAL FLOODPLAIN LAKES

Nabout J.¹, Pelegrineti Targueta C.¹, Tavares de Andrade A.¹,
Fernandes de Almeida M.¹, Cardoso Galli Vieira L.², Santos de
Jesus J.², Pires de Campos Telles M.³, Felizola Diniz-Filho J.A.³,
Nascimento Soares Soares T.³. ¹ Universidade Estadual de
Goiás, Brasil, ² Universidade de Brasília, Brasil, ³ Universidade
Federal de Goiás, Brasil, joao.nabout@ueg.br

Monitoring tropical freshwater biodiversity remains challenging due to the remoteness of floodplain systems and the shortage of trained taxonomists. We compared phytoplankton communities assessed by microscopy and environmental DNA metabarcoding in floodplain lakes of the Araguaia River basin (Central Brazil) to evaluate the performance of molecular and traditional approaches for biodiversity assessment. Water samples were analyzed using morphology-based identification and high-throughput sequencing of the 18S rRNA V4 region, with sequences clustered into Operational Taxonomic Units (OTUs). Morphological analyses identified 199 taxa, whereas metabarcoding recovered 2,275 OTUs and substantially expanded taxonomic detection. However, overlap between approaches at species and genus levels was low, and ordination analyses revealed limited spatial congruence between molecular and microscopy datasets (Procrustes = 0.39). Despite these discrepancies, environmental and spatial predictors significantly explained community variation detected by both methods, indicating that metabarcoding captured ecologically meaningful patterns comparable to traditional monitoring. Greater disagreement between methods occurred mainly in warmer lakes, suggesting environmental effects on DNA detectability or taxonomic resolution. Our results demonstrate that eDNA metabarcoding provides complementary information to morphology-based identification and represents a promising tool for large-scale biomonitoring of tropical freshwater biodiversity. Funding: Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq); Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Goiás (FAPEG); Araguaia Vivo; PPBIO Araguaia; PELD Araguaia; Cehidra Cerrado; Universidade Estadual de Goiás (UEG).

GMH 4

MEJORAMIENTO GENÉTICO DE SACCHAROMYCES CEREVISIAE PARA MAYOR EFICIENCIA FERMENTATIVA: ANÁLISIS DE PARÁMETROS GENÉTICOS CUANTITATIVOS EN DOS GENERACIONES

Martinez C.¹, Farías W.², Espinosa S.¹. ¹ Centro de Estudios
en Ciencia y Tecnología en Alimentos, Universidad de
Santiago de Chile (USACH), Santiago, Chile, ² Centro de
Estudios Avanzados en Zonas Áridas (CEAZA), Coquimbo,
Chile. claudio.martinez@usach.cl

La eficiencia de conversión de azúcares en etanol por *Saccharomyces cerevisiae* es relevante en industrias de destilados y producción de vinos a granel, donde maximizar el rendimiento impacta la productividad. Sus determinantes genéticos, de carácter poligénico, están poco caracterizados en cepas silvestres. Nosotros evaluamos la eficiencia en dos generaciones de un programa de mejoramiento intraespecífico, estimando parámetros cuantitativos. Se realizaron cruces de cepas silvestres diploides euploides por micromanipulación de ascosporas verificando molecularmente los híbridos resultantes en dos generaciones (F1 y F2). Estos híbridos y sus parentales fueron fermentados en mosto sintético (200 g/L, glucosa:fructosa 1:1, 25°C). Azúcares residuales y producción de etanol, glicerol y otros metabolitos se cuantificaron por HPLC. Cambios en rendimientos promedio entre generaciones fueron obtenidos, con cepas transgresivas positivas alcanzando un 91% de eficiencia. La heredabilidad (h^2) fue 0,51, inferior a glicerol ($h^2=0,85$) y ácido succínico ($h^2=0,97$). El consumo de fructosa mejoró en F2 (98,0% vs 95,8%; $p<0,001$), con 49% de cepas con fructosa residual ≈ 1 g/L (25% en F1). La tasa máxima fermentativa aumentó 20% en F2 ($p=0,002$). El programa logró avances en rendimiento, consumo de fructosa y cinética fermentativa, rasgos de alto valor para fermentaciones industriales. Interacciones genotipo-ambiente emergieron como relevantes para la selección de cepas con aplicación industrial. Financiado por Beca Doctorado ANID (21231455), Fondecyt 1250815 y Anillo Tecnológico ACT250038.

GMH 5

DETECCIÓN Y CARACTERIZACIÓN DEL VIRUS TURNIP YELLOWS (TUYV) DE LA COLZA EN URUGUAY

Delfino J.¹, Silva H.², Altieri A.¹, Cibils X.³, Ponce de León I.¹, Hoffman E.⁴, Francia C.³, Simón D.⁵, Agorio A.¹. ¹ Departamento de Biología Molecular, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable, Uruguay, ² Facultad de Agronomía, UdelaR, Estación Experimental Mario A. Cassinoni, Uruguay, ³ Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria, La Estanzuela, Uruguay, ⁴ Unicampo Uruguay, Uruguay, ⁵ Facultad de Ciencias, UdelaR, Uruguay. jimeedelfino@gmail.com

El Turnip Yellows Virus (TuYV) es uno de los principales patógenos del cultivo de colza (*Brassica napus*) a nivel mundial, una oleaginosa de gran importancia económica a nivel global y clave en la rotación invernal en Uruguay. La infección por TuYV afecta todos los componentes del rendimiento, pero suele pasar desapercibida ya que sus síntomas (amarillamiento, enanismo, enrojecimiento foliar y clorosis intervenal) son indistinguibles del estrés abiótico, lo que hace necesario el uso de herramientas de diagnóstico molecular para su detección. En 2023, nuestro grupo reportó por primera vez su presencia en Uruguay. Desde entonces, seguimos con el monitoreo del TuYV en el territorio utilizando RT-PCR y DAS-ELISA. Mediante un análisis filogenético de secuencias de fragmentos genómicos de TuYV identificados en Uruguay, en comparación con secuencias de TuYV de otras partes del mundo pudimos evidenciar una alta variabilidad genética del TuYV en Uruguay. Recientemente obtuvimos el primer genoma completo de un aislamiento uruguayo de TuYV mediante NGS, constituyendo un punto de partida para estudios genómicos más profundos. Actualmente, se trabaja en la obtención y análisis de genomas completos adicionales, con el objetivo de estudiar la diversidad genómica, la evolución viral y la dinámica poblacional del TuYV en Uruguay. Los resultados de este trabajo son relevantes para obtener información que ayude a establecer estrategias de manejo para evitar la propagación del virus y las pérdidas económicas que esto significaría para el país.

GMH 6

DETECCIÓN Y ESTUDIO GENÉTICO DE LOS PATÓGENOS CAUSANTES DEL ACHAPARRAMIENTO DEL MAÍZ EN EL LITORAL URUGUAYO

Altieri A.¹, Simón D.², Silva H.³, Cibils X.⁴, Ponce de León I.¹, Stewart S.⁴, Hoffman E.⁵, Torrico Ramallo A.K.⁶, Agorio A.¹. ¹ Departamento de Biología Molecular, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable, Montevideo, Uruguay, ² Facultad de Ciencias, UdelaR, Montevideo, Uruguay, ³ Facultad de Agronomía, UdelaR, Estación Experimental Mario A. Cassinoni, Paysandú, Uruguay, ⁴ Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria, La Estanzuela, Colonia, ⁵ Unicampo Uruguay SRL, Paysandú, Uruguay, ⁶ Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, Córdoba, Argentina. aaltieri@fcien.edu.uy

El achaparramiento del maíz es una enfermedad de alto impacto económico en América, causada por un complejo de patógenos transmitidos por la chicharrita *Dalbulus maidis* (vector): las bacterias *Spiroplasma kunkelii* y *Candidatus phytoplasma*, y los virus Maize rayado fino virus (MRFV) y Maize striate mosaic virus (MSMV); la co-infección con estos patógenos puede generar pérdidas de rendimiento en el cultivo de hasta 90%. En los últimos años, factores ambientales y de manejo habrían favorecido la expansión del vector y la enfermedad hacia el sur del continente (sur de Argentina y Brasil). En la campaña 2023-2024 se observaron por primera vez síntomas compatibles con la enfermedad en Uruguay y ese mismo año confirmamos la presencia de los cuatro patógenos en nuestro país. Analizamos muestras de nueve chacras del litoral uruguayo, detectando (mediante PCR) entre uno y cuatro patógenos por planta. *C. phytoplasma* fue el más prevalente, seguido por *S. kunkelii*, MSMV y MRFV. Análisis filogenéticos para los cuatro patógenos permitieron vincular los aislados uruguayos con aislados reportados en Brasil y Argentina. Recientemente, mediante NGS obtuvimos los primeros genomas completos de aislamientos uruguayos de MRFV. Nuestros resultados constituyen la primera evidencia del complejo y la primera caracterización genómica del MRFV en Uruguay, así como el análisis de diversidad viral intra- e inter-muestra, sentando las bases para estudios epidemiológicos y estrategias de manejo.

GMH 7

LONGITUDINAL GUT MICROBIOTA DYNAMICS AFTER ALLOGENEIC HEMATOPOIETIC STEM CELL TRANSPLANTATION IN AN ARGENTINE COHORT

Piñero T.A.¹, Odstrcil Bobillo M.S.², Osés L.L.², Yamamoto L.², Soto L.R.¹, Martínez von Scheidt M.A.², Vaccaro C.A.², Alberbide J.A.², Lohmann F.A.¹. ¹ Instituto de Medicina Traslacional e Ingeniería Biomédica (IMTIB), Argentina, ² Hospital Italiano de Buenos Aires (HIBA), Argentina. tamara.pinero@hospitalitaliano.org.ar

Allogeneic hematopoietic stem cell transplantation (allo-HSCT) is a curative strategy for hematological diseases; however, graft-versus-host disease (GVHD) and infections remain major causes of mortality. The gut microbiota plays a key role in immune homeostasis and post-transplant recovery, although its dynamics remain poorly characterized in Latin American populations. This study evaluated gut microbiota changes in Argentine allo-HSCT patients to identify microbial biomarkers with prognostic potential. A prospective cohort of 24 adult allo-HSCT recipients and healthy controls was analyzed. Fecal samples collected at days 0, +15, and +100 post-transplant underwent 16S rRNA V4 sequencing. Alpha and beta diversity analyses, PERMANOVA, and multivariate models integrating clinical and dietary variables were performed. Alpha diversity significantly decreased at day +15 post-transplant (Shannon $p=0.0057$; Simpson $p=0.017$), followed by partial recovery at day +100. Beta diversity analyses revealed significant temporal restructuring of the intestinal ecosystem (PERMANOVA $p=0.001$). Taxonomic analyses identified shifts in *Blautia*, *Roseburia*, *Faecalibacterium*, *Enterococcus*, and *Staphylococcus*. *Blautia* stability was associated with favorable prognosis, whereas *Enterococcus* expansion correlated with adverse outcomes. By day +100, patients still exhibited dysbiosis, characterized by *Enterococcus* enrichment and depletion of beneficial butyrate-producing genera. These findings identify the gut microbiota as a potential prognostic biomarker and therapeutic target after allo-HSCT.

GMH 8

ANÁLISIS DE LA MICROBIOTA BACTERIANA GASTROINTESTINAL DE LA COMADREJA OVERA *DIDELPHIS POECILOTIS* A. WAGNER, 1842 (*DIDELPHIMORPHIA*, *DIDELPHIDAE*)

Calleros L.¹, Barcellos M.¹, Grecco S.¹, Escardó J.¹, Lundberg F.¹, Casas L.², Pérez R.¹, Panzera Y.¹. ¹ Facultad de Ciencias, Universidad de la República, Uruguay, ² Sociedad para la Conservación de la Biodiversidad de Maldonado (SOCOBIOMA), Uruguay. calleros@fcien.edu.uy

La comadreja overa (*Didelphis poecilotis*) es el único marsupial nativo de Uruguay. Tiene una amplia distribución en América del Sur, y gran adaptabilidad a entornos urbanos. Caracterizar la microbiota de animales silvestres es fundamental para identificar posibles disbiosis y vigilar la presencia de agentes patógenos. Se analizaron 29 muestras de hisopados cloacales de individuos sanos de Montevideo, Canelones y Maldonado (Uruguay), mediante secuenciación de la región V3–V4 del gen del ARNr 16S. Los phyla más abundantes en promedio son Bacillota, Bacteroidota, Fusobacteriota y Pseudomonadota. Los géneros más abundantes son *Fusobacterium*, *Bacteroides*, *Porphyromonas*, *Rikenellaceae* RC9 gut group y *Akkermansia*. Estos taxa son frecuentemente encontrados en la microbiota gastrointestinal de humanos y otros mamíferos. Este trabajo constituye el primer estudio de la microbiota gastrointestinal en *D. poecilotis*. Un estudio de la microbiota en las especies *Didelphis aurita* y *Didelphis albiventris* detectó la presencia de especies patógenas de bacterias y virus. En nuestro trabajo no encontramos la presencia de esas especies en la microbiota gastrointestinal de *D. poecilotis*, aunque hay algunos indicios. Por ejemplo, la detección aislada del patógeno *Campylobacter jejuni* en un individuo, junto a especies comensales del mismo género (*C. upsaliensis* y *C. ureolyticus*), refuerza la necesidad de mantener la vigilancia bajo el enfoque de Una salud, considerando el rol ecológico de este marsupial y su estrecho contacto con humanos, animales domésticos y otra fauna silvestre.

GMH 9

ANÁLISIS TAXONÓMICO Y FUNCIONAL DE LA MICROBIOTA VAGINAL BOVINA Y SU ROL EN LA PREÑEZ

Barcellos M.¹, Grecco S.¹, Cavalcante J.V.², Dalmolin R.², Pérez R.¹, Lozano J.¹, Gastal G.³, Urioste V.³, Garzón J.P.⁴, Calleros L.¹. ¹ Facultad de Ciencias, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay, ² Centro Multiusuario de Bioinformática, BioME-IMD, Universidade Federal do Rio Grande do Norte, Natal, Brasil, ³ Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria, Estación Experimental INIA La Estanzuela, Colonia, Uruguay, ⁴ Instituto Nacional de Investigaciones Agropecuarias, Estación Experimental del Austro, INIAP-EEA, Azuay, Ecuador. mbarcellos@fcien.edu.uy

La salud reproductiva bovina está influenciada por múltiples factores, entre ellos la microbiota genital, un campo de creciente interés. En este estudio se analizó la composición taxonómica y funcional de la microbiota cérvico-vaginal en vaquillonas clínicamente sanas durante el estro, comparando casos de preñez y no preñez. Se generaron 24 bibliotecas y se secuenciaron en un equipo MiSeq (Illumina). El procesamiento se realizó con Nextflow mediante el pipeline Euryale; la asignación taxonómica se efectuó con Kraken2 y la anotación funcional con HUMAnN 3. Los análisis estadísticos se analizaron en R con vegan y lefser. Los phyla bacterianos predominantes fueron Actinomycetota, Bacillota, Pseudomonadota y Bacteroidota. Entre las especies más abundantes se identificaron *Actinoalloteichus* sp., *Vibrio furnissii*, *Staphylococcus aureus*, *Pedobacter* sp., *Rhizophagus irregularis*, *Turneriella parva*, *Trichomonas vaginalis* y *Buchnera aphidicola*. No se observaron diferencias significativas en diversidad alfa ni beta entre los grupos de animales.