

**FILOGENIA DE AISLAMIENTOS ENTOMOPATÓGENOS DE *ISARIA* SPP.  
(Ascomycota: Hypocreales) PROVENIENTES DE ARGENTINA Y BRASIL**

D'Alessandro Celeste P.<sup>1</sup>, Jones Leandro R.<sup>2</sup>, López Lastra Claudia C.<sup>1</sup> y Sosa-Gómez Daniel R.<sup>3</sup>

<sup>1</sup> Centro de Estudios Parasitológicos y de Vectores (CEPAVE) (CONICET-UNLP). Calle 2 N° 584, CP 1900, La Plata, Buenos Aires, Argentina. <sup>2</sup> División de Biología molecular, Estación de Fotobiología de Playa Unión, CC15, CP 9103 Rawson, Chubut, Argentina. <sup>3</sup> Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa Soja). Rod. Carlos Joao Strass, Distrito Warta, Londrina, PR, Brasil.  
Correo electrónico: celed1881@yahoo.com.ar

Palabras Claves: *Isaria* spp., filogenia, EF1- $\alpha$ , ITS1-5,8S-ITS2.

Los hongos entomopatógenos del género *Isaria* (Ascomycota: Hypocreales) son agentes de control natural de insectos plaga. La clasificación de sus especies generalmente se realiza por descripción de las características morfológicas, sin embargo, debido al carácter pleomórfico de algunas especies, su identificación se torna difícil. Actualmente, existen técnicas moleculares que permiten estudiar la variabilidad genética y establecer relaciones filogenéticas entre aislamientos fúngicos, como por ejemplo el secuenciamiento de las regiones espaciadoras intergénicas (ITS1-5,8S-ITS2) y el factor de elongación 1 alfa (EF1- $\alpha$ ).

En este trabajo investigamos las relaciones filogenéticas de 20 aislamientos de *Isaria* provenientes de Argentina y Brasil, con 51 especies fúngicas de la familia *Clavicipitaceae*, *Cordycipitaceae* y *Ophiocordycipitaceae*. La metodología consistió en la amplificación y el secuenciamiento de un fragmento de 1100pb correspondiendo a EF1- $\alpha$  y de un fragmento de 600pb correspondiente a ITS1-5,8S-ITS2. Las secuencias nucleotídicas de EF1- $\alpha$  fueron alineadas con el programa Clustal X y las secuencias de ITS1-5,8S-ITS2 con el programa Mafft. Los análisis de máxima parsimonia fueron realizados con el programa TNT y los árboles filogenéticos editados con el programa Dendroscope.

Los resultados indicaron que el género *Isaria* es polifilético y que se encuentra ubicado taxonómicamente dentro de la Familia *Cordycipitaceae*. Los aislamientos de *I. fumosorosea*, *I. farinosa* e *I. tenuipes* formaron tres clados fuertemente soportados y cercanamente emparentados con las especies de *Beauveria*, *Lecanicillium* y *Simplicillium*. Asimismo, se establecieron relaciones filogenéticas entre los estados anamórficos *Isaria*, *Beauveria* y *Lecanicillium* con los estados teleomórficos *Cordyceps* y *Torrubiella*. Por lo tanto, se puede concluir que los genes nucleares (EF1- $\alpha$  y ITS1-5,8S-ITS2) son una excelente herramienta para confirmar la identificación de los aislamientos fúngicos y establecer relaciones filogenéticas entre especies de hongos entomopatógenos.