

Estría Bacteriana de Trigo causada por *Xanthomonas translucens*: herramientas para control y caracterización de poblaciones en Uruguay

Clavijo, F.¹; Pianzola, M. J.¹; Pereyra, S.²; Siri, M. I.¹

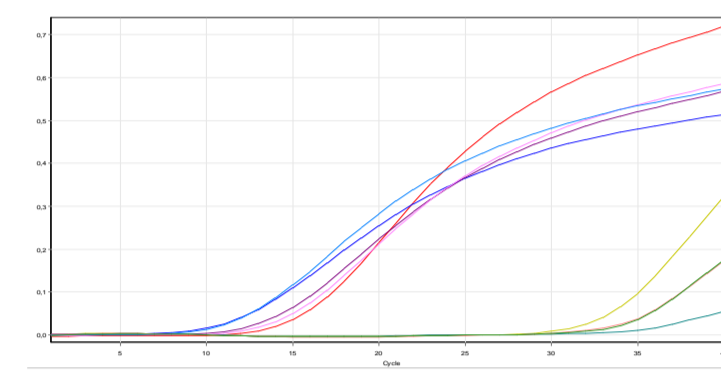
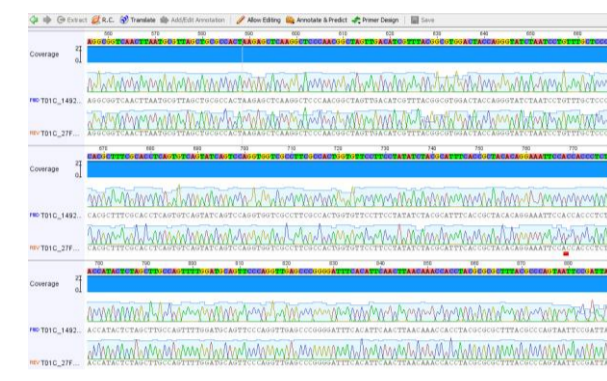
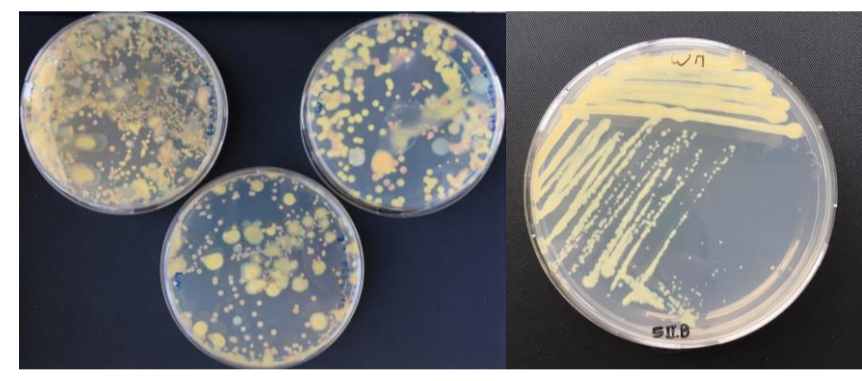
1. Área de Microbiología, Departamento de Biociencias, Facultad de Química, Udelar
 2. INIA-La Estanzuela

INTRODUCCION

El trigo es uno de los dos cultivos de invierno, junto con cebada, de mayor importancia en Uruguay, con 200,000 has cultivadas en 2018. *Xanthomonas translucens* es la causante de la principal enfermedad de origen bacteriano que afecta cultivos de trigo: la estría bacteriana (BLS). Ha ocupado un papel secundario en comparación con otras enfermedades causadas por hongos, sin embargo, en los últimos años se ha observado un aumento progresivo en su incidencia tanto en Uruguay como a nivel mundial. Las pérdidas en rendimiento de los cultivos rondan el 10% y llegan hasta un 40% en los brotes más severos. Dado que en Uruguay no existen antecedentes de investigación en esta problemática resulta esencial generar conocimiento sobre las poblaciones presentes para luego desarrollar e implementar medidas de control eficientes.

RESULTADOS

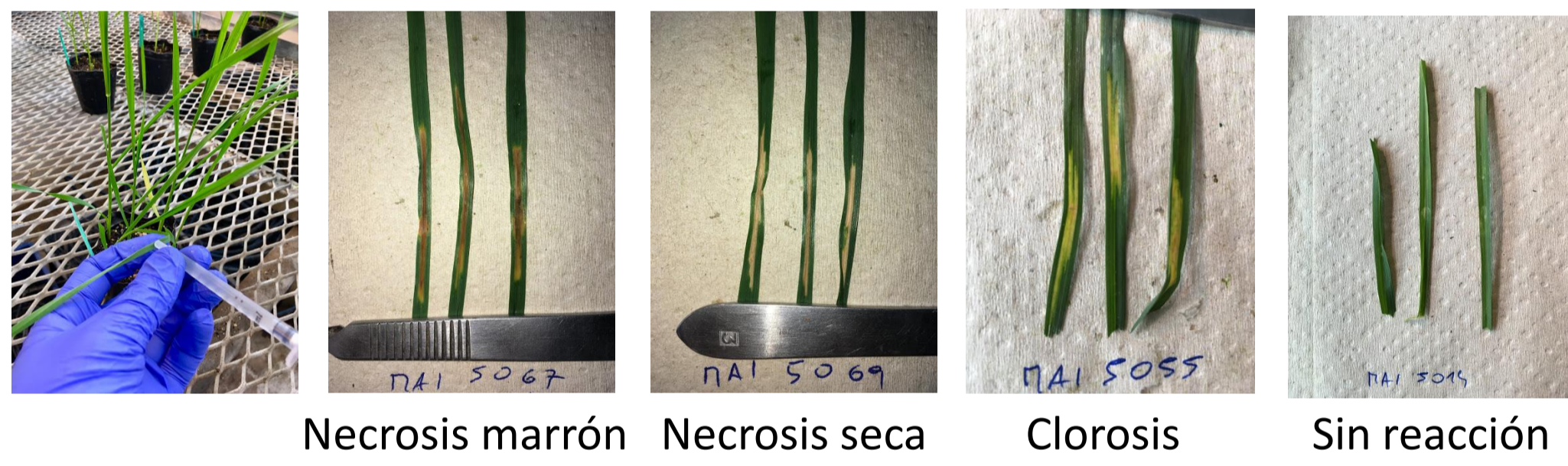
En noviembre de 2018 se muestrearon 30 chacras, obteniéndose muestras en los departamentos de Colonia, Soriano, Río Negro, Flores y San José. Estas muestras fueron de 7 distintas variedades de trigo: Algarrobo, Baguette 11, Curupay, Fuste, Génesis 6.28, Génesis 2375 y Génesis 2438. Se trabajó también con muestras de hojas colectadas a partir de un muestreo realizado en octubre de 2017, provenientes de 4 chacras del departamento de Colonia



Se aislaron 76 cepas putativas de *Xanthomonas* sp. de 22 de las 34 chacras evaluadas

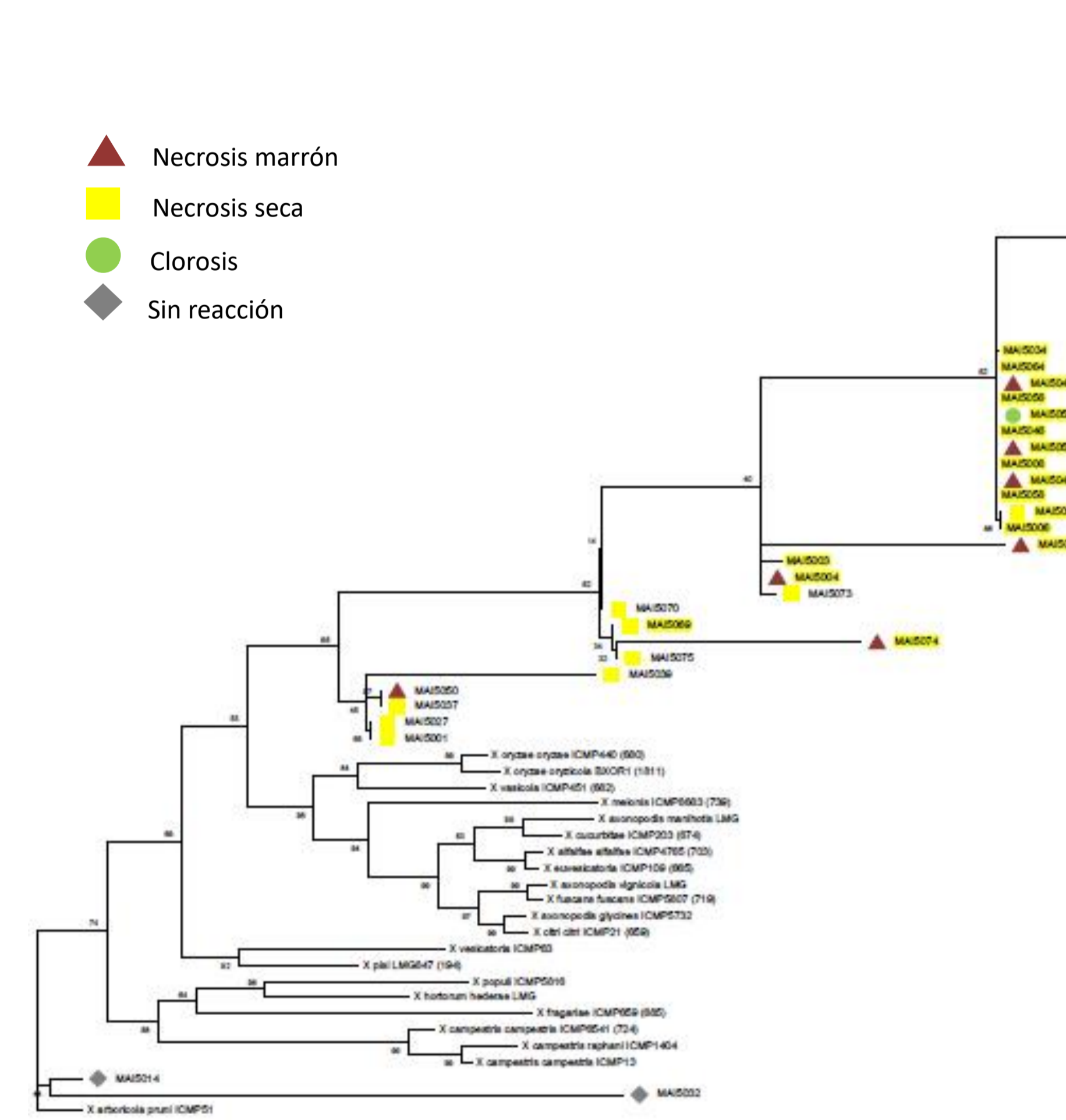
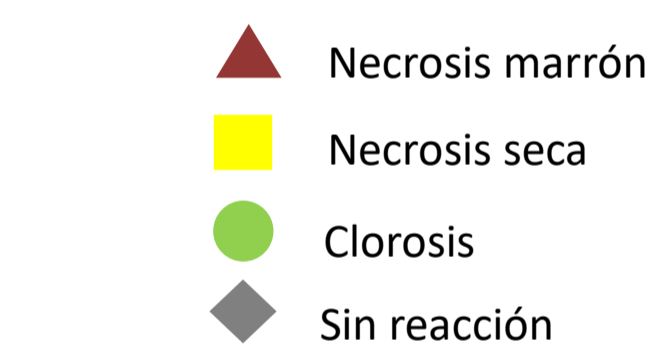
En una primera etapa, se realizó identificación por secuenciación de la región 16S rRNA y las cepas se identificaron como *Xanthomonas* sp.

Se utilizó una estrategia de identificación por qPCR utilizando los primers T1/T2 específicos para la especie. La identificación fue positiva para 36 de las 76 cepas.



Necrosis marrón Necrosis seca Clorosis Sin reacción

Se seleccionaron 28 cepas según su origen y los resultados de identificación por qPCR. Se observaron diferentes síntomas entre las cepas evaluadas: 14 cepas causaron **necrosis marrón** al igual que la cepa control. 9 cepas causaron **necrosis seca** no característica. 2 cepas causaron **clorosis**. 3 cepas resultaron no patogénicas.



Árbol filogenético construido por método de Maximum Likelihood, bootstrap = 500.

Se realizó MLSA para las cepas evaluadas en el ensayo de patogenicidad, y el resto de las cepas positivas para qPCR con primers específicos T1/T2

15 cepas se alinean con *Xanthomonas translucens* pv. *undulosa*, el principal patovar de la especie causante de estría bacteriana de trigo

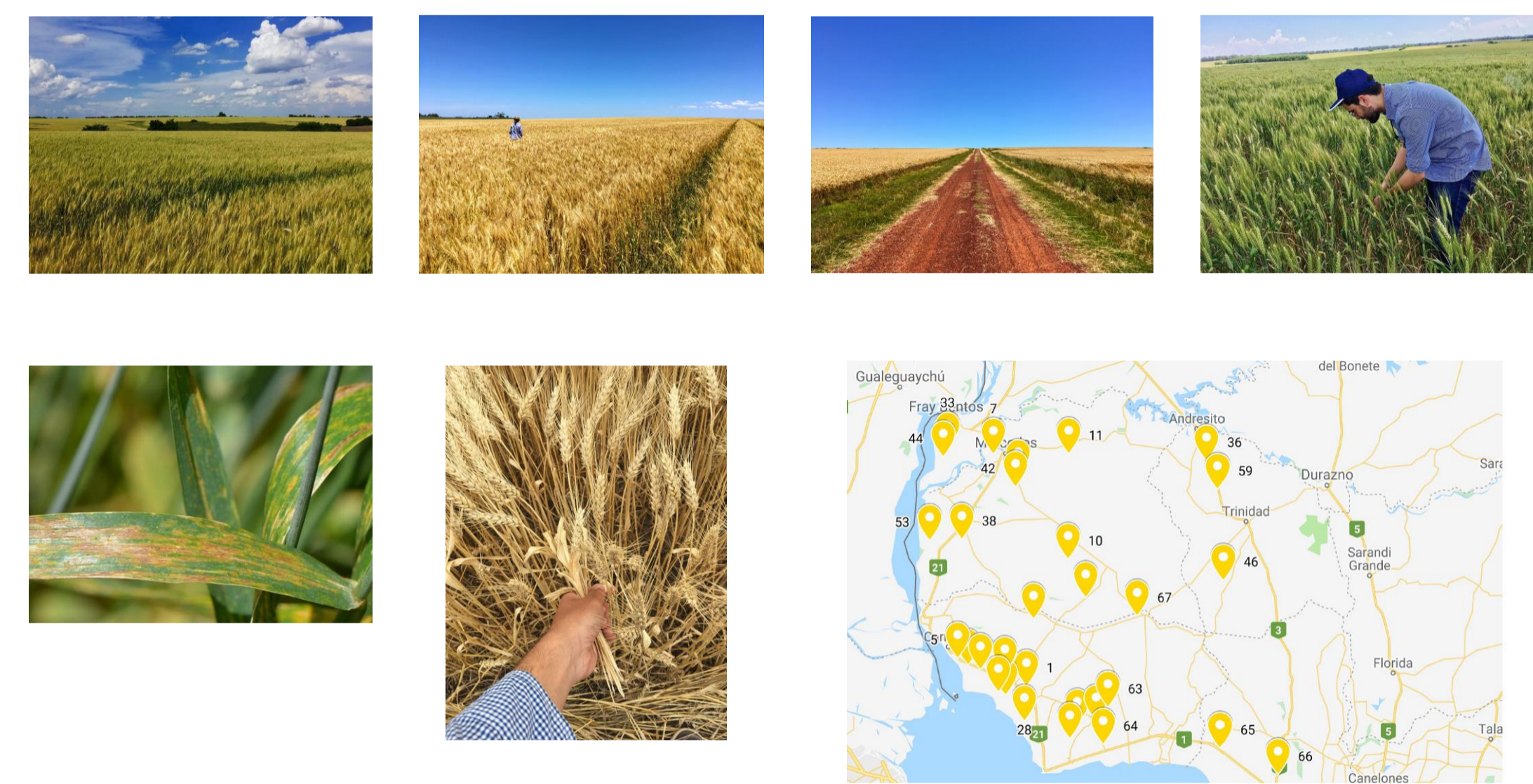
Se observa gran diversidad en la colección

OBJETIVOS

1. Caracterizar las poblaciones de *X. translucens* que afectan los cultivos de trigo en Uruguay.
2. Determinar patogenicidad en condiciones de invernáculo sobre una variedad de trigo susceptible a BLS

METODOLOGIA

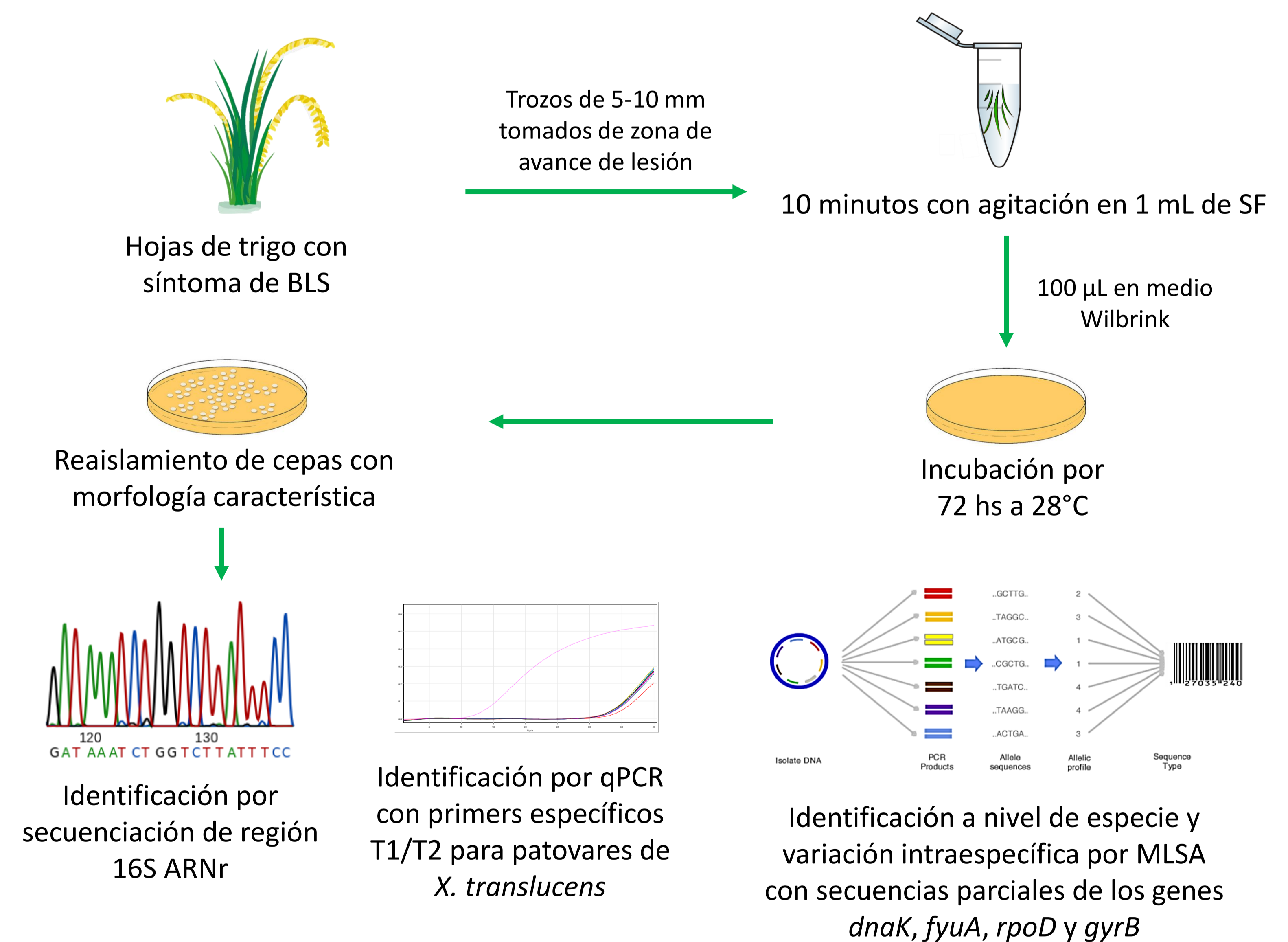
1 Recolección de muestras



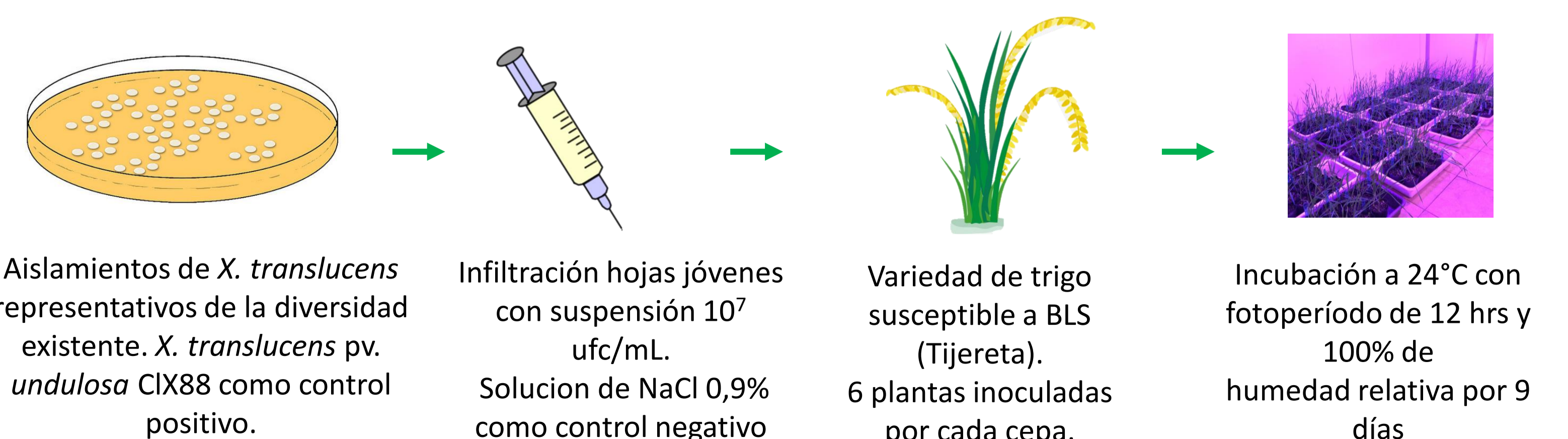
Muestreo de chacras de trigo en Uruguay, seleccionando 20 puntos georreferenciados en cada chacra y tomando 20 hojas por punto.

Se seleccionan chacras en las que se haya reportado síntoma de BLS por los productores, la variedad de trigo cultivada y la localización de la chacra, tratando de tener muestras que abarquen una amplia región del territorio y de las distintas variedades de trigo cultivadas en el país.

2 Aislamiento e identificación del patógeno



3 Evaluación de patogenicidad



CONCLUSIONES

- Se obtuvo una colección de 76 cepas de *Xanthomonas* sp. a partir de muestras recolectadas en 2017 y 2018.
- Se identificaron 15 cepas como *X. translucens* pv. *undulosa*.
- Se identificaron cepas de *Xanthomonas* sp. que generan síntomas típicos de *X. translucens* pv. *undulosa* pero no pertenecen a ninguno de los patovares reportados para la especie.
- Se aislaron cepas de *Xanthomonas* sp. que generan síntomas atípicos en trigo.

PERSPECTIVAS

- Se realizará un nuevo muestreo en octubre de 2019 tratando de abarcar chacras al norte del Río Negro
- Se aislarán y caracterizarán nuevas cepas.
- Se realizarán ensayos de agresividad a nivel de invernadero con cepas representativas de la diversidad existente en la colección y variedades de trigo con reacción diferencial a BLS
- Se desarrollará un método molecular por qPCR para diagnóstico y cuantificación del patógeno en semilla.

REFERENCIAS

Curland, Rebecca D, Liangliang Gao, Carolee T Bull, Boris A Vinatzer, Ruth Dill-macky, Leon Van Eck, y Carol A Ishimaru. 2018. «Genetic Diversity and Virulence of Wheat and Barley Strains of *Xanthomonas translucens* from the Upper Midwestern United States» 108 (4): 443-53. <https://doi.org/10.1094/PHYTO-08-17-0271-R>.
 Maes, M. 1996. «Recognition and Detection in Seed of the *Xanthomonas* Pathogens That Cause Cereal Leaf Streak Using rDNA Spacer Sequences and Polymerase Chain Reaction». *Phytopathology* 86 (1): 63. <https://doi.org/10.1094/Phyto-86-63>.

AGRADECIMIENTOS



FACULTAD DE CIENCIAS
 UDELAR | fcien.edu.uy



AGENCIA NACIONAL DE INVESTIGACIÓN E INNOVACIÓN



COMISIÓN SECTORIAL DE INVESTIGACIÓN CIENTÍFICA