

Variabilidad genética de la roya del eucalipto

Sofía Simeto¹; Diego Torres-Dini¹; Carlos Pérez²; Nora Altier¹; Lina Bettucci³

Durante las últimas dos décadas, el sector forestal uruguayo ha tenido un crecimiento exponencial y ha estado principalmente orientado a la producción de pulpa de celulosa y madera aserrada. En este contexto, los problemas sanitarios se presentan como una fuerte amenaza a la productividad de las casi 680.000 ha de *Eucalyptus*, el género más plantado. *Puccinia psidii* es el agente causal de la enfermedad conocida como “roya del eucalipto”. Este patógeno es nativo de América del Sur y América Central y fue descrito por primera vez sobre *Psidium guajava* en Brasil en 1884. Desde entonces ha sido reportado en un amplio rango de hospederos dentro de la familia de las mirtáceas. Es considerada una seria amenaza para *Eucalyptus* ya que causa daños severos en árboles jóvenes. En Uruguay, la enfermedad ha sido encontrada en *Eucalyptus globulus*, *E. grandis* y mirtáceas nativas. En lo que refiere al manejo de enfermedades forestales, el uso de genotipos resistentes es considerado la estrategia más apropiada. A su vez, la inoculación artificial del patógeno bajo condiciones controladas resulta una excelente herramienta para la evaluación de la resistencia. Para poder obtener resultados confiables la misma debe realizarse teniendo en cuenta la variabilidad de la población del patógeno existente en la naturaleza. Si bien hay antecedentes de la existencia de variabilidad en las poblaciones de *P. psidii*, no se ha determinado aún su situación en Uruguay. El principal objetivo de este estudio es analizar la variabilidad genética de *P. psidii* en Uruguay con el propósito de poder asistir a los programas de mejoramiento en la selección temprana de germoplasma resistente. Para ello, es necesario conocer los diferentes genotipos del patógeno presentes en el país y determinar si éstos se corresponden con distintos fenotipos en cuanto a su virulencia. En el marco de este estudio, se realizaron colectas de *P. psidii* de diferentes hospederos en distintos puntos del país. Se efectuaron análisis filogenéticos basados en la región ITS (Internal Transcribed Spacer) e IGS (Inter Genic Spacer) del ADN ribosomal y a través del uso de microsatélites (Simple Sequence Repeat) reportados para este patógeno. Los resultados preliminares muestran muy baja variabilidad en la región ITS y bajos niveles de polimorfismo en los SSR. En algunos casos, los rangos de tamaño de los SSR difieren con los reportados en la bibliografía para otros países, revelando la existencia de nuevos alelos e indicando probables diferencias entre las poblaciones de *P. psidii* de estos estudios. El análisis de la región IGS muestra cierto grado de variabilidad, separando cepas colectadas de diferentes hospederos (*E. globulus* y *Psidium guajava*). Esta información debe ser contrastada con resultados de agresividad obtenidos de las inoculaciones. A su vez, es necesario aumentar el número de colectas en diferentes mirtáceas nativas dado que las mismas podrían aportar mayor variabilidad debido a la co-evolución de un patógeno nativo con hospederos nativos, en relación a hospederos introducidos como son las especies de *Eucalyptus*. La correcta caracterización de la población de *P. psidii* presente en nuestro país, resultará un insumo imprescindible para el manejo de la enfermedad a través de la identificación y uso de genotipos de *Eucalyptus* spp. resistentes a la misma, máxime en una tendencia actual hacia la producción clonal de híbridos.

¹ Programa Nacional de Investigación en Producción Forestal. INIA Tacuarembó.

² Departamento de Protección Vegetal, EEMAC, Facultad de Agronomía, UdelaR, Paysandú

³ Laboratorio de Micología, Facultad de Ciencias/Ingeniería, UdelaR, Montevideo.