

Identificación de razas de *Xanthomonas* spp. causantes de la “Mancha Bacteriana” del tomate en Uruguay

Montelongo, M. J.¹; González, P.¹; Maeso, D.²

¹Universidad de la República, Facultad de Agronomía. Montevideo, Uruguay.

²Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria (INIA), Uruguay.

masejoni@fagro.edu.uy

En Uruguay anualmente se plantan 1000 ha de tomate, 80% a campo y el 35% de la producción se destina a la industria. Una de las enfermedades más importantes en el cultivo a campo es la mancha bacteriana, causada por bacterias del género *Xanthomonas*. Cuatro especies de *Xanthomonas* causan esta enfermedad: *X. euvesicatoria*, *X. vesicatoria*, *X. perforans* y *X. gardneri* y se han definido cinco razas (T1, T2, T3, T4 y T5) de acuerdo a su relación patogénica con determinadas plantas indicadoras. La raza T1 corresponde a *X. euvesicatoria*; T2 a *X. vesicatoria* y *X. gardneri* y las razas T3, T4 y T5 corresponden a *X. perforans*. El Programa Nacional de Investigación en Producción Hortícola de INIA, busca desarrollar cultivares locales con cierto grado de resistencia durable a esta enfermedad, para lo cual es necesario conocer las características de las *Xanthomonas* spp. presentes en el país. El objetivo del presente trabajo fue identificar las razas de *Xanthomonas* spp. que causan la “Mancha Bacteriana” del tomate en Uruguay. Durante 2007-2010 se obtuvieron 86 aislamientos de *Xanthomonas* spp. a partir de muestras de tomate con síntomas de la enfermedad, provenientes de las principales zonas de producción del país (Canelones, Colonia, Montevideo, San José, Salto). Se inocularon por infiltración de suspensión bacteriana (5×10^8 ufc.ml⁻¹) plantas indicadoras de *Solanum lycopersicum* (Bonny Best, Hawaii 7998, Florida 216), *Solanum pennellii* y *S. pennellii* x Hawaii 7998. Se determinaron las razas según la combinación de los resultados en las distintas indicadoras (reacción de hipersensibilidad o sensibilidad). De acuerdo a este relevamiento, las razas más frecuentes en tomate en Uruguay corresponden a T3 (48%) y T1 (28), similar a lo que ocurre en Estados Unidos y Brasil. No se encontró relación entre zona de origen de los aislamientos con las razas.