



**VII JORNADA URUGUAYA DE  
FITOPATOLOGÍA Y  
V JORNADA URUGUAYA DE  
PROTECCIÓN VEGETAL**



**DE LA  
SOCIEDAD URUGUAYA DE  
FITOPATOLOGÍA -  
SUFIT**



[www.sufit.org.uy](http://www.sufit.org.uy)

**10 DE NOVIEMBRE 2023**



# PRESENTACIONES ORALES

## O2 Desafíos en el cultivo de trigo en Uruguay: análisis genómico y métodos de diagnóstico para enfrentar enfermedades bacterianas

Clavijo, F.<sup>1</sup>; Pontet, V.<sup>1</sup>; Tourné, F.<sup>1</sup>; Pereyra, S.<sup>2</sup>; Siri, M. I.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratorio de Microbiología Molecular, Departamento de Biociencias, Facultad de Química, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay; <sup>2</sup> Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria (INIA), Programa Sistema Agrícola-Ganadero, INIA La Estanzuela, Colonia, Uruguay  
e-mail: [fclavijo@fq.edu.uy](mailto:fclavijo@fq.edu.uy)

El trigo es el principal cultivo de invierno en Uruguay. Las enfermedades bacterianas causadas por cepas del género *Xanthomonas* representan un desafío significativo tanto a nivel nacional como global para su producción. En este trabajo, hemos adoptado un enfoque genómico para el estudio de dos patógenos ampliamente distribuidos en Uruguay: *Xanthomonas translucens* pv. *undulosa* (Xtu) y *Xanthomonas prunicola* (Xp). Xtu es el agente causal de la estría bacteriana, la enfermedad bacteriana más limitante para la producción de trigo en todo el mundo. Por otro lado, Xp emerge como un patógeno de trigo de creciente prevalencia en Uruguay, con escasos antecedentes de investigación. A partir de genomas de cepas de ambas especies obtenidos por nuestro grupo, se llevó a cabo un análisis genómico comparativo para identificar sistemas de secreción, efectores y enzimas potencialmente involucrados en la virulencia de estas especies. Asimismo, se aprovecharon las secuencias genómicas para desarrollar métodos específicos de diagnóstico y cuantificación para cada una de estas especies. Para lograrlo, se desarrollaron métodos de detección basados qPCR con sondas fluorescentes, enfocados en identificar regiones específicas presentes únicamente en cada especie, a partir de las cuales se diseñaron primers y sondas específicas. Durante la validación, estos métodos han demostrado una alta especificidad, permitiendo la diferenciación exitosa de las cepas objetivo de otras asociadas al trigo. Además, se evaluó la sensibilidad de detección y se analizó la posible interferencia de la matriz de ADN presente en las hojas de trigo, lo que destacó la robustez de estos métodos. En resumen, este trabajo no solo ha resultado en el desarrollo de herramientas valiosas de diagnóstico para Xtu, un patógeno globalmente relevante en el cultivo de trigo, sino que también ha brindado un método pionero para detectar Xp, lo cual es importante en el contexto de una amenaza emergente en la agricultura.

Financiamiento: Agencia Nacional de Investigación e Innovación (FCE\_1\_2017\_1\_135561), Comisión Sectorial de Investigación Científica (CSIC Grupos I+D\_2000), Comisión Académica de Posgrado (Beca de Doctorado 2021-2024),