

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



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

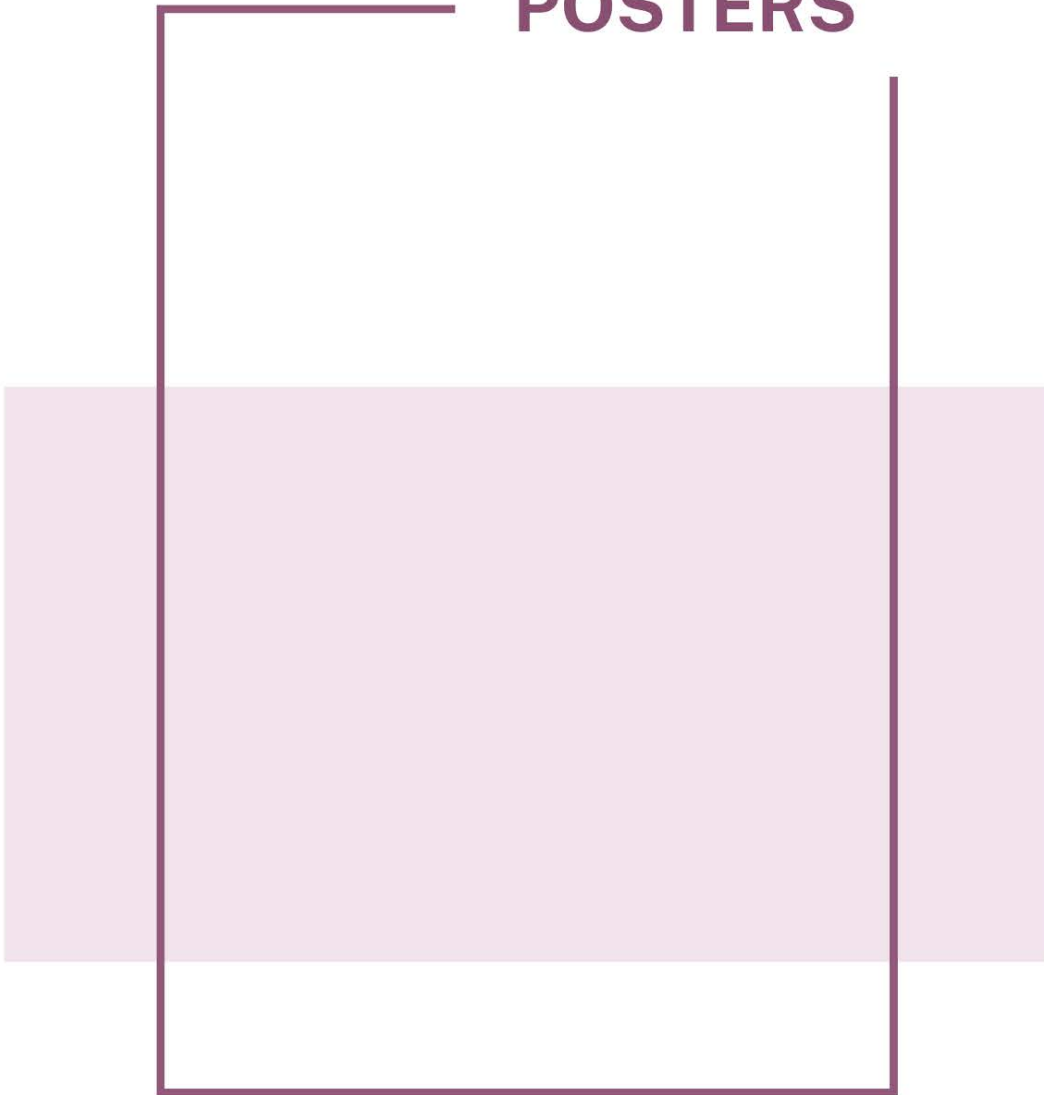


www.sufit.org.uy

10 DE NOVIEMBRE 2023



POSTERS



P40 Identificación y caracterización de especies de *Stemphylium* causantes de la mancha gris de la hoja del tomate en Uruguay

Ana Clara González¹, Leticia Rubio², Eilyn Mena¹, Leonardo Delgado-Cerrone¹, Ana Arruabarrena², Matías González-Arcos², Inés Ponce de León¹.

¹ Departamento de Biología Molecular, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable, Montevideo, Uruguay;

² Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria (INIA), INIA Salto Grande, Salto, Uruguay

e-mail: anaclgonzalez92@gmail.com

El tomate (*Solanum lycopersicum* L.) es un cultivo relevante a nivel mundial y es el segundo hortícola más importante en Uruguay. Hongos del género *Stemphylium*, causan la mancha gris de la hoja del tomate, una enfermedad destructiva responsable de grandes pérdidas de producción en variedades susceptibles. A partir de esto, como objetivo inicial planteamos identificar las especies de *Stemphylium* asociadas con la mancha gris de la hoja del tomate en Uruguay y evaluar la diversidad genética y agresividad de los aislados. Se evaluaron 36 aislados provenientes de hojas de tomate con síntomas de diferentes departamentos del país, incluyendo Salto, Artigas, Montevideo y Canelones. Mediante la amplificación de la región espaciadora del transcrito interno (ITS) y de la gliceraldehido-3-fosfato deshidrogenasa (gpd) y posterior secuenciación y comparación con secuencias de diferentes *Stemphylium* depositadas en el NCBI, pudimos determinar que tres aislados corresponden a *S. vesicarium* y los restantes 33 a la especie *S. lycopersici*, resultando ser la predominante en Uruguay. A su vez, realizamos amplificaciones con marcadores ISSRs (*inter simple sequence repeat*) para evaluar la diversidad genética de los 33 aislados de *S. lycopersici*, obteniendo un dendograma que separa los aislados en tres grupos. Se realizó una caracterización morfológica de los aislados y se analizó la velocidad de crecimiento, obteniéndose una gran diversidad dentro de *S. lycopersici* con diferentes coloraciones de las colonias, desde negro o gris oscuro a amarillo o blanco. Los tres aislados de *S. vesicarium* fueron similares en aspecto, presentando un color gris oliva con micelio aterciopelado. También se encontraron diferencias en la velocidad de crecimiento de los aislados, desde 2.11 cm a 3.6 cm de halo de crecimiento a los siete días. Mediante un análisis microscópico de los conidios producidos por cada aislado, observamos diferencias morfológicas entre ambas especies, siendo los conidios de *S. lycopersici* más finos y alargados, mientras que los de *S. vesicarium* son más compactos. A su vez, se pusieron a punto los ensayos de infección en planta y en hoja desprendida. En los ensayos en hojas desprendidas de variedades susceptibles, se calculó el área con síntomas utilizando hongos representativos de los tres grupos del dendograma. Los resultados mostraron que los aislados UYSLS28, UYSLS29 y UYSLS32 de *S. lycopersici* fueron los más virulentos, mientras que UYSLS20 fue significativamente el menos virulento. Los aislados muy virulentos y el aislado menos virulento pertenecen a grupos diferentes y se encuentran distantes en el dendograma. Además, los aislados más virulentos presentaron el crecimiento más rápido en medio PDA. De los ensayos de infección se tomaron muestras de hojas a distintos tiempos (días post inoculación; dpi), que fueron teñidas con solofenil para ver las esporas y las hifas del hongo, y con yoduro de propidio para visualizar la estructura celular de la planta. Logramos observar la germinación de las esporas a 1 dpi, el crecimiento de las hifas iniciales a 2 dpi y su ingreso por estomas a 3 dpi. Incluso, a los 5 dpi pudimos observar el engrosamiento de la pared celular, característico de la respuesta de defensa de la planta. En estos ensayos se observó que el micelio del aislado UYSLS32 colonizó más rápido el tejido de la planta que el del UYSLS20, lo cual se correlacionó con su nivel de virulencia. Por último, se evaluará la expresión de genes de *S. lycopersici* relacionadas con la patogenicidad durante la infección de hojas de tomate mediante qRT-PCR. Esto nos permitirá generar información sobre las bases moleculares de los mecanismos de virulencia en diferentes aislados.

Financiamiento: ANII beca de doctorado por proyecto FCE_1_2021_1_166555.