

VARIABILIDAD EN CEPAS DE *Xylella fastidiosa* PROCEDENTES DE OLIVO (*Olea europaea* L.) DE ARGENTINA

Tolocka P A¹, Olivares García C², Guzmán F A², Landa Del Castillo B B³, Haelterman R M¹

¹INTA-CIAP-IPAVE-UFyMA, Avda. 11 de septiembre 4755, X5014MGO, Córdoba, Argentina. ²Agencia de Extensión Rural-INTA, Avda. Illia 305, CP X5870AXD, Villa Dolores, Córdoba, Argentina. ³IAS-CSIC, Avda. Menéndez Pidal, s/n 14004, Córdoba, España. haelterman.raquel@inta.gob.ar

Xylella fastidiosa, es considerada una bacteria polífaga, capaz de vivir y multiplicarse en un amplio rango de hospedantes, más de 500 especies de plantas, abarcando tanto cultivos de interés agrícola como especies ornamentales y malezas. En el año 2013, se dieron las primeras detecciones de la bacteria en fincas tradicionales de olivo de La Rioja, observando un marcado declinamiento en las plantas, hasta causar la muerte de ejemplares de más de 50 años de edad. Posteriormente, fue reportada en plantaciones de las provincias de Córdoba y Catamarca. *X. fastidiosa* es una bacteria genéticamente diversa que actualmente comprende las siguientes subespecies: *fastidiosa*, *pauca*, *multiplex*, *sandyi*, *moru* y *tashke*. Mediante el sistema de clasificación *Multilocus Sequence Typing* (MLST), se caracterizaron aislamientos de la bacteria proveniente de olivo de las provincias de La Rioja, Córdoba y Catamarca, obteniéndose la misma secuencia tipo-ST69. Esta ST pertenece a la subespecie *pauca* y sólo ha sido encontrada en nuestro país. Se consideró de importancia determinar la existencia de variabilidad en las cepas evaluadas. Por tal motivo, se planteó como objetivo realizar la caracterización de cinco aislados de *X. fastidiosa* de olivo mediante el método de tipificación molecular *Multilocus Simple Sequence Repeat Markers-SSR* empleado para el análisis genético de microorganismos que discrimina el polimorfismo de las secuencias de ADN repetidas en tándem. El procedimiento fue el siguiente: se realizaron extracciones de ADN con C-TAB de cuatro aislados de plantas enfermas y uno de cultivo puro de *X. fastidiosa*, tres de ellos procedentes de La Rioja (Dpto. Arauco), uno de Córdoba (Cruz del Eje) y otro de Catamarca (Capital). Posteriormente, se realizó la técnica de PCR combinando cuatro cebadores CSSR7/CSSR10 (RP3) y CSSR6/CSSR20 (RP4) y los productos de PCR fueron corridos en geles de poliacrilamida al 10%. Los resultados obtenidos mostraron un marcado polimorfismo con ambas combinaciones de cebadores, destacándose principalmente RP3 con diferentes perfiles genéticos en cepas de la misma región geográfica (Dpto. Arauco). Es necesario, continuar los análisis con nuevos aislamientos dentro de las áreas monitoreadas y de nuevas zonas olivícolas donde fue hallada la bacteria para detectar otras posibles variantes.