

Caracterización morfológica, cultural y molecular de aislamientos de *Macrophomina phaseolina*

Viejobueno, Josefina^{(1)*}; Aguirre, Constanza M.⁽¹⁾; Baino, Olga M.⁽²⁾; Kirschbaum, Daniel S.⁽¹⁾; Martínez Zamora, Gustavo M.⁽³⁾; Salazar, Sergio M.^(1,2)

⁽¹⁾Estación Experimental Agropecuaria Famaillá, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), T4132, Famaillá, Tucumán, Argentina.

⁽²⁾Facultad de Agronomía y Zootecnia, UNT, T4000, San Miguel de Tucumán, Tucumán, Argentina.

⁽³⁾Instituto Superior de Investigaciones Biológicas (INSIBIO) e Instituto de Química Biológica, CONICET-UNT, T4000ILJ, San Miguel de Tucumán, Tucumán, Argentina.

*E-mail: viejobueno.josefina@inta.gob.ar

Área temática: Patógenos del suelo y control biológico

Introducción: *Macrophomina phaseolina* es un hongo de suelo, necrotrófico y monoespecífico, que presenta una alta variación en la patogenicidad y/o diversidad genética. A pesar de su observada variabilidad, no se ha podido definir subespecies o razas fisiológicas basadas en caracterizaciones morfológicas o bases de datos de secuencias de aislamientos de diferentes hospedantes. Este hongo es el agente causal de la podredumbre carbonosa de raíz y corona que afecta a más de 500 especies de plantas. Fue detectado en Tucumán en 2007 en cultivo comercial de frutilla afectando al cultivar ‘Camarosa’ en la localidad de Lules. El objetivo del presente trabajo fue caracterizar morfológica, cultural y molecularmente 21 aislamientos de *M. phaseolina* obtenidos de diferentes hospedantes: frutilla, girasol, soja, poroto y arándano.

Materiales y métodos: Se evaluaron 21 aislamientos provenientes de 13 cultivares de frutilla ‘Camarosa’ (Fru-Cam), ‘Carmela’ (Fru-Car), ‘Camino Real’ (Fru-CR), ‘Albion’ (Fru-Alb), ‘Pájaro’ (Fru-Paj), ‘Macarena’ (Fru-Mac), ‘Treasure’ (Fru-Trea), ‘Fortuna’ (Fru-For), ‘Sweet Ann’ (Fru-SWA), ‘Sabrina’ (Fru-Sab), ‘Festival’ (Fru-Fes), ‘Erlibrite’ (Fru-Erli), ‘Elyana’ (Fru-Ely); uno de arándano: Ar-SB; uno de soja: Soj-Bal; uno de poroto: Por-Lea y 5 de girasol: Gi-AG4, Gi-A963, Gi-ACA 885, Gi-PAN 1031, Gi-P65A25. Los aislamientos se cultivaron en placas de Petri con APG al 2%, en oscuridad, a 28°C y se realizaron las siguientes determinaciones: velocidad y forma de crecimiento, color de anverso y reverso de las colonias y aspecto general de las mismas. Se extrajo ADN mediante el protocolo de Murray y Thompson (1980), modificado y la caracterización molecular se realizó mediante microsatélites con marcadores SSR en los laboratorios del USDA-ARS en California, EEUU.

Resultados: Fru-Sab y Fru-Fes presentaron un crecimiento máximo de 85 mm a las 48 horas de incubación mientras que Fru-Cam mostró el menor crecimiento, alcanzando los 48,5 mm. Los tres aislados tuvieron un crecimiento de tipo arborescente. Fru-Sab evidenció microesclerocios pequeños, de 62 µm en promedio, mientras que Fru-Fes y Fru-Cam presentaron un mayor tamaño de los mismos, 126 y 116 µm respectivamente. En cuanto a la clasificación molecular, Fru-Sab, Fru-Fes y Fru-Cam se encuentran en diferentes “clusters”, pero cercanos entre sí. Los resultados de los aislamientos obtenidos de otros hospedantes presentaron valores contenidos entre los máximos y mínimos expuestos anteriormente. En cuanto a la caracterización molecular, varios aislamientos de otros hospedantes se agruparon en los mismos “clusters” que algunos aislamientos de frutilla. Por ejemplo, en el mismo cluster donde se ubica Fru-Fes, se encuentra Ar-SB.

Conclusiones: Este estudio permitió caracterizar morfológica, cultural y molecularmente los aislamientos evaluados. Las diferencias obtenidas en los parámetros analizados reafirman la gran variabilidad existente en las características y comportamiento de los diferentes aislamientos de este patógeno. Dicha variabilidad dificulta su clasificación en subespecies o razas fisiológicas.

Agradecimientos: Este estudio es parte de proyectos conjuntos entre el INTA-Famaillá, el INSIBIO CONICET-UNT y la Facultad de Agronomía y Zootecnia de la UNT. Financiado por INTA a través de los proyectos PNHFA 1106073 y TUSGO 1231101. JV es becaria doctoral de CONICET.