



INTRODUCCIÓN

El cultivo del arroz es un componente básico en la alimentación de la mayor parte de la población mundial.

El hongo *Magnaporthe oryzae* (syn. *Pyricularia oryzae*) causa el Quemado del Arroz. Esta enfermedad es la más temida del cultivo, puede causar pérdidas totales. El patógeno tiene varios grupos genéticos, que también afectan malezas gramíneas y trigo. En Argentina, su aparición en arroz es frecuente y ha sido recientemente reportado en trigo.

El objetivo de este trabajo fue caracterizar la variabilidad genética de aislamientos de Sudamérica y explorar la patogenicidad de aislamientos procedentes de arroz, de trigo y de hospedantes alternativos como las malezas.

MATERIALES Y METODOS

Caracterización de los aislamientos

Una selección de 139 aislamientos de arroz, de malezas gramíneas y de otros hospedantes recolectados de raquis, de cuello y de hojas de las colecciones de INTA y de INBIOTEC-CONICET, procedentes de Argentina, Brasil y Uruguay, fueron depositados en la colección mundial de aislamientos del CIRAD- Baillarguet y caracterizados con una combinación de marcadores moleculares.

Los aislamientos fueron crecidos nuevamente se procedió a la extracción de DNA. Posteriormente, cada uno de ellos fue amplificado con una combinación de marcadores diseñados en CIRAD (Adreit et al, 2007). Todos los productos de amplificación fueron secuenciados. Se determinaron los alelos de compatibilidad sexual utilizando los cebadores descriptos por Xu and Hamer (1995)

Ensayos de patogenicidad

Se realizó un "screening" para evaluar la virulencia de cepas de *M. oryzae* procedentes de malezas (10), de trigo (1) y de arroz (1) en plántulas de 21 días de trigo (var Thesée) de arroz (var Maratelli) y de *Brachiaria* sp (planta modelo), pulverizando las plantas con una suspensión de 30000 con / ml



Referencias: síntomas en hoja (Fig. a), cultivo en PDA (Fig. b) y conidios de *P. oryzae* (Fig. c)

REFERENCIAS

Adreit, H., Andriantimalona, D., Utami, D. W., Nottéghem, J. L., Lebrun, M. H., & Tharreau, D. (2007). Microsatellite markers for population studies of the rice blast fungus, *Magnaporthe grisea*. *Molecular Ecology Notes*, 7(4), 667-670

-Pedraza, M.V.; Liberman, C.A.; Nuñez Bordoy, E.; Asselborn, M.N.; 2014. Hospedantes secundarios como fuente de inóculo potencial del quemado del arroz en Argentina. - Editor/es: 3° Congreso Argentino de Fitopatología. Libro de Resúmenes.. - 3° Congreso Argentino de Fitopatología. - Página/s: 281.

-Xu, JR and Hamer J. Assessment of *Magnaporthe grisea* mating type by spore PCR Fungal Genet. Newsl., 42 (1995), p. 8

Financiamiento CIRAD, CONICET, INTA

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

El análisis de cluster de los datos generados a partir de SSR discriminó dos grupos principales, G1 incluyó las cepas provenientes de arroz y G2 sólo a aquellas de trigo y de *Bromus*. Los aislamientos de *Digitaria* sp. se encontraron dentro de G1, aunque este resultado deberá ser confirmado con el análisis de otros aislamientos provenientes de la misma especie hospedera (Figura 1)

En los ensayos de virulencia, las plántulas de trigo presentaron síntomas cuando fueron inoculadas con aislamientos provenientes de *Setaria*, de *Stenotaphrum*, y de *Phalaris*, aunque no fueron típicos de la enfermedad. Solo los aislamientos de *Bromus* causaron síntomas similares a los causados por aislamientos de arroz. Si embargo ninguno de estos aislamientos fueron compatibles con arroz o *Brachiaria*.

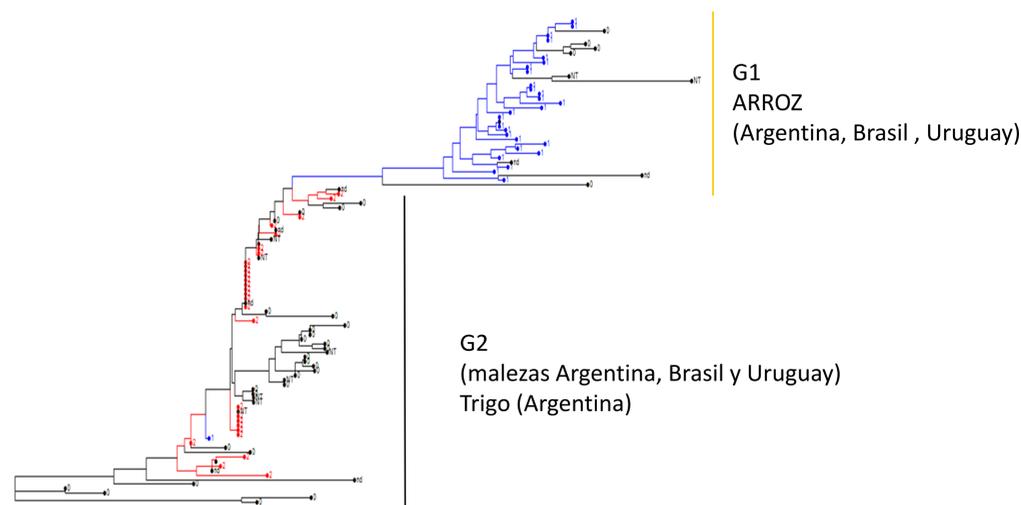


Figura 1. Relación genética entre aislamientos de *P. oryzae* procedentes de arroz, malezas y trigo de Argentina, Brasil y Uruguay.

La determinación de los alelos de compatibilidad sexual mostró que el alelo de mayor prevalencia es el Mat.1-1 como en la mayor parte de las poblaciones mundiales (Tabla 1)

Tabla 1. Proporción de alelos de compatibilidad en las poblaciones de *P. oryzae* analizadas

| Poblaciones | Aislamientos | Mat 1.1 | Mat 1.2 | nd |
|-------------|--------------|---------|---------|----|
| Argentina | 136 | 111 | 22 | 3 |
| Brasil | 13 | 11 | 1 | 1 |
| Uruguay | 28 | 15 | 12 | 1 |

-Se continuarán los estudios para comprender la dinámica poblacional del patógeno y profundizar la caracterización de aislamientos provenientes de hospedantes alternativos para diseñar estrategias de manejo de la enfermedad.