

Estudios en bacterias patógenas de plantas: del campo al laboratorio y de nuevo al campo

María Julia Pianzzola

*Laboratorio de Microbiología molecular, Departamento de Biociencias, Facultad de Química,
Universidad de la República, Montevideo, Uruguay*
mpianzzo@fq.edu.uy

En términos de área de siembra y producción total, la papa (*Solanum tuberosum* L.) es el cultivo hortícola más importante en Uruguay. Durante el período 2000-2003, su producción fue afectada por brotes severos de la enfermedad de la marchitez bacteriana causada por *Ralstonia solanacearum* (Rs). Desde entonces, se trabajó en colaboración con investigadores de instituciones nacionales y productores locales de papa, con el objetivo de contribuir a la generación de conocimiento y herramientas que permitieran avanzar en su control. Se generó una colección de cepas aisladas de tubérculos con síntomas y muestras de suelos de campos infectados. Si bien la mayoría de los aislamientos pertenecían al mismo grupo genético (filotipo IIB, secuevar 1-2), éstos mostraron diferentes niveles de agresividad en papa. Paralelamente se creó una colección de accesiones de la especie tuberosa nativa *Solanum commersonii* (Sc) que fue evaluada por ensayos genéticos y de resistencia. Se desarrolló un método de BIO-multiplex PCR para detección de infecciones latentes en plantas asintomáticas. Se construyeron cepas luminiscentes y fluorescentes de Rs que permitieron estudiar la colonización bacteriana *in planta*. La integración de estos trabajos con el programa de mejoramiento genético de papa de INIA, con el cual se ha trabajado en estrecha colaboración, ha derivado en el desarrollo de variedades de papa localmente adaptables con buenos niveles de resistencia a la marchitez bacteriana. En 2010 se presentó el desafío de determinar cual era el agente causal de un brote inusualmente agresivo de la sarna común de la papa (SC). Esta enfermedad adquirió importancia mundial en los últimos años debido a la aparición de cepas patógenas emergentes con gran capacidad para la transferencia horizontal de genes. La patogenicidad de la SC está asociada a especies del género *Streptomyces* que producen el dipéptido fitotóxico taxtomina A. Se generó una colección de 300 aislamientos de los cuales 70 correspondieron a cepas patógenas que fueron identificadas por métodos moleculares. Sin embargo, algunas cepas no produjeron taxtomina A. Se secuenciaron genomas de estas cepas que confirmaron la ausencia de genes para biosíntesis de la toxina. Sobrenadantes de estos cultivos confirmaron la actividad patogénica y se realizó la extracción y purificación del compuesto activo. Éste se caracterizó química y estructuralmente por espectrometría de masas y espectroscopía de resonancia magnética nuclear. A través de dos ejemplos, se ilustrará como, a partir de una problemática planteada desde el campo, se ha generado conocimiento que ha permitido el desarrollo de algunas herramientas que contribuyen a avanzar hacia el manejo integrado para el control de dos enfermedades del cultivo de papa.

Estos trabajos fueron financiados gracias a: diversos Programas de la CSIC: I+D, Grupos, iniciación, productivo modalidad 1 y 2; Becas CAP-UdelaR; Becas ANII; FCE-ANII; FMV-ANII; PEDECIBA Química; PEDECIBA Biología; Programa CYTED.