

Herramientas moleculares para la detección-caracterización de *Plasmopara halstedii*

A.L. Martínez ¹, F. Quiroz ², A. Garayalde ³, I. Erreguerena ², F. Anderson ¹, A. Carrera ^{1,4}

(1) Centro de Recursos Naturales Renovables de la Zona Semiárida (CERZOS) CONICET, Bahía Blanca, (2) Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA) Estación Experimental Balcarce, (3) Dto. de Matemática, Universidad Nacional del Sur, Bahía Blanca, (4) Dto. de Agronomía, Universidad Nacional del Sur, Bahía Blanca.

Países como Francia con varios años de ataques severos de mildiu en el cultivo de girasol han llevado adelante programas integrales de caracterización del perfil patogénico de las razas presentes, su constitución genética y su distribución geográfica. Esto le ha permitido detectar en forma bastante rápida la aparición de nuevas variantes surgidas por evolución local del patógeno ó por ingreso accidental de material contaminado. Argentina no cuenta con información genómica de las variantes causantes de la enfermedad. Se plantean como objetivos: i) analizar la variabilidad genética entre aislamientos de *P. halstedii*, ii) correlacionar la información molecular con el perfil patogénico determinado mediante líneas diferenciales de raza, iii) evaluar la capacidad de las técnicas moleculares como herramientas de detección del patógeno. El material vegetal de girasol consistió en tejido foliar ó semilla con y sin signos/síntomas de mildiu colectados a campo. Se recuperaron aislamientos de los mismos lotes mediante inoculación *in situ* para posterior determinación de raza. Se optimizaron métodos de deshidratación del tejido para garantizar la conservación de las muestras desde el lugar de colecta hasta el laboratorio. Se llevó a cabo extracción de ADN, reacciones de amplificación (PCR), electroforesis y secuenciado. Utilizamos marcadores específicos de *P. halstedii* basados en secuencias expresadas (ESTs) y en genes efectores. Se encontró variabilidad entre aislamientos para ambos tipos de marcadores, aunque son los polimorfismos de genes efectores los que poseen mayor poder de discriminación de las razas locales 710, 730 y 770. Las comparaciones con aislamientos de Francia indican diferencias en los niveles de diversidad genética y en la composición de haplotipos, lo que sugiere mecanismos de evolución del patógeno propios de cada país. Los marcadores específicos del patógeno fueron amplificados de muestras de hojas asintomáticas conformando un sistema de detección molecular. La técnica también permitió distinguir semillas portadoras y no portadoras del patógeno, representando un aporte para disminuir la dispersión de la enfermedad. Este trabajo contó con el aporte de varios profesionales tanto del ámbito público como privado.