

## **o6\*. Mecanismos de resistencia a marchitez bacteriana en clones avanzados del Programa de Mejoramiento Genético de papa**

**Ferreira, V.**<sup>1</sup>; Pianzola, M.J.<sup>1</sup>; Vilaró, F.<sup>2</sup>; Galván, G.<sup>3</sup>; Tondo, M.L.<sup>4</sup>; Rodríguez, M.V.<sup>5</sup>; Orellano, E.<sup>4</sup>; Valls, M.<sup>6</sup>; Siri, M.I.<sup>1</sup>

El cultivo de papa es uno de los más afectados por *Ralstonia solanacearum* (Rs), el agente causal de la marchitez bacteriana. Este patógeno es capaz de desarrollar infecciones latentes asintomáticas que facilitan su diseminación. Nuestro grupo trabaja en colaboración con el Programa de Mejoramiento Genético de Papa desarrollado en INIA, en la generación de nuevas variedades con resistencia a esta enfermedad utilizando como fuente de resistencia a la especie silvestre nativa *Solanum commersonii*. El objetivo de este trabajo es evaluar la interacción planta-patógeno en genotipos de papa con diferentes niveles de resistencia a Rs, seleccionados del programa de mejoramiento de INIA. Para ello, se estudió el patrón de colonización, diseminación y multiplicación utilizando cepas reporteras de Rs con propiedades fluorescentes y luminiscentes. Los resultados obtenidos indican que los síntomas típicos de la marchitez bacteriana en los genotipos susceptibles se correlacionan con la presencia de la bacteria en altas concentraciones en los haces vasculares a lo largo del tallo, mientras que en plantas asintomáticas la bacteria fue localizada únicamente en raíz y en la base del tallo. En genotipos tolerantes, el patógeno colonizó un número limitado de haces vasculares alcanzando bajas concentraciones en el tallo. En los genotipos tolerantes, también se verificó la inducción de cambios a nivel anatómico y bioquímico luego de la infección por el patógeno, incluyendo mayor producción de pared secundaria e hiperplasia en la zona de los haces vasculares, producción de tilosis, deposición de calosa y lignina y producción de especies reactivas de oxígeno. Las herramientas utilizadas en este trabajo contribuyeron a la selección de germoplasma resistente y a su utilización como fuente de germoplasma en futuros cruzamientos. Por otro lado, este trabajo contribuyó a generar conocimiento sobre el proceso de infección de este importante fitopatógeno y sobre los mecanismos de resistencia desencadenados en plantas de papa.

\* Trabajo ya presentado

---

<sup>1</sup> Laboratorio de Microbiología Molecular, DEPPIO, Facultad de Química, UdelaR, Montevideo, Uruguay. [vferreira@fq.edu.uy](mailto:vferreira@fq.edu.uy)

<sup>2</sup> Unidad de Horticultura, INIA Las Brujas, Canelones, Uruguay.

<sup>3</sup> Departamento de Producción Vegetal, Centro Regional Sur (CRS), Facultad de Agronomía, UdelaR, Canelones, Uruguay.

<sup>4</sup> Instituto de Biología Molecular y Celular de Rosario-CONICET, Rosario, Argentina.

<sup>5</sup> Área Biología Vegetal-CONICET, Facultad de Ciencias Bioquímicas y Farmacéuticas, Universidad Nacional de Rosario, Rosario, Argentina.

<sup>6</sup> Centro de Investigaciones en Agrigenómica (CRAG), CSIC- IRTA- UAB -UB, Barcelona, España. Financiamiento: PEDECIBA, CAP, CSIC, ANII y AUGM