

Identificación de razas de *Cladosporium fulvum* amplificando *Avrs*

Cesar G. Lucentini¹; María I. Troncozo²; Mario E. E. Franco¹; Silvina M. Y Lopez¹; Rocío Medina¹; Mario C. N. Saparrat^{2,4,5,a} y Pedro A. Balatti^{1,2,3}

¹ Centro de Fitopatología, Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales (FCAyF), Universidad Nacional de La Plata (UNLP), La Plata, 1900, Argentina.

² Cátedra de Microbiología Agrícola, FCAyF, UNLP, La Plata, 1900, Argentina.

³ Cátedra de Fitopatología vegetal, FCAyF, UNLP, La Plata, 1900, Argentina.

⁴ Instituto de Fisiología Vegetal UNLP-CONICET, La Plata, 1900, Argentina.

⁵ Instituto de Botánica Spegazzini, FCNyM, UNLP, La Plata, 1900, Argentina.

^a masaparrat@yahoo.com.ar; masaparrat@fncnym.unlp.edu.ar

Cladosporium fulvum (Mycosphaerellaceae; Capnodiales) es el agente causante del “moho de la hoja de tomate”, una de las patologías que con más frecuencia ataca el cultivo de tomate bajo cubierta en el cinturón hortícola platense (Argentina). En estudios previos se determinó que en las áreas de producción muestreadas de la Argentina sólo se encuentran dos razas del hongo, la raza “0” y la “2”, pero se encontraron polimorfismos a nivel de los genes *avr* que son los que determinan las razas. Estos resultados sugieren la ocurrencia de procesos evolutivos o cambios genéticos por lo cual podrían originarse nuevas razas del hongo. Por ello el objetivo de este trabajo es conocer más profundamente la diversidad de las poblaciones del patógeno que se encuentran en las áreas de cultivos hortícolas. Con este fin se continuó realizando aislamientos del patógeno y, a partir de cultivos monospóricos desarrollados en agar-papa-glucosado, se tomaron 300 mg del material para extraer ADN genómico que fue utilizado en la reacción de Multiplex PCR. Esta consiste en amplificar en una reacción el *avr 2* (570pb), *avr 4* (806pb), *avr4E* (640pb); y *avr 9* (710pb). La reacción se realizó en un volumen de 15 µl programando la termocicladora de la siguiente manera: un tiempo de 5' a 94°C, seguido de 40 ciclos de tres pasos. Uno de desnaturalización de 30" a 94°C seguido de una fase de annealing de 1' a 58,4°C y luego una fase de extensión de 1' a 72°C, al final de los cuales se le adicionó un ciclo de extensión final de 7' a 72°C. La amplificación de los genes de avirulencia en primer lugar confirman que los aislados son *C. fulvum* y que sobre un total de 15, 9 correspondieron a la raza 2 y el resto a la raza 0. Si bien estos datos confirman resultados anteriores, aún resta estudiar los niveles de polimorfismos que presentan estos aislados a nivel de los *avr*.

Palabras clave: Fitopatógeno – Diversidad genética – Tomate