

Diversidad patogénica de *Pyricularia oryzae* en zonas productoras de arroz

Ing. Agr. Glenda Pérez
Ing. Agr. Harelyn Castro



El tizón del arroz es una enfermedad causada por *Pyricularia oryzae* que afecta principalmente la maduración del grano de arroz, causando un bajo rendimiento. Debido a lo anterior se planeó determinar la diversidad genética del tizón del arroz en zonas productoras de Guatemala

Se colectaron muestras en cinco localidades del país (La Providencia, Canales, Suchitepequez; La Maquina Suchitepequez; Jutiapa; Cuyuta, Escuintla y Santo Domingo, Escuintla) de las cuales se aislaron 4 cepas pertenecientes a las especies *Magnaporthe oryzae* y *Pyricularia urashimae*.

Generalidades del patógenos

La etapa sexual de *M. oryzae*, se describe con el nombre de *P. oryzae*, (antes llamada *P. griseae*), clasificada en la familia *Magnaporthaceae*, de la división Ascomicete. (Chung y Han, 2020).

La enfermedad comienza con pequeñas manchas puntiformes verde grisáceas o azuladas. Al crecer se vuelven elípticas con un color típicamente grisáceo ceniciento en el centro, indicador de la esporulación del hongo y con bordes necrosados de color marrón rojizo. Los momentos en que la planta de arroz es más susceptible, son el estado de plántula y durante la floración. (Pérez, 2015).

Su crecimiento se ve favorecido por temperaturas moderadas (24 °C) y períodos de alta humedad de 12 horas o más mayores a 92 %, condiciones fácilmente alcanzables en los campos de arroz inundados. Los conidios se desarrollan en una temperatura máxima entre 23-28 °C y una mínima de 15 °C, a 37 °C se suprime el crecimiento del hongo. (TeBeest, Guerber & Ditmore. 2007).



Figura 1. Síntomas en hoja y panícula; montaje de esporas vista 40x. (ICTA, Castro 2023)

Metodología utilizada

Para el aislamiento del patógeno se aplicó el método de cámara húmeda, por 15 días para que el hongo inicie a esporular, para seleccionar y sembrar in vitro posteriormente en medio de cultivo Avena + antibiótico (tetraciclina).

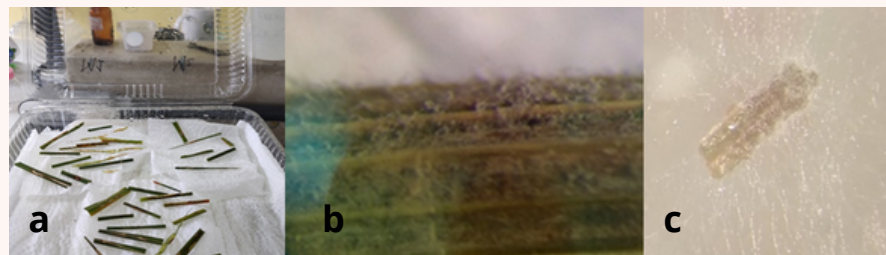


Figura 2. Cámara húmeda: a) tejido enfermo colocado en cámara húmeda, b) observación de estructuras del hongo transcurridos 10 días en cámara húmeda; c) crecimiento micelar en el medio de cultivo. (ICTA, Castro2023)

Los aislamientos obtenidos fueron identificados genéticamente a través de Primer Universales de la región ITS (ITS1-ITS4) y la técnica de secuenciación por PCR, en el Laboratorio de MacroGen en Corea del Sur. Los datos fueron analizados con el programa BLAST y la base de datos NCBI para determinar el porcentaje de identidad de los aislamientos.

Resultados

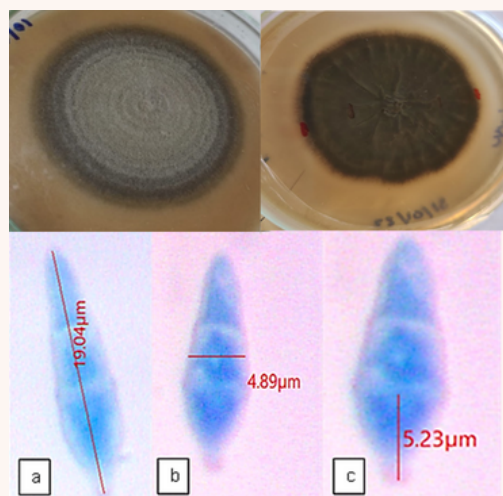


Figura 3: Crecimiento aislado M6 01-22,. Medición de esporas en el programa AmScope. (Protección Vegetal, ICTA, Castro 2023.)

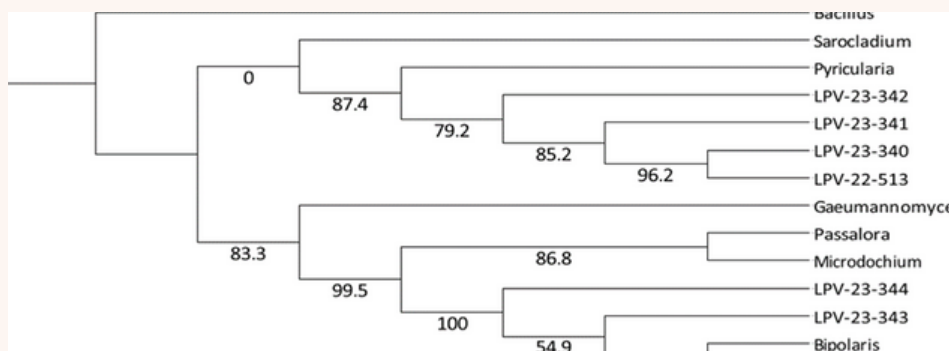


Figura 4: Análisis filogenético con base de datos de NCBI de las muestras extraídas. Protección Vegetal, ICTA Labor Ovalle, 2019.

Se realizaron 4 aislamientos de en las cuales se identificaron como: **Magnaporthe oryzae** (LPV-23-340, LPV-23-341-LPV-23-342) aislamientos y **Pyricularia urashimae** (LPV-23513,, en base al análisis filogenético (Figura 4), ambas especies se encuentran relacionadas en un 96.2 %.

Referencias Bibliográficas

Chung; H. Goh, J. Han, S. S. (2020). Comparative Pathogenicity and Host Ranges of Magnaporthe oryzae and related Species. Plant Pathol J. 36(4): 305-313

Pérez Lotz, J. (2015). Análisis Genético de la resistencia parcial a Magnaporthe oryzae en arroz (Oryza sativa) en varias poblaciones y ambientes. [Tesis de Doctorado, Universidad Politécnica de Valencia]. Recuperado de <https://riunet.upv.es/bitstream/handle/10251/62582/P/C3%89REZ%20-%20An%C3%A1lisis%20gen%C3%A9tico%20de%20la%20resistencia%20parcial%20a%20Magnaporthe%20oryzae%20en%20arroz%20%28Oryza%20sativa%29%20....pdf?sequence=1>