

Tolocka, P.A.¹, Guzmán, F.A.², Paccioretti, M.D.¹, Roca, M.E.³, Otero, M.L.¹ y Haelterman, R.M.¹

¹ INTA-CIAP-IPAVE-UFyMA. ² AER-INTA, Villa Dolores. Córdoba. ³ SENASA-UNLaR. tolocka.patricia@inta.gob.ar

INTRODUCCIÓN

Para la caracterización molecular de *Xylella fastidiosa* (*Xf*), causante del síndrome del decaimiento rápido del olivo en nuestro país, se utiliza el sistema *Multilocus sequence typing* (MLST), que define subespecie y secuencia tipo (ST). Hasta el presente, todos los olivos analizados con la bacteria y provenientes de diferentes localidades de nuestro país, correspondieron a la subespecie *pauca* ST69.



OBJETIVO: realizar la caracterización de *Xylella fastidiosa* a partir de una planta de olivo con síndrome del decaimiento rápido procedente del Dpto. Cruz del Eje, Córdoba.

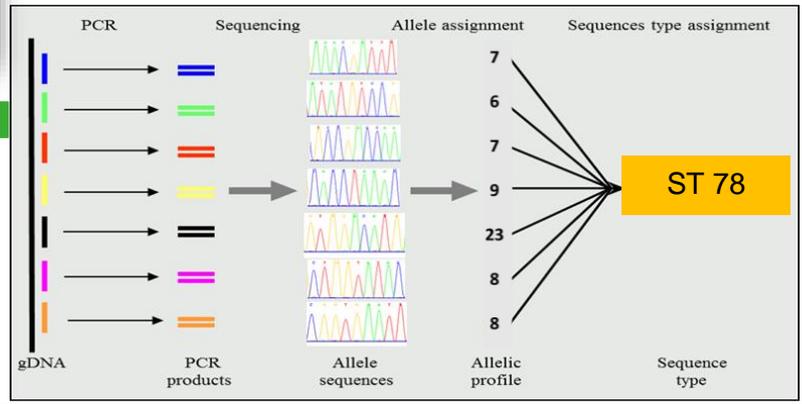
MATERIALES Y MÉTODOS

Se utilizó una planta de olivo cv. Nevadilla proveniente de una finca del Dpto. Cruz del Eje, Córdoba. La extracción de DNA se realizó con el protocolo de Murray y Thompson (1980) modificado.



RESULTADOS

La planta infectada con *Xf* corresponde a la subespecie *pauca*, ST78. Esta ST, fue detectada anteriormente en almendros enfermos de Catamarca.



CONCLUSIONES

Hasta el presente, en nuestro país, se ha detectado una sola subespecie de *X. fastidiosa*. En olivo, encontramos dos secuencias tipo de *Xf*: ST69 y ST78, compartiendo esta última con almendro. Esto constituiría un riesgo potencial de transmisión de la bacteria entre ambos hospedantes, en fincas cultivadas con estas especies vegetales. La sintomatología observada es la misma que en otros campos monitoreados con la presencia de *Xf*. Financiamiento INTA-EG PDI090