

CARACTERIZACIÓN DE UNA NUEVA VARIANTE DE *Xylella fastidiosa* PROCEDENTE DE OLIVO (*Olea europaea* L.) EN ARGENTINA

Tolocka P. A.¹, Mattio M. F.¹, Guzmán F. A.², Otero M. L.¹, Roca M. E.³, Haelterman R. M.¹, Landa B. B.⁴

¹INTA-CIAP-IPAVE-UFyMA, Córdoba, Capital. ²Agencia de Extensión Rural-INTA, Villa Dolores, Córdoba. ³ SENASA, La Rioja, Argentina. ⁴IAS-CSIC, Córdoba, España
E-mail: tolocka.patricia@inta.gob.ar

Se han caracterizado mediante el sistema de tipificación “*Multilocus Sequence Typing*” (MLST) cepas de *Xylella fastidiosa* aisladas a partir de árboles frutales con síntomas en diferentes regiones productivas de Argentina. Las cepas pertenecen a los grupos genéticos ST69 (cítricos y olivos), y ST78 (olivo y almendro). Ambos grupos genéticos pertenecen a la subespecie *pauca* y por el momento sólo han sido descritos en nuestro país. El objetivo del presente trabajo fue realizar nuevas caracterizaciones de *Xylella fastidiosa* a partir de extractos plantas de olivo infectadas por *X. fastidiosa* y mostrando síntomas de enfermedad procedentes del Dpto. Cruz del Eje, Córdoba. La extracción de ADN total se realizó según protocolo de Murray y Thompson (1980) modificado. Luego, por PCR convencional se amplificaron los 7 genes *housekeeping* involucrados en la caracterización MLST. Los productos obtenidos fueron secuenciados y analizados mediante los programas Chromas Lite 2.0.1 y BioEdit versión 7.2. Las secuencias obtenidas fueron analizadas y comparadas con las disponibles en la base de datos MLST-*X. fastidiosa*, obteniendo en una de las muestras una combinación de 7 alelos nuevos no descritos hasta la fecha. La combinación de dichos alelos conformó un nuevo tipo de secuencia (denominada como ST90), sin determinar por el momento, a que subespecie pertenece. Con este resultado, sumamos un tercer ST de *X. fastidiosa* hallada en olivos de Argentina, mostrando la diversidad genética de la bacteria en este hospedante en la región. Es importante continuar con la caracterización genómica de esta cepa mediante la utilización de otras técnicas moleculares para definir la subespecie a la que pertenece dicha variante.

Financiamientos: Proyecto Disciplinario 2023-PD-L03-I084. Estrés bióticos y abióticos en plantas. Estudios fisiológicos y patológicos para el diseño de estrategias de mejoramiento y manejo.

Proyecto de la Unión Europea; grant101060593 — BeXyl — HORIZON-CL6-2021-FARM2FORK-01. - Beyond *Xylella*, Integrated Management Strategies for Mitigating *Xylella fastidiosa* impact in Europe (BeXyl)