

los cebadores especie - específico de las regiones espaciadoras 16S-23S de ADNr, reportados por Saylor et al (2006), revelaron que 161 (54%) de 297 muestras evaluadas fueron positivas para *B. glumae*. Así mismo, la prueba de PCR detectó la presencia de la bacteria en semillas de arroz sin ningún tipo de daño aparente. Del total de las muestras evaluadas, 193 (64%) muestras no presentaron ningún tipo de daño, de estas el análisis reveló que 67 (35%) fueron positivas para la especie. El análisis de secuencia de los productos de PCR mostró una homología del 100% con otras secuencias de *B. glumae* ya reportadas en el Genbank. Por otro lado, se encontró que la concentración (ufc/ml) de bacteria en semillas aparentemente sanas fue de 7.5×10^3 , en contraste con 1.75×10^7 en semillas afectadas severamente por la bacteria. En general, nuestros resultados han demostrado que la enfermedad causada por *B. glumae* se ha extendido rápidamente a lo largo de las principales zonas arroceras de Colombia, teniendo registros hoy en día, de la presencia de la bacteria en 8 departamentos del país, adicionalmente, se puede inferir que semillas sanas pueden portar la bacteria sin mostrar síntomas de la enfermedad, siendo este el principal factor relacionado con la diseminación de este patógeno.

P06-063

Avances en la Caracterización Patotípica de Lapoblación de *Magnaporthe Oryzae* en Colombia

Prado, Gustavo; Aricapa, Girena; Mosquera, Gloria
CIAT

La resistencia genética es la estrategia más adecuada para el control del Añublo del Arroz causado por *Magnaporthe oryzae*, la enfermedad más limitante del cultivo a nivel mundial. Sin embargo, el éxito está limitado por la alta variabilidad del patógeno. En este sentido, los estudios para determinar la frecuencia de genes de virulencia/avirulencia en la población del hongo y de los genes de resistencia útiles para generar cultivares con resistencia durable, son fundamentales para el éxito del mejoramiento genético. En Colombia se llevaron estudios para caracterizar la población del hongo hasta el año 2004. En 2009 se caracterizó una subpoblación conformada por 29 aislamientos colectados en los años 2006 y 2008, en los departamentos del Meta y Tolima. Los resultados de este trabajo mostraron que los aislamientos provenientes del Tolima tienen un patrón de virulencia diferente a los aislamientos del Meta. Estos aislamientos rompen la resistencia de la mayoría de los genes de resistencia con excepción de los genes *Pi-1*, *Pi-kh* y *Pi-9*. Actualmente, se está iniciando un estudio para determinar nuevamente la composición de la estructura patotípica del hongo en Colombia. Para ello se utilizarán 200 aislamientos, los cuales serán inoculados sobre 34 líneas monogénicas desarrolladas por el IRRI. También se incluirán 8 líneas isogénicas y 15 variedades diferenciales de Kiyosawa. Los resultados preliminares de campo indican que del total de genes (29) expuestos en la Estación Experimental de Santa Rosa, sólo los genes *Pi-9*, *Pi-40* y *Pi-kp*, muestran resistencia al patógeno. En inoculaciones en invernadero el gen *Pi-40* presentó susceptibilidad a 6 aislamientos (37.5%) de un total de 16 aislamientos inoculados hasta el momento. El gen *Pi-kp* proveniente de las líneas monogénicas del IRRI presenta susceptibilidad a todos los aislamientos. La línea K60, de las variedades diferenciales de Kiyosawa, que posee el gen de resistencia *Pi-kp*, es susceptible a sólo dos de los aislamientos (12.5%) y el gen *Pi-9* proveniente de las líneas de IRRI presenta susceptibilidad a 2 de 14 aislamientos inoculados (14%); por el contrario, el *Pi-9* contenido en línea 75-1-127, presenta resistencia a los 14 aislamientos inoculados sobre esta línea. Los resultados indican que estos tres genes son de gran importancia en la búsqueda de resistencia durable a este patógeno. Además un estudio genético en las líneas K60 y 75-1-127 es clave para determinar si en ellas están presentes otros genes de resistencia. Se continuará con más inoculaciones con un mayor número de aislamientos que permita monitorear la estructura real del patógeno en Colombia. Este trabajo se complementará con estudios moleculares para determinar la estructura genética de la población del hongo y hacer análisis de genes de virulencia/avirulencia que a su vez ayuden a inferir en las posibles combinaciones de los genes de resistencia que combinados entre sí puedan generar una resistencia durable a *Magnaporthe oryzae*.