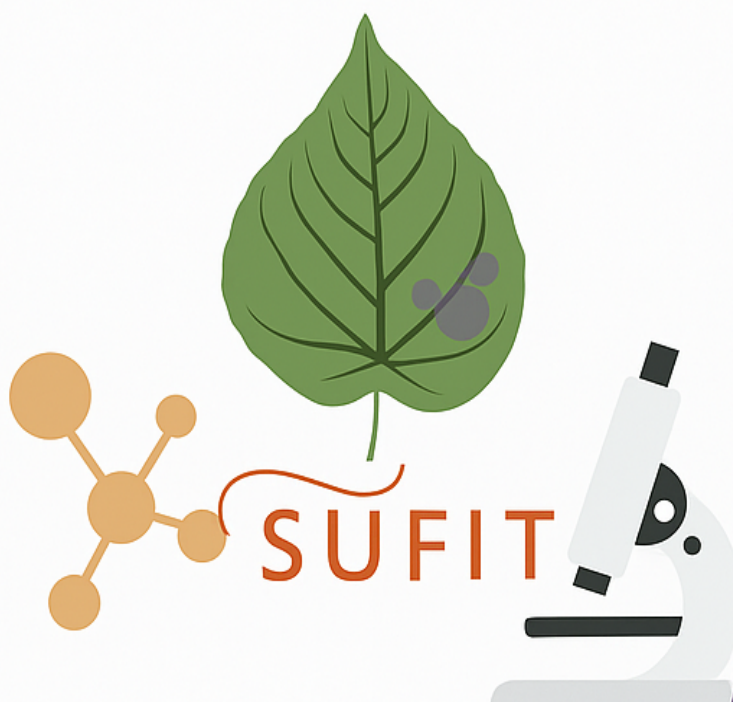




**VIII JORNADA URUGUAYA
DE FITOPATOLOGÍA Y
VI JORNADA URUGUAYA DE
PROTECCIÓN VEGETAL DE LA
SOCIEDAD URUGUAYA DE
FITOPATOLOGÍA**



14 de noviembre de 2025





PRESENTACIÓN.....	9
Comité Científico y Organizador.....	10
PROGRAMA.	12
CONFERENCIAS MAGISTRALES	14
Conferencia Magistral 1.....	14
La biosolarización como herramienta para el manejo integral de la salud del suelo y de los cultivos hortícolas	14
Conferencia Magistral 2.....	16
Patrones macroevolutivos de la resistencia a pesticidas en malezas e insectos de cultivos agrícolas: mecanismos de resistencia, dominancia génica y costos adaptativos.	16
PRESENTACIONES ORALES	17
Protección vegetal en cultivos intensivos	18
O1 Uso de nanopartículas basadas en quitosano para el control del tizón de la hoja en cebolla	18
O2 Diversidad genética en poblaciones de <i>Thrips tabaci</i> y resistencia en especies emparentadas a la cebolla	19
O3 Identification and characterization of the grapevine trunk pathogen <i>Truncatella angustata</i> : Temperature effects and pathogenicity in Chilean vineyards	20
Protección vegetal en cultivos extensivos.....	21
O1 Distribución, síntomas e interacción de <i>Xanthomonas prunicola</i> y <i>X. translucens</i> en trigo	21
O3 Identificación de SNPs relacionados con la resistencia al cancro del tallo de la soja causado por <i>Diaporthe caulivora</i>	23
Protección vegetal en cultivos forestales	24
O1 Primer reporte de <i>Ophelimus maskelli</i> (Ashmead, 1990) (Hymenoptera: Eulophidae) y su distribución en Uruguay.....	24
O2 Prospección de especies de <i>Calonectria</i> en viveros forestales de Uruguay... ..	25
O3 Feromona de agregación de <i>Cyrtogenius luteus</i> : una herramienta para el manejo de la plaga en plantaciones de pino en Uruguay	26
Abordajes integrados en la protección vegetal.....	27
O1 Bacterias gram positivas como potenciales agentes de control biológico en cultivos hortícolas en Uruguay.	27
O2 Podredumbre de uva madura en Uruguay causada por <i>Colletotrichum</i> spp.: identificación y caracterización de especies	28



O3 Aportes de franjas de <i>Thinopyrum intermedium</i> a la gestión integrada de plagas del cultivo de soja	29
PRESENTACIÓN DE POSTERS	30
Protección vegetal en cultivos intensivos y abordajes integrados en la protección vegetal.....	31
P1 Trampeo masivo de trips con atrayentes alimenticios en el cultivo de morrón en el sur de Uruguay	31
P2 Detección a campo de fitofagia por un depredador de plagas del tomate	32
P3 Depredación de <i>Jalysus sobrinus</i> (Hemiptera: Berytidae) sobre diferentes plagas asociadas a cultivos hortícolas	33
P4 Control de mosca blanca (<i>trialeurodes vaporariorum</i>) con diferentes tecnologías de aplicación.....	34
P5 Evaluación de hongos entomopatógenos para el control de <i>Diaphorina citri</i>	35
P6 Efecto del veneno de <i>Aphytis</i> sp. en la parasitación del piojo de San José	36
P7 Efecto de la temperatura de campo sobre la parasitación de <i>Aphytis</i> sp. en <i>Comstockaspis pernicios</i>: determinación del momento más apropiado de liberación	37
P8 Condicionamiento olfativo en <i>Trichopria anastrephae</i>: ¿una herramienta ecológica para el control biológico de <i>Drosophila suzukii</i>?	38
P10 Diversidad de respuestas fenotípicas en una colección núcleo de parientes silvestres de la papa de Uruguay	40
P11 Caracterización de parientes silvestres de la papa nativos de Uruguay por su resistencia a marchitez bacteriana	41
P12 Caracterización de la resistencia cuantitativa de 'Regia' al mildiú de la cebolla	42
P13 Identificación de factores genéticos relacionados con la resistencia al cancro bacteriano del tomate.	43
P14 Análisis transcriptómicos de dos isolíneas de tomate en respuesta al hongo <i>Stemphylium lycopersici</i>: mecanismos de resistencia mediados por el locus Sm	44
P15 Interacción entre calcio, microbioma rizosférico y resistencia a la marchitez bacteriana en genotipos de papa.....	45
P16 Caracterización de compuestos volátiles de genotipos nacionales de frutilla para el manejo de la araña roja (<i>Tetranychus urticae</i>)	46
P17 Hallazgos genómicos y evaluación de resistencia en Uruguay	47
P18 Diversidad de <i>Xanthomonas translucens</i> pv. <i>translucens</i> en Uruguay y optimización de métodos de aislamiento y detección.....	48



P19 Caracterización de aislados de <i>Neopestalotiopsis</i> spp. asociados a la mancha foliar en frutilla	49
P20 Identificación de especies de <i>Colletotrichum</i> asociadas a la antracnosis de la frutilla en Uruguay	50
P21 <i>Colletotrichum gloeosporioides</i> s.s. única especie causante de la caída de frutos posfloración en cítricos de Uruguay	51
P22 Caracterización de <i>Pseudomonas</i> vinculadas a la necrosis de yema de flor de peral y primer hallazgo de <i>Pseudomonas cerasi</i> en Uruguay	52
P23 Susceptibilidad varietal de vid a <i>Diaporthe ampelina</i>, principal agente causal del Decaimiento por <i>Diaporthe</i> en Uruguay	53
P24 Identificación y patogenicidad de <i>Botrytis cinerea</i> y <i>B. prunorum</i> asociadas a la pudrición calicinal en peras durante postcosecha en Chile .	54
P25 <i>Diplodia mutila</i>: agente causal del tizón del tallo en arándanos de la Región del Maule, Chile.	55
P26 Patogenicidad de especies de Botryosphaeriaceae y <i>Diaporthe</i> asociadas a cancro y decaimiento del nogal europeo (<i>Juglans regia</i>) en Chile	56
P27 Susceptibility of Walnut Pruning Wounds to Fungal Trunk Pathogens, and Conidial Release of <i>Botryosphaeriaceae</i> in the Maule Region, Chile	57
P28 Susceptibilidad y protección de heridas de poda de vid frente a <i>Neofusicoccum</i> spp. obtenidos desde diferentes hospederos frutales en la Región del Maule, Chile	58
P29 Evaluación de fungicidas químicos para la protección heridas de poda en manzanos contra especies de <i>Diplodia</i>, <i>Neofusicoccum</i> y <i>Lasiodiplodia</i>	59
P30 Evaluación de productos inductores de resistencia para el manejo del repilo del olivo	60
P31 <i>Clonostachys rosea</i>: Identificación morfo-molecular y evaluación <i>in vitro</i> de su actividad como antagonista de <i>Diplodia seriata</i> de la vid (<i>Vitis vinifera</i> L.)	61
P32 Identificación de patógenos asociados a pérdidas poscosecha en boniato (<i>Ipomoea batatas</i> (L.) Lam)	62
P33 Control de enfermedades que afecta al cultivo de batata (<i>Ipomoea batatas</i>) en pre y postcosecha	63
P34 Evaluación de la desinfección anaeróbica en invierno para el manejo de la sanidad del suelo en un invernadero hortícola	64
P35 Efecto de enmiendas de origen vegetal sobre nemátodos agalladores (<i>Meloidogyne</i> spp.) en tomate	65
P36 La cobertura y el estado hídrico del suelo modulan la microbiota rizosférica de la vid y reducen la podredumbre gris del racimo	66
P37 Diseño y evaluación de abonos verdes multiespecie para el manejo sostenible de malezas en horticultura	67



P38 Incidencia de cultivos de cobertura- laboreo reducido en el manejo de malezas en rotación hortícola.....	68
P39 Caracterización del mecanismo de resistencia al glifosato en <i>Amaranthus hybridus</i> en Uruguay.....	69
P40 Resistencia a glifosato en <i>Amaranthus hybridus</i>: presencia y distribución en Uruguay.....	70
P41 Desarrollo de un consorcio microbiano sintético para la promoción de la salud de los cultivos.....	71
P42 Inoculación de semillas de cebolla con microorganismos benéficos: efectos sobre el control biológico de enfermedades y sobre el crecimiento de las plántulas	72
P43 Efectos de la aplicación de campos magnéticos sobre el crecimiento de hongos fitopatógenos.....	73
Protección vegetal en cultivos extensivos y forestal	74
P44 Las poblaciones uruguayas de <i>Gonipterus Schoenherr, 1833 (Coleoptera, Curculionidae)</i> pertenecen a dos especies.	74
P45 Preferencia alimenticia de <i>Gonipterus</i> spp. en clones de diferentes especies de <i>Eucalyptus</i> spp.	75
P46 Especies de oomicetos asociados a la emergencia y mortalidad de plántulas de <i>Eucalyptus</i>	76
P47 Biocontrol de <i>Calonectria</i> asociada a pudrición radicular en <i>Eucalyptus</i> mediante cepas de <i>Trichoderma</i>	77
P48 Bacterias asociadas al tizón apical en plantaciones de <i>Eucalyptus</i> spp. en Uruguay.....	78
P49 Hongos endófitos de <i>Passiflora caerulea</i> y <i>Ephedra tweediana</i> y su potencial bioactivo.....	79
P50 Evolución de los síntomas de la antracnosis de los plátanos (<i>Platanus racemosa</i>)	80
P51 Chinchas fitófagas registradas en el cultivo de lupino en Uruguay: primeros antecedentes	81
P52 Fitolitos en sorgo bajo diferentes manejos agrícolas y su respuesta frente a plagas	82
P53 Condiciones hídricas y defoliación: implicancias en el desempeño de <i>Rachiplusia nu</i> y el rendimiento de la soja	83
P54 Planificar la diversidad de la cobertura vegetal como estrategia de manejo de plagas, malezas y enfermedades, mediante la maximización de servicios ecosistémicos	84
P55 Relevamiento Nacional del complejo del achaparramiento del maíz en Uruguay.....	86
P56 Detección y caracterización de los cuatro patógenos causantes del achaparramiento del maíz en chacras del litoral uruguayo	87



P57 Evaluación de métodos de inoculación de <i>Fusarium graminearum</i> y <i>Fusarium verticillioides</i> en espigas de maíz	88
P58 Primer reporte de <i>Kabatiella zae</i> causando la mancha ocular del maíz (<i>Zea mays</i> L.) en Uruguay.....	89
P59 Curasemilla con efecto prolongado para el control de <i>Leptosphaeria maculans</i> en canola	90
P60 Primer reporte y análisis genómico de cepas de <i>Xanthomonas arboricola</i> asociadas a trigo en Uruguay	91
P63 Prospección sanitaria y análisis de micotoxinas en lotes de semilla de trigo del litoral norte de Uruguay.....	94
P64 - Nueva amenaza para el trigo: expansión geográfica de la <i>Piricularia</i> a Uruguay - perspectiva genómica y patogénica.....	95
P65 Evaluación fenotípica y molecular de la resistencia a fusariosis de la espiga en trigo de Paraguay	96
P66 Evaluación de especies fúngicas con potencial antagonico frente a <i>Fusarium</i> spp.....	97
P67 Identificación y caracterización de aislados de <i>Fusarium</i> spp. asociados al tizón de flor en <i>Cannabis sativa</i> L	98
P68 Aislados de <i>Achromobacter</i> sp. y <i>Delftia</i> sp. con potencial para el control biológico frente a especies de <i>Diaporthe</i>, causantes del cancro del tallo de la soja en Uruguay	99
P69 <i>Trichoderma</i> spp. aislados de suelo y como endófitos con potencial biocontrolador para mejorar la germinación e instalación del cultivo de arroz.....	100
P70 La absorción de Silicio en <i>Festuca arundinacea</i> refleja el estrés inducido por el clima.....	101
P71 Resistencia de <i>Amaranthus hybridus</i> al fomesafen y alternativas de control	102
P72 Resistencia de <i>Echinochloa crus-galli</i> al herbicida glifosato	103
P73 Efecto residual de herbicidas imidazolinonas en la emergencia y desarrollo inicial de especies forrajeras sembradas en sistemas arroz - ganadería	104
P74 Resistencia cruzada de <i>Brassicas</i> spp. a herbicidas inhibidores de la acetolactato sintasa	105
P75 Resistencia de <i>Brassica</i> spp. al glifosato y opciones de manejo	106
P76 Control de malezas mediante aplicaciones con drones	107
P77 Caracterización de la interacción de herbicidas auxínicos con su sitio activo en una población de <i>Bassia scoparia</i> resistente a dicamba	108
P78 Efecto residual de distintos cultivos de servicio sobre el enmalezamiento invernal.....	109



P79 Resistencia en planta adulta como estrategia frente a la diversidad de *P. coronata* en Uruguay..... 110



PRESENTACIÓN

La Sociedad Uruguaya de Fitopatología tiene el agrado de presentar el Libro de Resúmenes de la VII Jornada Uruguaya de Fitopatología y VI Jornada Uruguaya de Protección Vegetal, realizadas bajo el lema *“Sembrando equidad: las mujeres en la protección vegetal”*.

Esta edición reúne contribuciones de investigadores, estudiantes, técnicos y productores de nuestro país, así como de colegas de Argentina y Chile, cuyas perspectivas fortalecen el intercambio regional y aportan al avance del conocimiento en protección vegetal. El programa, organizado en módulos que abarcan los sistemas intensivo, extensivo y forestal, refleja la diversidad temática y disciplinar que caracteriza a la SUFIT y a su comunidad científica.

Este libro incluye más de 70 pósters y diversas comunicaciones orales que evidencian el dinamismo, la creatividad y el compromiso de quienes trabajan día a día para comprender y enfrentar los desafíos sanitarios de nuestros cultivos. El crecimiento sostenido de la participación en estas jornadas confirma la importancia de generar espacios de encuentro que integren miradas, métodos y experiencias de distintas áreas de la protección vegetal.

La SUFIT agradece profundamente el apoyo de las instituciones involucradas, la participación de los conferencistas invitados y el trabajo de quienes colaboraron en la organización de esta edición. Cada contribución aquí presentada es parte esencial del esfuerzo colectivo por construir una producción agrícola más sostenible, equitativa y basada en conocimiento científico sólido.

Inspirados por el lema de este año, recuperamos una frase que guía este encuentro y que reconoce el papel fundamental de la participación diversa en la ciencia:

“Sembrar equidad es sembrar futuro, porque solo cuando todas las voces participan, florece el conocimiento que transforma”.

Esperamos que este libro de resúmenes sea una herramienta valiosa para el intercambio, la reflexión y el fortalecimiento continuo de nuestra comunidad científica.

Comision Directiva Sociedad Uruguaya de Fitopatología



Comité Científico y Organizador

Evelin Pechi
Leticia Rubio
Barbara Ferronato
Belen Corallo
María Umpierrez
Rossana Reyna
María Ines Siri
Andrés González
Andres Costa
Ma. Eugenia Amoros
Cintia Palladino
Estefani Camacho
Yesica Bernaschina
Diana Valle
Victoria Moreira
Sofía Simeto
Victoria Calvo
Gianella Brancatti
Valentina Mujica
Carolina Francia

Auspicios:





Sponsors:



Jornada declarada de interés nacional y ministerial



Presidencia Uruguay



**Ministerio
de Ambiente**



**Ministerio
de Ganadería,
Agricultura y Pesca**



PROGRAMA

08:00 - 08:30 Acreditaciones

08:30 Apertura institucional Mensaje de bienvenida a cargo de la Dra. Cintia Palladino, Presidenta de la Sociedad Uruguaya de Fitopatología (SUFIIT).

08:40 Homenaje “Las mujeres en la protección vegetal” Disertación a cargo de la Dra. Ing. Agr. María Stella Zerbino.

Módulo 1 – Protección vegetal en cultivos intensivos Moderan: Yesica Bernaschina y Victoria Calvo

09:00 – 09:45 **Conferencia Magistral 1** “La biosolarización como herramienta para el manejo integral de la salud del suelo y de los cultivos hortícolas” Dra. Mariel Mitidieri – INTA EEA San Pedro, Argentina

09:45 – 10:00 Noheilly Vásquez– Facultad de Química (UdelaR) Uso de nanopartículas basadas en quitosano para el control del tizón de la hoja en cebolla

10:00 – 10:15 Bettina Porta – Facultad de Agronomía (UdelaR) Diversidad genética en poblaciones de *Thrips tabaci* y resistencia en especies emparentadas a la cebolla

10:15 – 10:30 Iqra Mubeen– Universidad de Talca (Chile) Identificación y caracterización de *Truncatella angustata* en vid: efectos de la temperatura y patogenicidad

10:30 – 11:30 Pausa para café y visita a la sesión de pósters: Producción intensiva y otros temas

Módulo 2 – Protección vegetal en cultivos extensivos Moderan: Carolina Francia y María Inés Siri

11:30 – 11:45 Lucía Coimbra – Facultad de Química (UdelaR) Distribución, síntomas e interacción de *Xanthomonas prunicola* y *X. translucens* en trigo

11:45 – 12:00 Jimena Delfino – Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable (MEC) TuYV en colza del litoral oeste uruguayo: análisis 2023–2025

12:00 – 12:15 Jhon Larzábal – INIA La Estanzuela Identificación de SNPs asociados a resistencia a *Diaporthe caulivora* en soja

12:15 – 13:15 | Almuerzo

13:15 – 14:00 **Conferencia Magistral 2** “Patrones macroevolutivos de la resistencia de malezas e insectos en la agricultura: mecanismos, dominancia y costos” Dr. Martín Vila-Aiub – Universidad de Buenos Aires, Argentina

Módulo 3 – Protección vegetal en cultivos forestales Moderan: Rosana Reyna y Diana Valle

14:00 – 14:15 Carolina Jorge – CENUR Noroeste (UdelaR) Primer reporte de *Ophelimus maskelli* y su distribución en Uruguay

14:15 – 14:30 Florencia Scarabino – Facultad de Agronomía (UdelaR) Prospección de especies de *Calonectria* en viveros forestales de Uruguay

14:30 – 14:45 Gianna Zinola – Facultad de Química (UdelaR) Feromona de *Cyrtogenius luteus*: manejo de plaga en pinos

14:45 – 15:45 Pausa para café y visita a la sesión de pósters: Producción extensiva y forestal



Módulo 4 – Abordajes integrados en la protección vegetal Moderan: Belén Corallo y María Inés Siri

15:45 – 16:00 Andrés Costa – Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable (MEC) Bacterias gram positivas como agentes de control biológico en hortícolas

16:00 – 16:15 Barbara Ferronato – Facultad de Agronomía (UdelaR) Podredumbre de uva madura por *Colletotrichum* spp. en Uruguay

16:15 – 16:30 Franco Pereyra – Facultad de Agronomía (UdelaR) Franjas de *Thinopyrum intermedium* en la gestión integrada de plagas en soja

16:30 – 17:00 Sorteo de premios y cierre de la Jornada



CONFERENCIAS MAGISTRALES

Conferencia Magistral 1

La biosolarización como herramienta para el manejo integral de la salud del suelo y de los cultivos hortícolas

Mitidieri, M.¹

¹EEA INTA San Pedro, Ruta 9 km 179, San Pedro, Bs. As., Argentina.
e-mail: mitidieri.mariel@inta.gob.ar

La incidencia de enfermedades ocasionadas por patógenos del suelo depende, entre otros factores, de la presencia de agentes causales, pero también de la salud integral del suelo que proporcione a las raíces de las plantas un medio adecuado para crecer sin generar condiciones predisponentes para la infección. El uso intensivo de los suelos conduce a la degradación de sus propiedades físicas y físico-químicas, a la presencia de hongos, bacterias, virus y nematodos perjudiciales, malezas resistentes a los herbicidas y contaminantes químicos como sales, plaguicidas y plásticos. Esta situación ha conducido a un conjunto de actores involucrados en la producción responsable de alimentos a considerar la regeneración de los suelos como una tarea fundamental para la agricultura sostenible. Entre las técnicas de bajo impacto ambiental que permiten liberar el suelo de estas limitantes de origen biótico se encuentra la biosolarización, que consiste en la combinación de dos técnicas: la solarización y la biofumigación. Dado el lema del evento, resulta necesario mencionar que la pionera de la solarización en Argentina fue la investigadora de INTA Irma Martinengo quien obtuvo desde la década del 80, excelentes resultados en ensayos de producción de frutilla y lechuga a campo y en invernadero. La solarización consiste en el uso de la energía solar para la pasteurización del suelo; para esto se lo sella con un polietileno nuevo o usado y se lo mantiene húmedo de manera que los propágulos de agentes perjudiciales se activen y mueran como producto de la humedad y las altas temperaturas. Este proceso puede durar entre 15 y 30 días según el momento del año en que se lo realice. Por otra parte, la biofumigación consiste en la liberación en el suelo de moléculas bioactivas provenientes de la materia orgánica y tóxicas para los patógenos. El término también se utiliza para tratamientos de postcosecha de frutas, desinfección orgánica de instalaciones de procesamiento de alimentos, etc. La biofumigación involucra la incorporación al suelo de residuos provenientes de residuos de cultivo, residuos locales, cultivos de servicio, etc. Las plantas más comúnmente utilizadas son las brásicas, pero también se reportan buenos resultados incorporando hojas de batata, sorgo, etc. Las brásicas han sido motivo de estudio por investigadores de todo el mundo debido a su capacidad de concentrar glucosinolatos en sus tejidos. Ante la detección de una amenaza o la ruptura de las células vegetales, los glucosinolatos acumulados en las vacuolas son hidrolizados por acción de la enzima mirosinasa y transformados en isotiocianatos, compuestos altamente tóxicos para gran cantidad de organismos y componentes de biofumigantes de síntesis química utilizados para desinfectar el suelo



en los cultivos intensivos. Existen variedades de distintas especies de brásicas como *Brassica juncea*, *Eruca sativa*, *Raphanus sativus* var. *oleiformis* que han sido diseñadas para liberar una cantidad de isotiocianatos al suelo capaz de reducir la presencia de organismos perjudiciales. El cultivo de estas plantas como antecesoras a los cultivos de renta permite, además, mejorar la fertilidad y estructura del suelo; gracias a sus raíces pivotantes (llamadas arados biológicos), estas plantas reducen la compactación del suelo y recuperan nutrientes de zonas profundas del perfil hacia la superficie. El éxito de esta estrategia depende de obtener una cantidad de biomasa entre 75 y 110 Tn/ha; para esto es necesario asegurar una adecuada emergencia y disponibilidad de agua, proveer de nitrógeno (100 kg/ha) y una cantidad de azufre (se recomienda relación N/S de 6) que promueva la síntesis de glucosinolatos. La presencia de agua en el proceso de crecimiento de las plantas y en la incorporación es esencial, así como también contar con herramientas necesarias para poder desmenuzar el material, incorporarlo y sellar el suelo para retener los gases que se generen. Se denomina biofumigación parcial al control de nematodos logrado por el efecto de los glucosinolatos que liberan las raíces de las brásicas. Para obtener un pantallazo general de los últimos avances sobre biofumigación y biosolarización en el ámbito internacional se puede consultar la página (<https://biofumigacion.ar/>), también desde la pestaña que dice Biblioteca se puede acceder a experiencias concretadas en Argentina.

En el INTA San Pedro se ha realizado un ensayo de biosolarización desde 2003 hasta el 2024 en un invernadero dedicado a la horticultura desde la década del 90, donde se habían registrado focos de *Nacobbus aberrans* e infecciones radiculares ocasionadas por *Pyrenochaeta lycopersici* y *Fusarium* spp. Se probaron cuatro tratamientos: 1=Control, 2=Solarización, 3=sucesión de enmiendas orgánicas (guano avícola, brócoli, guano avícola, brócoli, rastrojo de tomate y pimiento, mostaza Defina (*Sinapsis alba*, MD), rastrojo de tomate y verdolaga, brócoli, rastrojo de tomate, rúcula), 4=sucesión de brásicas (colza, brócoli, brócoli, MD, MD, MD, *Brassica campestris*, brócoli, *Brassica campestris*, rúcula + *B. carinata* cultivada en el invernadero. Estos tratamientos se realizaron cada dos años en primavera (32-41 días) o verano (12-37 días). El control de nematodos y patógenos fue satisfactorio desde el inicio en los tratamientos 2, 3 y 4. A partir del año 2007 en el tratamiento 2 se observaron valores de rendimiento y de número de plantas muertas al final de ciclo intermedios entre los tratamientos 3 y 4. A pesar de que en las parcelas biosolarizadas se observó la presencia de microorganismos benéficos como hongos del género *Trichoderma*, *Aspergillus*, así como actinomicetes, *Pseudomonas* fluorescentes, *Bacillus*, etc., los tratamientos realizados no lograron revertir el descenso en materia orgánica observado desde el inicio de la experiencia. Se observó, además, en el suelo del tratamiento 3, mayor presencia de abamectina e imidacloprid producto quizás del aporte de rastrojo de cultivo y una menor concentración de residuos de plaguicidas en el suelo en las parcelas del tratamiento 2. Se concluye que la biosolarización debe aportar al suelo una cantidad importante de materia orgánica, (superior a los 10 kilos de materia fresca por metro cuadrado) para no impactar negativamente sobre la calidad del mismo. Dado la eficacia de la técnica para reducir la población de patógenos, podría realizarse como herramienta de reseteo en suelos contaminados, en rotación con otras técnicas como la desinfección anaeróbica que también utiliza materia orgánica, pero en combinación con una reducción de la concentración de oxígeno en el suelo o el cultivo e incorporación de plantas biofumigantes.



Conferencia Magistral 2

Patrones macroevolutivos de la resistencia a pesticidas en malezas e insectos de cultivos agrícolas: mecanismos de resistencia, dominancia génica y costos adaptativos.

Vila-Aiub, M.¹

¹Facultad de Agronomía - Universidad de Buenos Aires, IFEVA – CONICET.

e-mail: vila@ifeva.edu.ar

La producción agrícola global depende en gran medida de los pesticidas para el control de malezas e insectos, lo que ha llevado a la selección de poblaciones resistentes. Se exploraron los patrones macroevolutivos de resistencia adaptativa a pesticidas en malezas e insectos que invaden sistemas agrícolas, enfocándose en los mecanismos de resistencia, la dominancia génica y los costos en el fitness. Insectos y malezas muestran un conjunto de defensas o mecanismos de resistencia que en forma similar minimizan eficazmente el efecto tóxico de insecticidas y herbicidas: degradación metabólica, reducción de la penetración o absorción, amplificación génica y secuestro. En tanto, mientras que la degradación mediada por simbiontes y la excreción de activos por fuera de los individuos, es casi exclusiva para insectos, las plantas pueden limitar la translocación de los herbicidas por sus tejidos minimizando su daño. Evidencias empíricas ilustran que mientras la resistencia a insecticidas puede mostrar mayoritariamente dominancia completa o recesividad, la dominancia de caracteres de resistencia a herbicidas varía en gran medida entre dominancia completa a incompleta. Asimismo, si bien no es una respuesta universal, insectos y malezas resistentes expresan costos en el fitness dependiendo del mecanismo de resistencia, aunque costos en el fitness en especies malezas parecen alcanzar mayores dimensiones. Así, se destaca la convergencia evolutiva en la selección de mecanismos de resistencia en plantas e insectos, la mayor probabilidad que tienen los insecticidas de controlar individuos heterocigotas, y la asociación de mayores costos en el fitness con la resistencia a herbicidas. Este conocimiento es importante para desarrollar estrategias sostenibles de manejo de insectos y malezas en la agricultura.



PRESENTACIONES ORALES



Protección vegetal en cultivos intensivos

01 Uso de nanopartículas basadas en quitosano para el control del tizón de la hoja en cebolla

Galeano, P.¹; Vásquez, N.²; Pardo, H.³; Franco Fraguas, L.¹; Galván, G.⁴; Alborés, S.²

¹Área de Bioquímica, Departamento de Biociencias, Facultad de Química, Universidad de la República (Udelar), Montevideo, Uruguay; ²Área de Microbiología, Departamento de Biociencias, Facultad de Química, Udelar, Montevideo, Uruguay; ³Área Física & Centro NanoMat, DETEMA, Facultad de Química, Udelar, Montevideo, Uruguay; ⁴Departamento de Producción Vegetal, Facultad de Agronomía, Udelar. Centro Regional Sur (CRS), Progreso, Canelones, Uruguay. e-mail: noheilly@gmail.com

La cebolla (*Allium cepa*) es uno de los principales cultivos hortícolas a nivel mundial y nacional. El tizón de la hoja causado por *Botrytis squamosa* causa pérdidas tanto en almácigos como durante el desarrollo del cultivo. El control químico de la enfermedad basado en fungicidas conlleva preocupaciones ambientales y sanitarias y la generación de resistencia por parte de los patógenos ha resultado en pérdida de su efectividad. El uso de nanomateriales biogénicos aporta al desarrollo de estrategias más sostenibles en el control de enfermedades por su acción antifúngica y capacidad para actuar como inductores de resistencia en plantas. En particular los basados en quitosano han mostrado su eficacia en varios patosistemas. Este trabajo estudia efectos de nanopartículas de quitosano (CSNPs) y nanohíbridos de quitosano-plata biogénicas (CS-PchNHs), obtenidas por nuestro grupo, en la interacción *A. cepa*-*B. squamosa*. Se realizaron ensayos in vitro para determinar si los nanomateriales inhiben el crecimiento de *B. squamosa* (CE₅₀). Los resultados mostraron una inhibición significativa por los CS-PchNHs, mayor que la causada por el quitosano comercial, no mostrando actividad las CSNPs. Se realizaron ensayos de desafío utilizando una variedad de cebolla susceptible (Regia) frente a una cepa de *B. squamosa*. Antes de la inoculación con el patógeno, grupos de plantas fueron tratadas con los nanomateriales o quitosano. Además de los síntomas, se evaluó en hojas la actividad de enzimas relacionadas con la patogénesis. El tratamiento con estos compuestos aumentó la actividad quitinasa en las plantas previo a ser inoculadas con el patógeno. Este efecto fue más notorio para los CS-PchNHs. Frente al patógeno, el tratamiento previo con estos compuestos redujo por igual los síntomas de la enfermedad. Las actividades peroxidasa, quitinasa y glucanasa aumentaron en respuesta al daño causado por el patógeno, pero también aumentaron en plantas pretratadas que tuvieron menor desarrollo de síntomas con efectos más claros para los nanocompuestos que para el quitosano. Estas respuestas variaron según el estado fenológico de la planta. Estos resultados sugieren para los CS-PchNHs un doble mecanismo de acción: efectos antifúngicos directos y activación de las respuestas de defensa de las plantas, mientras que las CSNPs actuarían a través de este último.

Agradecimientos: ANII Proyecto FMV_1_2021_1_167206; PEDECIBA; Universidad de la República.



O2 Diversidad genética en poblaciones de *Thrips tabaci* y resistencia en especies emparentadas a la cebolla

Porta, B.¹; González Barrios, P.²; Burger, K.³; Vosman, B.³; Scholten, O.³; Galván, G.A.⁴

¹Departamento de Biología Vegetal, Facultad de Agronomía, Universidad de la República; ²Departamento de Biometría, Estadísticas y Cómputos, Facultad de Agronomía, Universidad de la República; ³Plant Breeding Department, Wageningen University and Research Centrum. The Netherlands; ⁴Centro Regional Sur (CRS), Departamento de Producción Vegetal, Facultad de Agronomía, Universidad de la República. e-mail: bporta@fagro.edu.uy

Thrips tabaci es la principal plaga del cultivo de cebolla en Uruguay y en el mundo. Son responsables de daños directos, ocasionando más del 50% de pérdidas de rendimiento, e indirectos como vector de tospovirus y patógenos (*Stemphylium* y *Pantoea*). Es una especie plaga de difícil control dada su alta tasa reproductiva y amplia adaptación. Presenta alta diversidad, distribuida en tres grupos filogenéticos con adaptaciones específicas para modo reproductivo, rango de hospederos y resistencia a insecticidas. La resistencia de planta hospedera y la antibiosis resultan claves para su control, reduciendo su fecundidad y/o aumentando su mortalidad. Los cultivares de cebolla difieren en su sensibilidad a los trips pero no presentan resistencia completa, lo cual motiva la búsqueda y caracterización de fuentes de resistencia en *Allium* spp. emparentadas. El objetivo del trabajo fue determinar la diversidad genética, el modo reproductivo y la dinámica temporal de las poblaciones de *T. tabaci* en cultivos de cebolla y especies silvestres emparentadas en localidades de todo el mundo, así como caracterizar la resistencia a trips en *Allium* spp. Mediante secuenciación del gen COI, se caracterizaron 33 trips por localidad/tiempo (10 localidades alrededor del mundo, incluyendo cultivos de cebolla del norte y sur de Uruguay, durante 3 años). Las poblaciones de *T. tabaci* se diferenciaron en su diversidad genética y modo reproductivo, asociándose a variables meteorológicas (temperatura, precipitaciones, heladas y humedad relativa) durante el cultivo. Los haplotipos de *T. tabaci* se agruparon en dos grupos filogenéticos: thelytokous (partenogénicos) y arrhenotokous (sexuales y partenogénicos facultativos). Los thelytokous fueron el grupo con mayor distribución mundial, mientras que arrhenotokous y formas heteroplásmicas estuvieron presentes en localidades específicas. El haplotipo H1 (thelytokous) tuvo alta frecuencia y distribución a nivel mundial, probablemente asociada a la acción antrópica, amplia adaptación y bajas precipitaciones, variando en formas heteroplásmicas y no heteroplásmicas. Los haplotipos arrhenotokous fueron muy frecuentes en el norte de Uruguay y se asocian con altas precipitaciones, HR y temperatura. Se identificaron genotipos de *Allium* spp. resistentes a todos los grupos de *T. tabaci*, mostrando diferentes mecanismos de resistencia entre ellas. Asimismo, en las especies de *Allium* medianamente resistentes, los thelytokous mostraron mayor supervivencia que los arrhenotokous. *A. prostratum*, si bien mostró mayor tasa de oviposición, tiene un notable efecto de antibiosis, con mortalidad total de las larvas L1 para ambos grupos. Se espera determinar los genes relacionados con la resistencia y los mecanismos involucrados para su aplicación en el mejoramiento por resistencia.

Financiación: Esta investigación ha sido financiada por ANII (Agencia Nacional de Investigación e Innovación) - Uruguay, <https://www.anii.org.uy> mediante la beca de doctorado POS_EXT_2017_1_146409 en conjunto con Plant Breeding Wageningen University & Research, el proyecto TU18080, Topsector Horticulture and Starting Materials, the Netherlands, <https://www.topsectortu.nl/en>, en cooperación con Bejo Zaden B.V., <https://www.bejo.com>, East-West International B.V., <https://www.eastwestseed.com>, Vilmorin & Cie <https://www.vilmorincie.com>, Nunhems Netherlands B.V., <https://www.nunhems.com>, Takii & Company Ltd., <https://www.takiiseed.com>



O3 Identification and characterization of the grapevine trunk pathogen *Truncatella angustata*: Temperature effects and pathogenicity in Chilean vineyards

Mubeen, I.¹; Iqbal, S.¹; Nuñez, F.¹; Lolas, M.¹; Rodríguez-Herrera, P.²; Gaínza-Cortez, F.²; Díaz, G.A.¹

¹Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad de Talca. Talca, Chile; ²Viña Concha y Toro, Centro de Investigación e Innovación (CII), Penciahue, Chile. e-mail: g.diaz@utalca.cl

Grapevine trunk diseases (GTDs) represent a major threat to Chilean viticulture, with various fungal pathogens causing significant economic losses and vineyard decline. This study presents the first report of *Truncatella angustata* as an airborne grapevine trunk pathogen in Chile and investigates its temperature requirements and pathogenicity. Weekly spore monitoring was conducted throughout 2024 using spore traps equipped with vaseline-coated microscope slides in vineyards located in the Maule and Maipo Valleys (central Chile). Captured spores were cultured on potato dextrose agar (PDA) and identified through morphological and molecular analyses, including PCR amplification and phylogenetic analysis of sequenced isolates. Five isolates of *T. angustata* were successfully obtained and molecularly confirmed by DNA sequencing. Temperature assays revealed optimal mycelial growth between 20°C and 25°C, with significantly reduced growth at temperature extremes (5°C and 35°C), providing insights into the pathogen's ecological preferences. Pathogenicity was assessed using three experimental approaches: in vitro assays under controlled laboratory conditions, in vivo greenhouse experiments, and field trials. Three major grape cultivars—Cabernet Sauvignon, Sauvignon Blanc, and Merlot—were evaluated for susceptibility to *T. angustata* by measuring lesion lengths following artificial inoculation. All tested isolates exhibited pathogenic potential across all experimental conditions, confirming *T. angustata* as a causal agent of grapevine trunk disease. This research establishes the presence of *T. angustata* in Chilean vineyards, defines its temperature-related growth parameters, and demonstrates its pathogenicity across different grape cultivars and environmental conditions. These findings provide essential knowledge for developing targeted management strategies against this emerging pathogen in Chilean viticulture.

Financiamiento: ANID (Agencia Nacional de Investigación y Desarrollo) Beca de Doctorado Nacional, Folio 21221270.



Protección vegetal en cultivos extensivos

O1 Distribución, síntomas e interacción de *Xanthomonas prunicola* y *X. translucens* en trigo

Coimbra, L.¹; Clavijo, F.¹; Ferreira, V.¹; Ferrando, L.¹; Ghiazza, C.¹; González, S.²; Jacobs, J.M.³; Merfa, M.³; Pereyra, S.²; Siri, M.I.¹

¹Área Microbiología, Facultad de Química, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay; ²Protección Vegetal, INIA La Estanzuela, Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria, Colonia, Uruguay; ³The Ohio State University- Plant Pathology Department, Ohio, EEUU.
e-mail: lucoimbra@fq.edu.uy

La emergencia de nuevos patógenos representa una amenaza creciente para la agricultura. En trigo (*Triticum aestivum* L.), el principal patógeno bacteriano es *Xanthomonas translucens* pv. *undulosa* (*Xtu*), agente causal de la estría bacteriana (EB). *Xanthomonas prunicola* (*Xp*), descrita por primera vez en 2018 como un patógeno de *Prunus*, fue recientemente reportada como causante de necrosis bacteriana (NB) en trigo, siendo detectada en Uruguay, Brasil, Argentina y Estados Unidos, lo que sugiere una distribución emergente global. A diferencia de la EB que comienza como estrías foliares acuosas que progresan a necrosis marrón, la NB se manifiesta con lesiones necróticas secas. A pesar de su creciente prevalencia, el papel de *Xp* como patógeno del trigo y su interacción con *Xtu* aún no están bien caracterizados. El objetivo de este estudio fue investigar la epidemiología de *Xp* y su interacción con *Xtu* en trigo, evaluando su ocurrencia en chacras comerciales, posibles hospederos alternativos y patrones de colonización. Se realizaron relevamientos de chacras en el litoral oeste de Uruguay (octubre–noviembre de 2024) para analizar los posibles eventos de co-ocurrencia entre *Xp* y *Xtu*, el potencial epifítico y la presencia en malezas en áreas cercanas a los cultivos, detectándose *Xanthomonas* en el 26% de los 54 sitios muestreados. Entre los aislados, el 50% correspondió a *Xp* y el 20% a *Xtu*, mientras que el 30% correspondió a *Xp* aislados de otras gramíneas de los géneros *Bromus*, *Avena* y *Lolium*. No se detectaron coinfecciones de *Xp* y *Xtu*, lo que sugiere que estos patógenos ocupan nichos ecológicos distintos o presentan interacciones competitivas que limitan su coexistencia. Asimismo, para explorar su interacción con los tejidos del hospedero, se construyeron cepas reporteras fluorescentes de *Xtu* y *Xp* que fueron infiltradas en plantas de trigo. Mediante observación de las hojas infectadas por microscopía confocal de fluorescencia, se observó la colonización del mesófilo foliar con patrones diferenciados: *Xtu* se distribuyó de manera uniforme, mientras que *Xp* se presentó en acúmulos de células. En ambos casos se evidenció cierre estomático, indicativo de una respuesta de estrés de la planta. En conjunto, estos resultados aportan evidencia de la adaptación de *Xp* en cultivos de trigo, su persistencia en gramíneas no cultivadas que pueden actuar como reservorios y su patrón diferencial de colonización en los tejidos, información clave para diseñar estrategias de manejo que consideren la diversidad de especies de *Xanthomonas* que afectan este cultivo.

Financiamiento: ANII Beca de Doctorado POS_NAC_2023_1_(Lucía Coimbra); Proyecto ANII FCE_1_2023_1_176102: Caracterización de especies de *Xanthomonas* asociadas a cultivos de trigo: distribución, patogenicidad de interacción con la microbiota del hospedero.



O2 Turnip Yellows Virus (TuYV) en colza del litoral oeste uruguayo: análisis en el período 2023–2025

Delfino, J.¹; Silva, H.²; Ponce de León, I.¹; Hoffman, E.³; Cibils, X.⁴; Stewart, S.⁴; Agorio, A.¹

¹Departamento de Biología Molecular, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable, Montevideo, Uruguay; ²Facultad de Agronomía, Estación Experimental Mario A. Cassinoni, Paysandú, Uruguay; ³Unicampo Uruguay, Paysandú, Uruguay; ⁴Protección Vegetal, Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria, La Estanzuela, Colonia, Uruguay.

e-mail: jimeedelfino@gmail.com

El cultivo de colza (*Brassica napus*) se utiliza para la producción de aceite vegetal, biodiesel y alimento animal. A nivel mundial, este cultivo ocupa el segundo lugar después del cultivo de soja en cuanto a la producción de semillas oleaginosas, y en Uruguay se ha consolidado como un cultivo clave para la rotación invernal. Múltiples reportes indican que la producción de colza no alcanza su máximo potencial de rendimiento a nivel mundial y se postula que la infección por el virus *Turnip Yellows Virus* (TuYV) es un factor que contribuye significativamente a esta disminución. Si bien la infección por TuYV afecta a todos los componentes del rendimiento en este cultivo, suele pasar desapercibida debido a que los síntomas que genera (amarillamiento, enanismo, enrojecimiento foliar, clorosis intervenal, crecimiento atrofiado) se pueden confundir con aquellos causados por estrés abiótico. Por ello, para identificar un cultivo infectado de forma certera se requiere técnicas de diagnóstico moleculares. En 2023 nuestro equipo, reportó por primera vez la presencia de TuYV en Uruguay. Dado el gran impacto que el virus puede tener sobre los cultivos de colza, se ha vuelto necesario conocer más sobre el TuYV en nuestro país. En este trabajo se presenta los resultados obtenidos al estudiar la presencia del TuYV en plantas de chacras distribuidas a lo largo del litoral oeste uruguayo (departamentos de Paysandú, Río Negro y Colonia), en las zafra 2023, 2024 y 2025. Para la detección del virus se realizó RT-PCR con cuatro juegos de cebadores. Mientras que tres permitieron una detección del TuYV tan sensible como la alcanzada con la técnica serológica de DAS-ELISA, el cuarto permitió una detección por RT-PCR más sensible que DAS-ELISA. Un estudio filogenético utilizando secuencias de fragmentos genómicos de TuYV identificados en Uruguay, y secuencias de TuYV de otras partes del mundo, evidenció una alta variabilidad genética del TuYV en Uruguay. Esta capacidad del virus de generar variantes nuevas puede ser el origen de nuevas cepas (incluyendo cepas más agresivas o que afecten a variedades de colza actualmente tolerantes), por lo que es de interés seguir monitoreando al virus y su impacto. Contar con un sistema de detección del TuYV y generar información de su incidencia a nivel nacional es clave para diseñar estrategias de manejo del cultivo y la enfermedad, que fortalezcan la sostenibilidad de los sistemas agrícolas y reduzcan pérdidas económicas. Este trabajo pretende aportar al sector agrícola en este sentido.

Financiamiento: Proyecto INIA, Línea 3 - Convocatoria 2024: "Detección, Monitoreo y Control del Achaparramiento del Maíz en Maíz y Turnip Yellow Virus (TuYV) en Colza". Alicuota PEDECIBA Investigador.



O3 Identificación de SNPs relacionados con la resistencia al cancro del tallo de la soja causado por *Diaporthe caulivora*

Larzabal, J.^{1,3}; Monteverde, E.²; Rosas, J.³; Bonnacarrère, V.³; Quero, G.⁴; Ceretta, S.^{1,3}; Rodríguez, M.¹; Vanzetti, L.^{1,3}; Qiu, L.⁵; Gu, Y.⁵; Mena, E.⁶; Ponce De León, I.⁶; Stewart, S.¹.

¹Sistema agrícola-ganadero, Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria (INIA), Estación Experimental INIA La Estanzuela, Ruta 50 km 11, Colonia CP70000, Uruguay; ² Department of Crop Sciences, University of Illinois, Urbana, IL, USA; ³ Área de mejoramiento genético y biotecnología vegetal, Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria (INIA) Estación Experimental INIA Las Brujas. Ruta 48 km 10, Canelones, Uruguay; ⁴ Departamento de Biología Vegetal, Facultad de Agronomía, Univ. de la República, Garzón 809, Montevideo, Uruguay; ⁵ Institute of Crop Sciences, Chinese Academy of Agricultural Sciences (CAAS), Beijing, China; ⁶ Departamento de Biología Molecular, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable, Av. Italia 3318, Montevideo, Uruguay. e-mail: jlarzabal@inia.org.uy

El cancro del tallo causado por *Diaporthe caulivora* (sin. *D. phaseolorum* var. *caulivora*) fue reportado por primera vez en América del Norte a mediados del siglo XX, y es conocido como cancro del tallo del norte. Desde su detección en Uruguay en 2013, se considera una de las enfermedades más importantes del cultivo de soja, llegando a causar pérdidas de rendimiento de hasta un 24%. Hasta la fecha, solo se han reportado dos polimorfismos de un solo nucleótido (SNPs) y un locus de resistencia, *Rdc1*, en soja, aunque la ubicación genómica de *Rdc1* aún no ha sido publicada. Con el objetivo de investigar la base genética de la resistencia a *Diaporthe caulivora*, se llevó a cabo un estudio de asociación del genoma completo (GWAS) utilizando 318 accesiones de soja provenientes de China, Estados Unidos, Argentina y Uruguay. La genotipificación se realizó utilizando el chip BARCSoySNP6K. El fenotipado se llevó a cabo en condiciones controladas y de campo. En cámara de crecimiento, las plantas fueron inoculadas mediante el método “Stem wounding”, registrándose la longitud de la lesión y los días de supervivencia durante 12 días. Las evaluaciones en campo se basaron en infecciones naturales en los estadios R5–R6, a lo largo de dos años y dos fechas de siembra. Se identificaron cinco loci significativamente asociados a la resistencia: qDc11, qDc13, qDc14, qDc15 y qDc18, explicando el 6,1%, 17,7%, 8,5%, 11,8% y 7,7% de la varianza fenotípica, respectivamente. Entre ellos, qDc13 fue significativo en todos los modelos analizados dentro de GAPIT por lo que se estudiaron los genes en desequilibrio de ligamiento con este SNP. El principal gen candidato en esta región es Glyma.13G092200, que codifica una proteína de resistencia a enfermedades del tipo TIR-NBS-LRR. Sus dominios funcionales (NB-ARC, P-loop NTPasa, ADP Binding) respaldan un rol activo en la resistencia. Aproximadamente 240 kb upstream, Glyma.13G094100 y Glyma.13G094200 codifican proteínas PR-1, mientras que el gen cercano, Glyma.13G093300 codifica para un receptor de glutamato, lo que sugiere la presencia de un clúster de genes relacionados con defensa en esa región. Finalmente se concluyó que la arquitectura genética de la resistencia a *Diaporthe caulivora* es cuantitativa y poligénica. Se identificaron varios genes candidatos asociados a la respuesta a la enfermedad. Las investigaciones futuras deberían enfocarse en mapear finamente estos loci para confirmar su relevancia funcional y permitir su integración en estrategias de mejoramiento para la resistencia.

Financiamiento: Agencia Nacional de Investigación e Innovación e Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria (POS_NAC_2020_1_164264), y National Key Research and Development Program of China (2022YFE0203300).



Protección vegetal en cultivos forestales

O1 Primer reporte de *Ophelimus maskelli* (Ashmead, 1990) (Hymenoptera: Eulophidae) y su distribución en Uruguay.

Jorge C.¹; Pérez-Melo, L.¹

¹Laboratorio de Manejo Integrado de Insectos Forestales, sede Tacuarembó, CENUR NORESTE, Universidad de la República. e-mail: carolina.jorge@noreste.udelar.edu.uy

Las plantaciones forestales en Uruguay se han convertido en una de las actividades de mayor productividad del país, donde los *Eucalyptus* spp. representan más del 80% de las plantaciones comerciales. En las últimas décadas, los reportes de plagas forestales aumentaron exponencialmente. Los insectos agalladores han causado importantes daños en plantaciones forestales a nivel mundial. *Leptocybe invasa* y *Ophelimus maskelli* (Hymenoptera: Eulophidae) son las principales especies. Durante el verano de 2020, se encontraron hojas de *Eucalyptus camaldulensis* con agallas desconocidas en la ciudad de Tacuarembó. Las mismas fueron recolectadas y los adultos emergidos fueron sexados e identificados a nivel morfológico empleando bibliografía de referencia. Observamos dos especies de microavispa, siendo identificadas como *Ophelimus maskelli* y su parasitoide *Closterocerus chamalaeon* (Hymenoptera: Eulophidae). En este sentido, el objetivo de este trabajo es reportar por primera vez la presencia de *Ophelimus maskelli* y su parasitoide en Uruguay, además de evaluar su distribución. Para ello, se realizaron salidas de campo a plantaciones de *Eucalyptus* spp., en cortinas de eucaliptos colorados y en parques, en trece departamentos de Uruguay entre febrero de 2020 y julio de 2025. Las agallas de *Ophelimus* encontradas fueron recolectadas y colocadas en bolsas ziplock con los datos de colecta. Cada sitio con presencia de agallas de *Ophelimus* spp. fue georreferenciado usando GPS. En laboratorio, las muestras se mantuvieron en una cámara climática a 24 °C con fotoperiodo de 12:12 y se revisó diariamente la emergencia de los adultos. Los ejemplares emergidos fueron identificados, sexados y colocados en tubos con alcohol al 70% y algunos vouchers en alcohol absoluto. Se encontraron agallas de *O. maskelli* en 9 de los 13 departamentos muestreados. La emergencia de parasitoides fue variable, pero en la mayoría de los sitios de recolección (16 de 23) superó el 75%. En Colonia, Durazno y Soriano fueron más las emergencias de *Ophelimus*. En agallas colectadas en *E. globulus* se observó al menos una especie diferente a *O. maskelli*. Las perspectivas futuras se centrarán en el estudio del impacto de esta plaga en las plantaciones de *Eucalyptus* spp. en Uruguay y en la identificación molecular de los *Ophelimus* emergidos de *E. globulus*.

Financiamiento: Fondos RDT Carolina Jorge y Proyecto INIA FPTA 368. «Modificaciones anatómicas y fisiológicas de insectos agalladores en *Eucalyptus* y su aplicabilidad en mejoramiento genético como herramienta de manejo».



O2 Prospección de especies de *Calonectria* en viveros forestales de Uruguay

Scarabino, F.¹; Carbone, M.J.¹; Villano, V.¹; Reyna, R.¹

¹Fitopatología, Departamento de Protección Vegetal, Facultad de Agronomía, Universidad de la República. e-mail: fscarabino@fagro.edu.uy

El sector forestal en Uruguay ha experimentado un crecimiento significativo en las últimas tres décadas, consolidándose como el segundo rubro exportador agropecuario, siendo *Eucalyptus* el género más plantado en el país. La viverización es la primera etapa del complejo forestal en donde la producción de plantas está expuesta al ataque de diversos patógenos. Especies del género *Calonectria* causan enfermedades en vivero tales como damping-off, podredumbre radicular, mancha foliar y anillamiento de tallo ocasionando importantes pérdidas económicas. El objetivo de este trabajo fue realizar una prospección e identificación de las especies de *Calonectria* presentes en viveros de *Eucalyptus* de las regiones norte y centro este del país, mediante técnicas de caracterización molecular y morfológica. Para ello, se realizaron visitas a tres viveros y se colectaron plantines de *Eucalyptus* spp. con síntomas presumiblemente causados por *Calonectria*, y muestras de otros sitios donde podría encontrarse el patógeno como suelo debajo de mesadas, agua de riego, sustrato de primer uso y arena de canaletones, abarcando todas las etapas de viverización. Se procesaron en el laboratorio un total de 123 muestras, constatando la presencia del patógeno en un 11% de las mismas. Se obtuvieron 17 aislados los cuales fueron identificados molecularmente mediante las regiones génicas factor de elongación y beta tubulina, junto con 15 cepas adicionales de *Calonectria* obtenidas previamente en el marco del mismo proyecto. El análisis filogenético reveló que 24 aislados pertenecen al complejo *Ca. candelabrum* y ocho al complejo *Ca. cylindrospora*. Dentro del primero, todos los aislados se identificaron como *Ca. pauciramosa* mientras que del segundo, los aislados se agruparon en dos clados (cinco y tres), diferentes entre sí y al resto de las especies conocidas de *Calonectria*. Esto sugiere la existencia de especies nuevas aún no descritas. Complementariamente, la caracterización morfológica reveló una considerable diversidad entre los aislados de *Ca. pauciramosa*, cuyas estructuras coinciden con las descripciones reportadas en la literatura. Estos hallazgos amplían el conocimiento sobre la presencia y diversidad de *Calonectria* en viveros forestales de Uruguay destacando la importancia de continuar con estudios taxonómicos y filogenéticos de este patógeno.

Financiamiento: ANII Beca de Doctorados POS_NAC_2023_1_177661; Proyecto CSIC: CSIC Iniciación: “Etiología y epidemiología de la podredumbre radicular de *Eucalyptus* spp. causada por especies de *Calonectria* en Uruguay”.



O3 Feromona de agregación de *Cyrtogenius luteus*: una herramienta para el manejo de la plaga en plantaciones de pino en Uruguay

Zinola, G.¹; Larocca, A.I.¹; Pereyra, J.¹; Amorós, M.E.¹; Pardo, H.²; Seoane, G.³; Suárez, M.⁴; García Feijó, A.⁴; Piñeyro, G.⁴; Martínez, G.⁴; González, A.¹

¹Laboratorio de Ecología Química, Facultad de Química, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay; ²Centro NanoMat, Facultad de Química, Instituto Polo Tecnológico de Pando, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay; ³Laboratorio de Síntesis Orgánica, Facultad de Química, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay; ⁴ Laboratorio de Entomología Forestal, Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria, Tacuarembó, Uruguay. e-mail: giazinola@fq.edu.uy

Los escarabajos de corteza son transportados comúnmente en embalajes de madera, causando a menudo daños ecológicos o económicos en regiones no nativas. Hace aproximadamente una década, el escarabajo de corteza asiático, *Cyrtogenius luteus* (Curculionidae: Scolytinae), se reportó por primera vez en plantaciones de pino de Uruguay. Con el objetivo de generar herramientas para un manejo específico y efectivo, estudiamos el comportamiento y la química volátil de adultos de *C. luteus*, con énfasis en la identificación de feromonas. El análisis de compuestos orgánicos volátiles de trozas de pino infestadas por *C. luteus* permitió identificar una feromona de agregación emitida por machos. Este compuesto, identificado como p-1,8-mentadien-4-ol, fue sintetizado en el laboratorio y evaluado en ensayos de campo en una plantación de pinos infestada durante el otoño de 2023 y los veranos de 2024 y 2025 (temporada de vuelo del insecto). Se utilizaron trampas de panel cruzado con atrayentes genéricos para plagas de pino (trementina y etanol) en combinación con la feromona sintética dispuesta en distintos dispositivos: septos de goma, dispensadores monolíticos de ácido esteárico y caolina, y sachets comerciales de polietileno de alta densidad. En 2023, las trampas con feromona en septos de goma mostraron un aumento significativo de capturas del insecto (x25), en comparación con las trampas cebadas únicamente con atrayentes genéricos. En 2024, se incluyeron tratamientos adicionales: la feromona sola (sin atrayentes genéricos) y los dispensadores monolíticos. En este ensayo, la feromona en septos de goma incrementó las capturas (x5) y los cebos monolíticos también resultaron efectivos (x3), en comparación con los atrayentes genéricos. En cambio, la feromona por sí sola no fue atractiva. En 2025 se optimizaron los dispensadores monolíticos y se incorporaron dos tipos de sachets comerciales con diferentes tasas de emisión. Los resultados obtenidos muestran capturas significativamente mayores para los cebos monolíticos (X5) y septos de goma (X4), mientras que los sachets no se diferenciaron significativamente de los atrayentes genéricos. Esta feromona es, por lo tanto, una herramienta promisorio para el manejo de *C. luteus* en plantaciones de pino, tanto como para su uso en la detección temprana y la vigilancia en niveles bajos de población, así como una herramienta potencial para el trapeo masivo en condiciones de alta población y brotes. Los cebos monolíticos con matriz de ácido esteárico son una opción prometedora para su dispensación, cuya optimización deberemos seguir ahondando.

Financiamiento: ANII Beca de Maestría POS_NAC_2022_1_174146; ANII Beca de Doctorado POS_NAC_2024_2_183705.



Abordajes integrados en la protección vegetal

O1 Bacterias gram positivas como potenciales agentes de control biológico en cultivos hortícolas en Uruguay.

Costa, A.^{1,2}; Zeballos-Gorón, S.²; Battistoni Urrutia, F.¹; Siri, M.I.²

¹Laboratorio de Interacción Planta-Microorganismos. Departamento de Bioquímica y Genómica Microbianas, Centro de Investigaciones en Ciencias Ambientales, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable (IIBCE), Ministerio de Educación y Cultura (MEC); ²Laboratorio de Microbiología Molecular, Área Microbiología, Departamento de Biociencias, Facultad de Química, Universidad de la República. e-mail: acosta@iibce.edu.uy, acosta@fq.edu.uy

La horticultura constituye un sector clave dentro de la producción agrícola uruguaya, ya que asegura el acceso de la población a alimentos frescos y de calidad. Sin embargo, su rendimiento y calidad se ven limitados por la ocurrencia de enfermedades de origen bacteriano y fúngico, representando un desafío clave para garantizar el abastecimiento a la población. Frente a este desafío, los productores se apoyan principalmente en el uso de paquetes tecnológicos basados en agroquímicos, lo que plantea serias limitaciones en términos de sostenibilidad social, económica y ambiental. En este contexto, el objetivo de este trabajo es seleccionar y caracterizar bacterias promotoras del crecimiento vegetal con potencial para el control biológico de fitopatógenos en cultivos de *Solanum tuberosum* (papa), *Solanum lycopersicum* (tomate) y *Allium cepa* (cebolla). Para esto se seleccionaron 49 cepas de los géneros *Streptomyces*, *Bacillus*, *Paenibacillus*, *Priestia* y *Brevibacillus*, a partir de colecciones previamente construidas en el laboratorio. Estas se caracterizaron en cultivos duales frente a los fitopatógenos *Xanthomonas prunicola*, *Xanthomonas vesicatoria*, *Xanthomonas translucens*, *Xanthomonas gardneri*, *Ralstonia solanacearum*, *Streptomyces scabies*, *Streptomyces acidiscabies*, *Pantoea ananatis*, *Pantoea allii*, *Pantoea agglomerans*, *Rhizoctonia solani*, *Botrytis cinerea*, *Penicillium expansum*, *Fusarium graminearum*, *Fusarium verticillioides* y *Alternaria alternata*. Todos los fitopatógenos evaluados hasta el momento resultaron susceptibles contra al menos una de las cepas evaluadas. Las cepas más promisorias fueron seleccionadas para su secuenciación genómica. A partir del análisis *in silico* con herramientas como antiSMASH, se lograron identificar en los genomas analizados, 790 clusters genéticos potencialmente involucrados en la biosíntesis de compuestos bioactivos. Utilizando las herramientas BiG-SCAPE y MIBiG se obtuvo una visión integral del potencial biosintético de las cepas, lo que permitió realizar una selección racional para la realización de las siguientes etapas de ensayos en planta.

Financiamiento: Comisión Académica de Posgrado: Beca de Maestría 2025-2027; CSIC Grupos I+D 2305: "Estudios integrados para el manejo de patógenos bacterianos en cultivos hortícolas"; IIBCE-MEC, Programa de Desarrollo de las Ciencias Básicas (PEDECIBA).



O2 Podredumbre de uva madura en Uruguay causada por *Colletotrichum* spp.: identificación y caracterización de especies

Ferronato, B.¹; Mondino, P.¹; Scarabino, F.¹; Reyna, R.¹; Moreira, V.¹; Alaniz, S.¹

¹Fitopatología, Departamento de Protección Vegetal, Facultad de Agronomía, Universidad de la República. e-mail: ferronato@fagro.edu.uy

La podredumbre de uva madura (PUM), causada por hongos del género *Colletotrichum*, está causando brotes epidémicos cada vez más frecuentes en viñedos comerciales de Uruguay. En uvas cercanas a la madurez, provoca una podredumbre blanda que, usualmente, se cubre de masas mucilaginosas de esporas de color anaranjado-salmón, características del género. El objetivo de este trabajo fue identificar y caracterizar las especies de *Colletotrichum* causantes de la PUM en Uruguay. Se generó una colección de 68 aislados monospóricos a partir de frutos sintomáticos de 13 variedades y diversas zonas de producción del país. Todos los aislados mostraron aspectos morfológicos característicos de *Colletotrichum* (colonias blanquecino/crema a naranja/salmón o grises; conidios hialinos, unicelulares, fusiformes, con extremos agudos a redondeados). Para su identificación, inicialmente se analizó la región β -tubulina (β TUB2) lo que permitió agrupar a los aislados en los complejos de especies *C. gloeosporioides* (n=67) y *C. acutatum* (n=1). Para los aislados pertenecientes al complejo de especies *C. gloeosporioides* se adicionó el análisis de los genes ApMat y Gap2-IGS, mientras que para los aislados dentro del complejo de especies *C. acutatum* se agregó el análisis de los genes H3 y GAPDH. Los resultados evidenciaron que la PUM en Uruguay es causada mayoritariamente por especies del complejo *C. gloeosporioides*, con predominio de *C. viniferum* (68%), seguido de *C. aenigma* (25%), *C. alienum* (4%) y *C. siamense* (1,5%). Respecto al complejo de especies de *C. acutatum* se identificó únicamente a *C. acutatum* sensu stricto (1,5%). Para caracterizar las especies identificadas se seleccionaron aislados representativos de cada una y se realizaron pruebas de patogenicidad y evaluación de crecimiento a diferentes temperaturas en medio PDA. Los aislados fueron inoculados en uvas desprendidas y maduras de la variedad Tannat mediante aspersion y mantenidas en condiciones de alta humedad relativa. Al cabo de 9 días se desarrollaron los síntomas típicos de podredumbre blanda y su signo característico, confirmando que las cinco especies son capaces de causar la PUM. Respecto al estudio de crecimiento se determinó que todas las especies crecen en un rango de entre 5° y 35°C con un óptimo en torno a los 25°C, con excepción de *C. viniferum* cuyo óptimo se ubica cercano a los 30°C. Estos resultados aportan información relevante sobre la etiología y características epidemiológicas de las especies de *Colletotrichum* causantes de la PUM en Uruguay.

Financiamiento: Becas de apoyo a docentes para estudios de posgrado en la Udelar, Doctorado, 2024 (CA). Proyecto CSIC Grupos I+D 2022: Optimización del Manejo Integrado de enfermedades causadas por *Colletotrichum* en Vid y Citrus en Uruguay



O3 Aportes de franjas de *Thinopyrum intermedium* a la gestión integrada de plagas del cultivo de soja

Pereyra, F.¹; Thome, A.¹; Locatelli, A.²; Madeira, F.³; Silva, H.¹; Picasso, V.⁴; Pons, X.⁵; Abbate, S.^{1,2}

¹Departamento de Protección Vegetal, EEMAC, Facultad de Agronomía, Universidad de la República; ²Departamento de Ciencias Veterinarias y Agrarias, CENUR Litoral Norte, Universidad de la República; ³Escuela Superior Agraria del Instituto Politécnico de Santarém, Portugal; ⁴Departamento de Producción Animal y Pasturas Facultad de Agronomía, Universidad de la República; ⁵Departamento de Ciencias, Ingeniería Forestal y Agrícola, Universidad de Lleida, España. e-mail: alfothome.abv@gmail.com; francopereyra9555@gmail.com

La diversificación de paisajes agrícola-pastoriles brinda oportunidades para maximizar los servicios ecosistémicos y reducir el uso de agroquímicos. Se evaluó el efecto de franjas de un cultivo perenne doble propósito, *Thinopyrum intermedium*; ((Host) Barkworth & D. R. Dewey, 1985; tinopiro, Kernza), en la abundancia de artrópodos predadores e insectos parasitoides y fitófagos en soja. Se realizaron muestreos utilizando red entomológica, durante todo el ciclo de un cultivo sembrado en la Estación Experimental Dr. Mario A. Cassinoni, en Paysandú (2024/25). Cada quince días, se registró la abundancia de enemigos naturales en tinopiro (T), vegetación espontánea (VE) y soja (S), a diferentes distancias en relación a cuatro franjas de T (20 por 12 metros): 0 m (T); 4 m (VE); 10, 25, 40 y 55 m (S). Se ajustaron Modelos Lineales Generalizados Mixtos (GLMMs) y se realizaron comparaciones múltiples post-hoc con corrección por Sidak ($P < 0,05$) para determinar diferencias en la abundancia entre coberturas. La abundancia en función de distancias al tinopiro, se evaluó mediante modelos lineales y modelos polinomiales de segundo grado ($P < 0,05$). Se registraron 3937 artrópodos, de los cuales 1350 correspondieron a enemigos naturales. Entre los predadores predominaron las arañas. La abundancia (Media \pm EE) de este grupo obtenida durante 8 fechas fue significativamente mayor en T ($9,1 \pm 1,8a$) y VE ($7,1 \pm 1,3a$), en comparación con S ($3,9 \pm 0,3b$, $P < 0,0001$). Los parasitoides también resultaron más abundantes en T ($0,3 \pm 0,1a$) y VE ($0,3 \pm 0,1a$) en comparación con S ($0,1 \pm 0,03b$, $P < 0,0001$) y su abundancia disminuyó de manera lineal con la distancia a las franjas de T ($P = 0,01$). Entre las principales plagas, las lagartas defoliadoras fueron más abundantes en S ($9,9 \pm 1,5a$), en comparación con T ($0,8 \pm 0,2b$) y VE ($0,6 \pm 0,1b$, $P < 0,0001$), presentando un patrón cuadrático positivo en relación a la distancia a T ($P < 0,0001$). Las chinches fitófagas fueron más abundantes en S ($1,8 \pm 0,3a$), en comparación con T ($0,3 \pm 0,1b$) y VE ($0,6 \pm 0,1b$, $P < 0,0001$), presentando un patrón cuadrático positivo en relación a la distancia a T ($P = 0,001$). La inclusión de *T. intermedium* constituye una alternativa prometedora para diversificar paisajes agrícola-pastoriles, favorecer la conservación de artrópodos benéficos y aportar grano y forraje a los sistemas productivos, sin presentar un incremento en la abundancia de las plagas del cultivo de soja.

Financiamiento: Intensificación ecológica: aportes de un cultivo de grano perenne a la biodiversidad y el control biológico. FONDO VAZ FERREIRA. Ministerio de Educación y Cultura. Uruguay.



PRESENTACIÓN DE POSTERS



MÓDULO:

Protección vegetal en cultivos intensivos y abordajes integrados en la protección vegetal

P1 Trampeo masivo de trips con atrayentes alimenticios en el cultivo de morrón en el sur de Uruguay

Acosta, R.¹; Pardo, G.¹; Lorenzo, M.E.^{2,3}; Bao, L.¹

¹Universidad de la República, Facultad de Agronomía, Departamento de Protección Vegetal, Montevideo, 12900, Uruguay. ²Universidad de la República, Facultad de Agronomía, Departamento de Protección Vegetal, Salto, 50000, Uruguay. ³Entomología, Departamento de Ciencias Biológicas, CENUR Litoral Norte, Salto, Uruguay. e-mail: racosta@fagro.edu.uy

Los trips constituyen una de las plagas más importantes del cultivo de morrón bajo invernáculo, causando daños directos por su alimentación y oviposición, así como daños indirectos por ser vectores de virus. En relación a su manejo, el control químico ha resultado insuficiente para controlar esta plaga, siendo necesario la búsqueda de alternativas sustentables, compatibles con el manejo integrado y los programas de control biológico. La finalidad del ensayo fue evaluar la eficiencia del trampeo masivo de trips utilizando trampas pegajosas con atrayente alimenticio con dos distribuciones diferentes. Para ello, se seleccionaron dos predios del departamento de Canelones, uno con manejo integrado (MIP) y otro convencional (CON). Se instalaron tres tratamientos: (i) trampas con atrayente alimenticio dentro y fuera del invernáculo, (ii) trampas con atrayente dentro del invernáculo y (iii) invernáculo testigo sin trampas con atrayente. Se realizó monitoreo semanal en flores y quincenal con trampas pegajosas azules, estas últimas con la finalidad de conocer la dinámica poblacional en el entorno productivo. Además, se contabilizó el número acumulado de trips en las trampas con atrayente alimenticio. Las trampas con atrayente fueron reemplazadas en dos ocasiones de acuerdo con la durabilidad del atrayente. En el monitoreo de flores se observaron diferencias significativas entre los tratamientos en ambos predios. En el predio MIP, el mayor número de trips en flores se registró en el testigo, mientras que en el predio CON ocurrió en el tratamiento interno. Considerando las trampas pegajosas de monitoreo, el predio MIP no mostró diferencias significativas entre tratamientos. En el predio CON, las mayores capturas ocurrieron en el tratamiento interno y externo (i), respecto al interno y el testigo. Respecto al número de trips acumulado en el primer período de trampas con atrayente (28/11 al 28/2), el predio MIP muestra diferencias significativas entre los tratamientos, siendo el tratamiento interno y externo (i) el que capturó mayor número de individuos. En el predio CON, no se registró diferencias entre los tratamientos. En el segundo período (29/2 al 28/4), en el predio MIP no hubo diferencias significativas entre tratamientos, mientras que, en el predio CON el trampeo interno y externo (i) fue más eficiente. Para ambos períodos, el predio CON presentó un número de capturas acumuladas mayor respecto al predio MIP. Estos resultados demuestran que la eficiencia de los tratamientos puede variar de acuerdo con los métodos de control realizados y la dinámica poblacional de la plaga en cada predio.

Financiamiento: Convenio FPTA 383- Facultad de agronomía. Ensayo: "Trampeo masivo de trips con trampas pegajosas con atrayente alimenticio". FPTA 383 INIA-DIGEGRA-FAGRO



P2 Detección a campo de fitofagia por un depredador de plagas del tomate

Bao, L.¹; Lorenzo, M.E.^{2,3}

¹Universidad de la República, Facultad de Agronomía, Departamento de Protección Vegetal, Montevideo, Uruguay; ²Universidad de la República, Facultad de Agronomía, Departamento de Protección Vegetal, EEFAS, Salto, Uruguay; ³Entomología, Departamento de Ciencias Biológicas, CENUR Litoral Norte, Salto, Uruguay. e-mail: leticiaobao@fagro.edu.uy

Tupiocoris cucurbitaceus (Spinola, 1852) (Hemiptera: Miridae) es un depredador zoofitófago nativo, que se alimenta de varias plagas hortícolas como la mosca blanca (*Trialeurodes vaporariorum*), polilla del tomate (*Pthorimaea absoluta*), arañuela roja (*Tetranychus urticae*) y el pulgón verde (*Myzus persicae*), entre otros. En ausencia de presa, esta especie puede utilizar a la planta como fuente de alimento para sobrevivir. En otoño del 2020 se reportó la fitofagia de este depredador en un cultivo de tomate de ciclo largo en la zona de Melilla. La liberación del controlador había sido realizada en la primavera de 2019, posterior al inicio del ciclo del cultivo de tomate. Según lo detallado por el productor, al momento de la liberación, el cultivo ya contaba con incidencia de mosca blanca, situación que generó preocupación y determinó la aplicación de un insecticida con potencial de controlar a la plaga, pero de bajo impacto para el agente de biocontrol (spiroetomat). Hacia el otoño, el productor comenzó a observar altos niveles poblacionales de *Tupiocoris*, coincidente con una marcada reducción poblacional de mosca blanca, y se detectó en los frutos puntuaciones de alimentación. Surgió así la hipótesis de que esas marcas estaban siendo realizadas por *Tupiocoris*, por lo cual se nos solicitó realizar una evaluación. El objetivo de este trabajo es reportar este caso de fitofagia y cuantificar la incidencia del controlador y los daños observados a nivel de fruto. El invernadero afectado se dividió en 20 cuadrantes y en cada uno de ellos se seleccionó una planta de tomate al azar para ser muestreada mediante un aspirador de mano (Punktal PK-VC404, 15 segundos) y se realizaron evaluaciones de daños en fruto (puntuaciones características del depredador) en 20 plantas por fecha de muestreo. En cada planta, se contabilizó el total de frutos (verdes y pintados), y para cada caso el número de frutos con marcas de alimentación de *Tupiocoris*. En el período monitoreado, el máximo registro de individuos de *Tupiocoris*/planta (14.85 individuos totales) fue en la primera fecha de monitoreo (23/4/25), mientras que el máximo porcentaje de frutos totales con daño ocurrió el 27/5/20 (65%). Si bien la situación observada corresponde a la inspección de un predio, consideramos relevante su reporte dado que es una especie con gran potencial como controlador biológico. Se hace necesario profundizar en el estudio del comportamiento fitófago que la especie pueda presentar en condiciones productivas, lo cual ha provocado el desarrollo de investigaciones que se encuentran en marcha.

Financiamiento: AT Wesnay S.A.



P3 Depredación de *Jalysus sobrinus* (Hemiptera: Berytidae) sobre diferentes plagas asociadas a cultivos hortícolas

Pardo, G.¹; Bao, L.¹; Lorenzo, M.E.^{2,3}

¹Universidad de la República, Facultad de Agronomía, Departamento de Protección Vegetal, Montevideo, 12900, Uruguay; ²Universidad de la República, Facultad de Agronomía, Departamento de Protección Vegetal, Salto, 50000, Uruguay. ³Entomología, Departamento de Ciencias Biológicas, CENUR Litoral Norte, Salto, Uruguay. e-mail: gpardo@fagro.edu.uy

La chinche *Jalysus sobrinus* (Hemiptera: Berytidae) se ha registrado con frecuencia en áreas hortícolas de diferentes departamentos en Uruguay, como Montevideo, Canelones, Salto y Artigas, particularmente en producciones orgánicas y en transición del cultivo de tomate. Al insertar su aparato bucal en hojas y frutos ocasiona puntuaciones que reducen la calidad comercial del fruto. Incluso, una mayor problemática ocurre en cultivos de tomate Cherry, donde las lesiones causadas por la chinche provocan la pudrición del fruto, muchas veces manifestada en postcosecha. No obstante, este insecto presenta un régimen alimenticio zoofitófago, alimentándose tanto de tejido vegetal como de presas y como consecuencia, podría contribuir al control de plagas asociadas al cultivo. En este trabajo se evaluó la capacidad de depredación de adultos y ninfas de *J. sobrinus* frente a tres plagas frecuentes en tomate: “mosca blanca” *Trialeurodes vaporariorum* (Hemiptera: Aleyrodidae), “pulgón” *Myzus persicae* (Hemiptera: Aphididae) y “arañuela roja” *Tetranychus urticae* (Acari: Tetranychidae). Los ensayos en laboratorio incluyeron pruebas de elección por pares y un ensayo de cafetería, aislando al depredador durante 24 horas antes de su exposición a las diferentes dietas para estandarizar su voracidad. En el primero, el consumo fue evaluado a las 24 y 48 horas posterior a su liberación, mientras que, en el segundo, la evaluación se realizó a las 2, 4, 8 y 24 horas posterior a la liberación. En las pruebas por pares, *J. sobrinus* mostró mayor depredación sobre *T. vaporariorum*, así como preferencia por huevos de *T. urticae* frente a ninfas de *M. persicae*. No se observaron diferencias relevantes entre ninfas y adultos en su capacidad predatoria. En el ensayo de cafetería, el mayor consumo correspondió a *T. vaporariorum*, especialmente a las 24h. Mientras que, en los registros de 2, 4 y 8 horas, se observó una mayor tendencia a consumir ninfas de *M. persicae*, y por contrario, los huevos de *T. urticae* fueron la presa menos consumida. Estos resultados confirman la capacidad de *J. sobrinus* para alimentarse de diferentes presas y contribuir al control de plagas en tomate. A pesar de su capacidad predatoria, el daño directo en frutos compromete su aprovechamiento como agente de control biológico. Por ello, la determinación del umbral de daño económico será clave para definir un equilibrio entre su papel como enemigo natural y su impacto negativo sobre el cultivo.

Financiamiento: RDT Bao y Lorenzo



P4 Control de mosca blanca (*trialeurodes vaporariorum*) con diferentes tecnologías de aplicación

Volpi, J.¹; Sánchez, M.¹; Olveira, F.¹.

¹Mecanización Agrícola, Departamento de Suelos y Aguas, Facultad de Agronomía, Universidad de la República. e-mail: jvolpi@fagro.edu.uy

RESUMEN: La mosca blanca (*Trialeurodes vaporariorum*) es una de las plagas más importantes en el cultivo de tomate en invernaderos en Uruguay. El control de la misma se realiza principalmente mediante la aplicación de insecticidas químicos. La aplicación de estos insecticidas en invernaderos genera altos riesgos de contaminación para los operarios aplicadores. Una forma de reducir estos riesgos es reduciendo la exposición de los operarios utilizando sistemas de aplicación operados desde el exterior del invernadero. Existen evaluaciones de sistemas de aplicación comandados desde el exterior, en los que el plaguicida se inyecta en una red de tuberías con nebulizadores hidráulicos. En estas evaluaciones se observó que la deposición es similar a la obtenida con los equipos utilizados tradicionalmente para la aplicación de plaguicidas. Es necesario evaluar si dichos resultados son similares en control de plagas. El objetivo de este trabajo fue evaluar el control de mosca blanca con un sistema de nebulizadores hidráulicos, comandados desde el exterior del invernadero, para la aplicación de plaguicidas en un cultivo de tomate. Para ello se realizaron aplicaciones de insecticidas con 4 tratamientos: 1) Sistema de nebulización con nebulizador fogger, 2) sistema de nebulización con nebulizador tavit, 3) mochila neumática y 4) pulverizadora hidráulica con pistola. Se realizaron ensayos durante dos años en el mismo invernadero, asignando a cada parcela el mismo tratamiento durante los dos años. Se monitoreó la evolución de mosca blanca semanalmente, contando el número de adultos presentes en las tres hojas superiores. Cuando la población se encontraba dentro de los umbrales de control se realizaron aplicaciones de insecticidas. El efecto del tratamiento se evaluó mediante el porcentaje de control, medido a través de la ecuación de Abbott., la misma se calculó para tres aplicaciones. No se observaron diferencias entre tratamientos en las tres aplicaciones evaluadas. Por lo tanto, el sistema de nebulización, con los dos nebulizadores utilizados, genera un control similar al de los equipos que se utilizan tradicionalmente para la aplicación de plaguicidas en invernaderos de Uruguay. Teniendo en cuenta que este sistema reduce la exposición del operario al plaguicida y que el control fue similar al resto de los equipos evaluados, puede ser una buena opción para la aplicación de insecticidas para mosca blanca en invernaderos.

Financiamiento: ANII; Proyecto INNOVAGRO FSA 139485: Impacto de nuevas tecnologías de aplicación de plaguicidas biológicos y convencionales en la inocuidad de frutas, hortalizas, y la contaminación ambiental.



P5 Evaluación de hongos entomopatógenos para el control de *Diaphorina citri*

Pechi, E.¹; Amorós, M.E.²; Rodríguez, A.¹; Blanco, O.¹; Rivas, F.³

¹ Instituto Nacional Investigación Agropecuaria, Camino el terrible SN, Salto, Uruguay; ² Facultad de Química, Universidad de la República, Av. General Flores 2124, Montevideo, Uruguay; ³ Instituto Nacional Investigación Agropecuaria, Ruta 48 km 10, Canelones, Uruguay. e-mail: epechi@inia.org.uy

El psílido asiático de los cítricos, *Diaphorina citri* (Hemiptera: Psyllidae), es vector de las bacterias *Candidatus Liberibacter* spp., agentes causales del Huanglongbing (HLB). Esta enfermedad fue detectada por primera vez en plantas de traspacios en 2023 y actualmente representa el principal problema sanitario de la citricultura. Por tanto, el control efectivo de *D. citri* es esencial para la gestión integrada de la enfermedad. En este contexto, los hongos entomopatógenos se perfilan como una herramienta prometedora, especialmente en áreas de traspacio y en las etapas cercanas a la cosecha, donde el uso de productos químicos está restringido. El objetivo de este trabajo fue evaluar la patogenicidad *in vitro* sobre adultos de *D. citri* de cepas de hongos entomopatógenos de la colección de INIA-Uruguay: *Beauveria bassiana* ILB-308, *Isaria fumosorosea* ILB-269, *Lecanicillium longisporum* ILB256 y *Metarhizium robertsii* ILB-440 (n=60/tratamiento). Como testigo se utilizó agua destilada estéril con Tween 80 (0,02 %) (n=75). Los bioensayos se realizaron a 25 ± 2 °C, en placas de Petri (5 cm), aplicando 250 μ L de una suspensión de 1×10^8 conidios/mL sobre un papel de filtro. Se ofrecieron discos de hojas de *Citrus x limonia* como alimento. Se colocó un adulto por placa y se registró la mortalidad durante 10 días. Se observaron diferencias significativas en la mortalidad de adultos de *D. citri* entre los tratamientos (GLM, Binomial, $p < 0.05$). Las cepas más efectivas fueron *M. robertsii* y *B. bassiana*, con una mortalidad del 98%, sin diferencias significativas entre ellas (GML, $p=1$). Les siguió *I. fumosorosea* con 67% de mortalidad y *L. longisporum* con 33%, ésta última sin diferenciarse significativamente del testigo (19%) (GML, $p=0,38$). La máxima mortalidad asociada a las cepas se alcanzó alrededor del cuarto día post-tratamiento. En consecuencia, *M. robertsii* y *B. bassiana* se destacan como candidatos promisorios para su incorporación en estrategias de manejo integrado de plagas, orientadas al control sostenible de *D. citri*.

Financiamiento: INIA



P6 Efecto del veneno de *Aphytis* sp. en la parasitación del piojo de San José

Altessor, P.¹; García, A.¹; Pandulli, I.¹

¹Entomología, Dpto. de Protección Vegetal, Facultad de Agronomía, Universidad de la República. e-mail: paltessor@fagro.edu.uy

Aphytis sp. (Hymenoptera: Aphelinidae) es el parasitoide más promisorio para el control biológico del piojo de San José, *Comstockaspis perniciosus* (Hemiptera: Diaspididae) en frutales de hoja caduca del sur de Uruguay. Con el objetivo de su liberación masiva, un estudio previo orientado a optimizar su cría en laboratorio reveló una baja tasa de emergencia. Posteriores experimentos que exploraron las causas de esto mostraron que *Aphytis* sp. impide la muda pero no la reproducción de su hospedador. De esta forma, se comportaría como un ectoparasitoide coinobionte al permitir el desarrollo del hospedador pero no la muda, a diferencia de lo reportado para este género. Siendo que la etapa adulta del hospedador es la más parasitada, en este trabajo nos preguntamos cuál sería la ventaja de permitir la movilidad y reproducción de su hospedador y si la movilidad del hospedador podría estar relacionada con la baja tasa de emergencia del parasitoide. El objetivo de este trabajo fue evaluar el efecto del veneno tanto en el hospedador, *C. perniciosus*, como en el parasitoide. Para ello se realizó un seguimiento de escamas adultas del hospedador parasitadas por *Aphytis* sp. a las que se les sacó el huevo y escamas que se dejaron con el huevo, escamas no parasitadas a las que se les colocó un huevo del parasitoide, y escamas sin parasitar. Se obtuvo que la movilidad de las escamas parasitadas fue similar a la de las no parasitadas (Chi-cuadrado, $p=0.298$). Asimismo, las escamas con veneno y sin parasitoide alcanzaron el mismo tamaño que las escamas no parasitadas (Prueba T de Student, $T=1.76$, $p=0.08$). Las escamas parasitadas iniciaron la reproducción más tempranamente que las no parasitadas (Kruskal-Wallis, $H=6.38$, $p < 0.05$). Por su parte, el veneno de *Aphytis* sp. afectó su tiempo de desarrollo (Kruskal-Wallis, $H=8.91$, $p<0.01$), no así su supervivencia (Kaplan-Meier, $\chi^2 = 1.366$, $P=0.5$), ni el tamaño alcanzado por las pupas (ANOVA, $F=21.91$, $p>0.05$). Estos resultados refuerzan que *Aphytis* sp. es un ectoparasitoide coinobionte, que permitir la movilidad de las escamas afecta su supervivencia al ser eliminados por ellas, y que el veneno contribuye de manera limitada a su fitness.

Financiamiento: Partida de Dedicación Total, Universidad de la República.



P7 Efecto de la temperatura de campo sobre la parasitación de *Aphytis* sp. en *Comstockaspis pernicios*a: determinación del momento más apropiado de liberación

Larramendy, M.¹; Ferraz, N.²; Altesor, P.¹

¹Entomología, Dpto. de Protección Vegetal, ²Dpto. de Biometría, Estadística y Computación. Facultad de Agronomía, Universidad de la República. e-mail: marianelalarramendy@gmail.com

La utilización del parasitoide *Aphytis* sp. para el control del piojo de San José *Comstockaspis pernicios*a (Comstock) (Hemiptera: Diaspididae) representa una alternativa sostenible de manejo en Uruguay. Para optimizar sus liberaciones, es clave conocer cómo la temperatura afecta su eficacia. Esto fue evaluado previamente en laboratorio a temperaturas constantes, lo que nos permitió determinar los rangos térmicos en los cuales la parasitación es baja (<20 %), aceptable (20-80 %) y óptima (>80 %). Sin embargo, su análisis bajo condiciones variables de campo brinda información más realista sobre los momentos más adecuados de liberación. El objetivo fue evaluar en condiciones de campo el efecto de la temperatura en la parasitación de *Aphytis* sp. sobre *C. pernicios*a. El estudio se realizó en un cultivo orgánico de manzano en el sur del país, durante octubre, diciembre y febrero, cuando predominan las hembras de la plaga. Se colocaron jaulas con escamas y parasitoides (relación constante escamas/parasitoide, N=33 jaulas), permaneciendo durante 15 días, con registradores de temperatura junto a ellas. Posteriormente, en laboratorio se evaluó la parasitación mediante la observación bajo lupa de 100 escamas por jaula. Se correlacionó la tasa de parasitación con las horas acumuladas en los rangos térmicos: desfavorables bajas (0–17,4 °C), aceptables bajas (17,4–23,8 °C), óptimas (23,8–27,2 °C), aceptables altas (27,2–29,7 °C) y desfavorables altas (29,7–45 °C), para las 24 h, 72 h, 7 y 15 días. Las correlaciones fueron más altas en las primeras 24 h y 72 h. A partir de modelos mixtos obtuvimos que las horas en temperaturas desfavorables altas redujeron drásticamente la parasitación dentro de las 24-72 h, mientras que las horas en el rango óptimo la incrementaron solo en las primeras 24 h. A los 7 y 15 días, los efectos medios se atenuaron y no resultaron concluyentes. A partir del modelo aditivo generalizado se estimó, para las primeras 24 h, el tiempo en el que el parasitoide debe permanecer en los rangos de temperatura en que la parasitación se aproxima al 1%. Los resultados indicaron que serían unas 6,75 h en temperaturas desfavorables altas. Estos resultados indican que las temperaturas de las primeras horas tras la liberación son determinantes, siendo octubre más favorable que los meses siguientes, donde el calor afecta negativamente el éxito del control biológico.

Financiamiento: Partida de Dedicación Total, Universidad de la República.



P8 Condicionamiento olfativo en *Trichopria anastrephae*: ¿una herramienta ecológica para el control biológico de *Drosophila suzukii*?

Masagué, S.¹; Triñanes, F.¹; Puch, B.¹; De La Vega, G.²; González, A.¹

¹Laboratorio de Ecología Química, Facultad de Química, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay; ²Grupo de Ecología de Poblaciones de Insectos, IFAB, Bariloche (INTA-CONICET), Argentina. e-mail: [*santiagomasague@gmail.com](mailto:santiagomasague@gmail.com)

Trichopria anastrephae (Hymenoptera: Diapriidae) es un parasitoide pupal de drosofilidos con un potencial prometedor para el control biológico. Entre sus hospedadores objetivo se encuentra *Drosophila suzukii* (Diptera: Drosophilidae), una plaga invasora que infesta frutos blandos en maduración y causa daños económicos significativos en regiones productoras de berries a nivel mundial. Para mejorar el desempeño de *T. anastrephae*, es necesario comprender con mayor profundidad su comportamiento de búsqueda de hospedador, en particular su capacidad de respuesta a señales químicas asociadas a frutos. Este estudio evaluó si las hembras pueden modificar sus patrones conductuales mediante aprendizaje asociativo. Se aplicó un protocolo de condicionamiento clásico, exponiendo hembras a volátiles de frutilla (estímulo condicionado) en presencia de pupas de *D. suzukii* (estímulo no condicionado). Posteriormente, se realizaron bioensayos en un olfatómetro en Y para evaluar la preferencia hacia el estímulo condicionado frente a aire limpio. Los tratamientos de control incluyeron hembras naïve, hembras expuestas por separado a cada estímulo, y hembras expuestas a ambos estímulos de forma asincrónica ($n \geq 30$ por prueba). Las hembras expuestas simultáneamente a ambos estímulos mostraron una atracción significativa hacia los volátiles de frutilla ($p < 0.01$, test binomial), lo que evidencia un aprendizaje asociativo consolidado. El análisis químico de la mezcla de frutilla reveló la presencia de ésteres como el hexanoato de etilo, compuesto conocido por inducir respuestas antenales en *T. anastrephae*. Además, se observó un patrón de aprendizaje similar cuando se utilizó hexanoato de etilo como estímulo condicionado en los bioensayos ($p < 0.05$), lo que sugiere que las avispa pueden adquirir asociaciones tanto a partir de mezclas complejas como de compuestos volátiles individuales con valor informativo. Estos hallazgos demuestran que *T. anastrephae* establece asociaciones contingentes entre señales olfativas y presencia de hospedador, y que exhibe una plasticidad conductual de relevancia ecológica. Desde una perspectiva aplicada, el condicionamiento previo a la liberación (mediante exposición a volátiles frutales en presencia del hospedador), podría mejorar la retención del parasitoide en el cultivo y aumentar su eficiencia de búsqueda. Esta estrategia basada en el aprendizaje ofrece una vía prometedora para optimizar el control biológico y reducir el uso de insecticidas en sistemas de producción de frutos blandos.

Financiamiento: Agencia Nacional de Investigación e Innovación (ANII, Uruguay); Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria (INIA, Uruguay).



P9 Evaluación de la susceptibilidad de variedades de Vid al ataque de *Drosophila suzukii*

Pereyra Brun, J.¹; Masagué, S.¹; Triñanes, F.¹; Groba, H.¹; Amorós, M.¹; Martínez, C.²; Coniberti, A.²; González, A.¹

¹Laboratorio de Ecología Química, Departamento de Química Orgánica, Facultad de Química, Universidad de la República; ²Sección Viticultura, Sistema Vegetal Intensivo, Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria, INIA Las Brujas. e-mail: jpereyra@fq.edu.uy

Drosophila suzukii (Diptera: Drosophilidae) es una plaga mundial de frutas de piel fina. Detectada en Uruguay en 2015, causa daños significativos en cultivos frutales. En la vid (*Vitis vinifera*), la susceptibilidad al ataque varía entre variedades. Su presencia en uvas en proceso de maduración se asocia a un incremento de la podredumbre ácida, y facilita el daño secundario por otras moscas de la fruta. Con el objetivo de seleccionar una variedad susceptible para futuros ensayos de manejo por control biológico, se compararon tres variedades, Petit manseng, Sangiovese y Cabernet Volos, cultivadas en INIA, Las Brujas. Se tomaron muestras en cuatro fechas (Enero-Marzo 2025). En cada fecha, se evaluó la susceptibilidad ofreciendo 10 bayas a 10 moscas adultas (5 hembras y 5 machos). Luego de 24 h se contabilizaron los huevos y a los 10 días se determinaron las pupas presentes. Los ensayos se mantuvieron en cámara de incubación con temperatura, humedad y fotoperiodo controlados. Se realizaron 3 ensayos por variedad para la primera fecha y 4 ensayos en las restantes. Además, en cada muestreo se registraron parámetros fisiológicos de las bayas para seguir el estado madurativo. Para 20 bayas por variedad, se midió el contenido de azúcares solubles (°Brix), la fuerza de compresión y penetración, y la acidez titulable (g de ácido tartárico/100 mL de jugo). La firmeza de las bayas varió significativamente entre variedades a lo largo de la temporada (ANOVA, Tukey, $p < 0,0001$). Petit Manseng presentó la mayor fuerza de compresión y penetración en todas las fechas, mientras que Cabernet Volos fue significativamente más blanda. En los bioensayos, Petit Manseng no presentó huevos ni pupas, Sangiovese mostró niveles intermedios, y Cabernet Volos registró el mayor número de pupas en todas las fechas (GLM, $q, p < 0,05$). La fuerza de compresión y penetración mostró una correlación negativa significativa con la cantidad de pupas a los 10 días (regresión lineal $p < 0.0001$), sugiriendo que la resistencia de las bayas a *D. suzukii* podría estar asociada con características físicas, en concordancia con reportes previos en otras variedades. Los resultados de acidez y °Brix mostraron que todas alcanzaron la madurez. Petit Manseng presentó mayor °Brix en el último muestreo y fue la más resistente, mientras que Cabernet Volos fue la más susceptible. Esta información se extenderá a otras variedades, y se utilizará para la selección de variedades susceptibles para ensayar el control biológico por parasitoides para *D. suzukii*.

Financiamiento: CSIC/CAP-Udelar; INIA-FPTA



P10 Diversidad de respuestas fenotípicas en una colección núcleo de parientes silvestres de la papa de Uruguay

Gaiero, P.¹; Siri, M.I.²; Ferreira, V.²; Denis, N.²; González-Arcos, M.³; Rodríguez, G.³; Arias, M.³; Valle, D.³; Ibáñez, F.³; Stancov, V.¹; Hernández-Lista, N.¹; Núñez, N.¹; Víque, B.¹; Moreira, V.¹; González-Barrios, P.¹; Galván, G.¹; Vilaró, F.¹; Speranza, P.¹

¹Facultad de Agronomía, Universidad de la República, Uruguay; ²Facultad de Química, Universidad de la República, Uruguay; ³Instituto Nacional de Investigaciones Agropecuarias, Uruguay. e-mail: pgaiero@fagro.edu.uy

Varias enfermedades amenazan a la papa (*Solanum tuberosum*), provocando pérdidas significativas de rendimiento. Los parientes silvestres de la papa representan una fuente promisoriosa de resistencia a enfermedades para avanzar hacia sistemas de producción más sostenibles dentro de un manejo integrado. En Uruguay, se construyó una colección núcleo de papas nativas *Solanum commersonii* (cmm), *S. chacoense* (chc) y *S. malmeanum* (mlm). En este trabajo recopilamos los resultados de las evaluaciones preliminares de esta colección núcleo frente a las principales enfermedades del cultivo. Se evaluó la respuesta a *Ralstonia solanacearum*, *P. infestans* y *Streptomyces scabies* en 40 accesiones de cmm, mlm y chc. Se realizaron ensayos en 3 bloques completamente al azar (DBCA) en condiciones favorables para cada enfermedad. Para marchitez bacteriana, se inoculó con la cepa agresiva de *Ralstonia solanacearum* (Rs) UY0031, generando daño en raíz. Se evaluó síntomas desde el día 10 post-inoculación (dpi) y se calculó el AUDPC. Para tizón tardío se realizaron tres ensayos: en hoja desprendida, en planta entera en maceta y a campo, inoculadas con aislados de *P. infestans* ($1,5 \times 10^4$ esporangios/ml). La AUDPC a tiempo final se analizó con un modelo lineal general y se correlacionó los rankings de accesiones de los distintos ensayos mediante el coeficiente de Spearman. La respuesta a sarna se evaluó en tubérculos sembrados en macetas de 0.5L, cuyo sustrato se inoculó con la cepa St 129 (concentración). Se evaluó síntomas en los tubérculos al finalizar el ciclo para calcular índices de resistencia. Se encontró resistencia a Rs en accesiones de mlm y cmm, con resistencia extrema, sin latencia en accesiones mlm. También hubo accesiones susceptibles en las tres especies, mostrando todo el rango de respuestas. Para tizón tardío, encontramos accesiones resistentes, intermedias y susceptibles, con diferencias significativas. Algunas accesiones mlm y cmm destacan por tener baja afectación, mientras que chc parece ser muy susceptible. Hubo alta correlación entre los tres tipos de ensayo, pero mayor entre ensayos a campo y en maceta. La colección mostró un amplio espectro de respuesta frente a sarna común, con diferencias significativas. Todas las accesiones mostraron mayor resistencia que el control susceptible (cv. Arazatí). La colección núcleo evidenció gran variabilidad de respuesta fenotípica en todas las evaluaciones realizadas. Identificamos genotipos promisorios para ser usados en esquemas de premejoramiento por hibridación introgresiva, integrando toda la información aquí generada.

Financiamiento: Proyecto CSIC I+D 2020_462 y CSIC Grupos 2022 "Estudios integrados para el manejo de patógenos bacterianos en cultivos de importancia agrícola".



P11 Caracterización de parientes silvestres de la papa nativos de Uruguay por su resistencia a marchitez bacteriana

Núñez, N.¹; Rodríguez, G.²; Arias, M.²; González-Barrios, P.¹; Ferreira, V.³; Siri, M.I.³; Galván, G.¹; Speranza, P.¹, Vilaró, F.¹; Monteverde, E.⁴; Gaiero, P.¹

¹Facultad de Agronomía, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay; ²Instituto Nacional de Investigaciones agropecuarias (INIA), Montevideo, Uruguay; ³Facultad de Química, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay; ⁴Department of Crop Sciences, University of Illinois, Urbana, IL, USA. e-mail: nicolasnl@fagro.edu.uy

Ralstonia solanacearum es una bacteria fitopatógena altamente polífaga que ocasiona pérdidas económicas a nivel mundial. Su impacto es especialmente severo en el cultivo de papa, debido a su capacidad de permanecer en estado de latencia en los tubérculos. Dada la dinámica y ecología del patógeno, no existen métodos de control efectivos, por lo que la resistencia genética se presenta como una estrategia prometedora en el marco de un manejo integrado. Aunque aún no se ha logrado incorporar una resistencia duradera en papa cultivada, esta especie posee un acervo genético diverso. En particular, sus parientes silvestres representan una fuente potencial de resistencia frente a factores adversos. En Uruguay se distribuyen naturalmente tres especies emparentadas con la papa: *Solanum commersonii*, *S. malmeanum* y *S. chacoense*. El objetivo de este trabajo fue evaluar el nivel de resistencia a *Ralstonia solanacearum* en las tres especies silvestres de papa y profundizar en los mecanismos genéticos asociados. Para ello se secuenció la colección completa de materiales nacionales y se caracterizó genotípicamente a través de SNP. La evaluación fenotípica se realizó en condiciones óptimas para el desarrollo del patógeno. El inóculo se preparó con una cepa agresiva de la bacteria (UY031), correspondiente al filotipo IIB, secuevar 1. Se evaluó el área bajo la curva de progreso de la enfermedad (AUDPC). El análisis genético reveló la existencia de tres grupos bien definidos, además de individuos intermedios. Dentro de los mismos, se encontraron ploidías que van de 2x a 4x. Los resultados fenotípicos mostraron una amplia variabilidad entre individuos, desde materiales muy susceptibles hasta otros altamente resistentes. Entre los individuos resistentes, se evidenciaron distintas dinámicas en la evolución de la enfermedad., los genotipos más destacados pertenecen a la especie *S. malmeanum*, cuyo germoplasma ha sido escasamente caracterizado hasta la fecha. Los resultados obtenidos permitirán avanzar en la identificación de regiones génicas asociadas a la resistencia en las especies silvestres de Uruguay, lo que contribuirá a entender la base genética de estos comportamientos diferenciales y los posibles mecanismos de resistencia. Estos hallazgos, demuestran que los parientes silvestres de papa evidencian un alto potencial para ampliar la base genética del cultivo con respecto a su resistencia a la marchitez bacteriana.

Financiamiento: ANII Beca de Maestrías POS_NAC_2023_2_178774; Proyecto CSIC I+D: Caracterización de la respuesta y las bases genéticas de la resistencia a las principales enfermedades de la papa en sus parientes silvestres nativos de Uruguay.



P12 Caracterización de la resistencia cuantitativa de 'Regia' al mildiú de la cebolla

Arias, M.¹; Galván, G.²; Vicente, E.¹; González- Arcos, M.¹; Rosas, J.E.¹

¹Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria (INIA); ²Facultad de Agronomía, Universidad de la República. e-mail: marias@inia.org.uy

El mildiú de la cebolla, causado por *Peronospora destructor* (Pd) es una enfermedad foliar destructiva, de difícil control en condiciones de temperaturas moderadas y alta humedad relativa, frecuentes en Uruguay. La resistencia genética al mildiú ha sido un objetivo estratégico de mejoramiento y se cuenta con avances por parte de INIA y Facultad de Agronomía. La variedad 'Regia' (R), de origen brasilero, presenta resistencia parcial y ha sido utilizada desde 2007 en los programas nacionales de mejoramiento. Esta resistencia ha resultado consistente en el tiempo, pero de difícil transferencia. El objetivo de este trabajo fue estudiar la segregación de la resistencia cuantitativa entre y dentro de líneas de medios hermanos provenientes de un cruzamiento entre el cultivar susceptible 'Pantoso del Sauce CRS' (P) y la variedad 'Regia'. Se instaló un ensayo a campo en INIA Las Brujas durante 2024. La población estuvo formada por 2090 individuos: 574 plantas del cultivar 'P' (susceptible), 211 de 'R', y 1108 de 11 líneas de medios hermanos originadas a partir del cruzamiento dirigido entre la variedad 'R' y 'P'. Además, se incluyeron 197 individuos del cultivar híbrido 'Itaparica' (I). El diseño fue completamente al azar y la unidad experimental fue la planta. En las filas externas del cantero se sembró el cultivar 'P' para homogeneizar y aumentar la presión de inóculo. Todas las plantas fueron fenotipadas por severidad al mildiú con una escala del 0 al 9 en siete momentos a lo largo de la temporada a partir del inicio de aparición de síntomas (principios de setiembre), y se calculó el área bajo la curva de progresión de la enfermedad (AUDPC). La infección ocurrió naturalmente en el campo. A finales de octubre se evaluó el índice de bulbificación y el número de hojas como indicadores del desarrollo de las plantas. Se alcanzaron altos niveles de infección en 'P' (AUDPC 107, IC 95% 104-109), lo que aseguró la alta presencia de inóculo en el experimento, mientras que el cultivar 'R' tuvo un AUDPC de 35 (IC 95% 31-39). Tanto las líneas como el híbrido 'I' tuvieron un comportamiento intermedio entre los dos cultivares 'R' y 'P' (AUDPC 66, IC 95% 64-68). Este trabajo permitió confirmar la resistencia cuantitativa de la variedad 'R' y entender las bases de su herencia para el uso en procesos de mejoramiento genético. Se seleccionaron líneas adaptadas con altos niveles de resistencia que contribuyen a mejorar el germoplasma local.



P13 Identificación de factores genéticos relacionados con la resistencia al cancro bacteriano del tomate.

Vique, B.¹; Siri, M.I.²; Galván, G.A.³; González-Barrios, P.⁴; González, M.⁵; Alvarez, A.¹

¹Laboratorio de Fisiología Vegetal-Centro de Investigaciones Nucleares, Facultad de Ciencias, Universidad de la República; ²Laboratorio de Microbiología Molecular-Área Microbiología, Facultad de Química, Universidad de la República; ³Departamento de Producción Vegetal-Centro Regional Sur (CRS), Facultad de Agronomía, Universidad de la República; ⁴Departamento de Biometría y Estadística, Facultad de Agronomía, Universidad de la República; ⁵INIA Salto Grande, Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria. e-mail: alfonso.alvarez@fcien.edu.uy

El tomate (*Solanum lycopersicum*) es una de las hortalizas más cultivadas a nivel mundial y más consumidas en diversas culturas. Su producción es afectada negativamente por muchas enfermedades, entre ellas el cancro bacteriano ocasionado por *Clavibacter michiganensis* (*Cm*) y la marchitez bacteriana ocasionada por *Ralstonia solanacearum* (*Rs*). El control sanitario de ambas enfermedades presenta muchas dificultades debido a las características de estos fitopatógenos y los pesticidas químicos no son una medida eficiente para detener el avance de la enfermedad, además de afectar negativamente al ambiente. En este contexto, el uso de resistencia hospedera es una herramienta muy valiosa para el control de *Cm* y *Rs*. Actualmente no se dispone de cultivares con resistencia completa al cancro bacteriano, pero se han identificado algunos locus de rasgo cuantitativo (QTLs) asociados a la resistencia a *Cm*. En respuesta a la marchitez bacteriana, la generación de cultivares resistentes se ha dificultado por la naturaleza poligénica de la resistencia y el arrastre de características indeseables, aunque también han sido identificados algunos QTLs asociados con la resistencia a esta bacteria. Anteriormente, nuestro grupo de investigación identificó un alto nivel de resistencia simultánea a *Cm* y *Rs* en la línea de tomate "Ohio 4013". Con el objetivo de estudiar la base genética de esta resistencia, se generó una población segregante a partir del cruzamiento entre "Ohio 4013" y "TS 230" (línea susceptible), obteniendo resultados preliminares muy promisorios en las poblaciones F2 y F3. En el presente trabajo presentamos los resultados preliminares obtenidos de la evaluación fenotípica de la población segregante F4 (117 líneas) en respuesta a tratamientos con *Cm*. Se encontraron 40 líneas resistentes, 21 líneas susceptibles y las restantes 56 fueron líneas segregantes. Esta clasificación se complementará en el futuro con un mayor volumen de datos fenotípicos dentro de cada línea de la F4. Estos resultados, sumado al genotipado de polimorfismos de nucleótido único (SNPs) de los individuos de la población F4, nos permitirá realizar un mapeo de QTLs e identificar marcadores genéticos ligados a la resistencia frente a cancro bacteriano y validar posteriormente su eficacia frente a la marchitez bacteriana.

Financiamiento: Proyecto ANII FCE (FCE_3_2024_1_180887): "Identificación de factores genéticos relacionados con la resistencia simultánea al cancro bacteriano y marchitez bacteriana en una nueva fuente de resistencia de tomate". Proyecto CSIC Grupos I+D "Estudios integrados para el manejo de patógenos bacterianos en cultivos de importancia agrícola" (2023-2027).



P14 Análisis transcriptómicos de dos isolíneas de tomate en respuesta al hongo *Stemphylium lycopersici*: mecanismos de resistencia mediados por el locus Sm

González-Ghiena, A.C.¹; Álvarez, A.²; Arruabarrena, A.³; González-Arcos, M.³; Ponce de León, I.¹.

¹Departamento de Biología Molecular, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable, Montevideo, Uruguay; ²Laboratorio de Fisiología Vegetal, Facultad de Ciencias, Centro de Investigaciones Nucleares, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay; ³Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria- INIA Salto Grande, Uruguay. e-mail: anaclgonzalez92@gmail.com

El tomate (*Solanum lycopersicum* L.) es un cultivo de gran relevancia global y el segundo más importante en Uruguay. La mancha gris de la hoja, causada por hongos del género *Stemphylium*, es una enfermedad devastadora que provoca importantes pérdidas en las variedades susceptibles. En el marco del programa de mejoramiento del INIA, se generaron isolíneas de tomate con diferentes niveles de resistencia a *Stemphylium* mediante la incorporación del locus de resistencia Sm. Para identificar los mecanismos asociados a esta resistencia, se inocularon las isolíneas con un aislado virulento de *S. lycopersici* (UYSL32). Se observaron síntomas claros en la isolínea susceptible a los 5 días post inoculación (dpi), con progresión hacia necrosis y clorosis a los 9 dpi. En contraste, la isolínea resistente mostró solo pequeñas manchas a los 9 dpi y sin síntomas significativos a los 5 dpi. Se analizaron los transcriptomas de ambas isolíneas en plantas sin tratamientos, y a los 5 y 9 dpi comparándolos con un control tratado solo con agua. En plantas sin tratamiento, se identificaron 320 genes diferencialmente expresados (DEGs) entre las isolíneas. El análisis de enriquecimiento de ontología de genes (GO) reveló que, en comparación con la susceptible, la isolínea resistente mostró una inducción de DEGs en procesos biológicos como exportación de proteínas desde el núcleo, síntesis de cumarina, respuesta a estímulos bióticos, respuesta a estrés y regulación del ácido jasmónico. A los 5 dpi, la isolínea resistente presentó un aumento en la expresión de 257 DEGs, mientras que la susceptible mostró 688 DEGs. En la resistente, se observaron DEGs enriquecidos en funciones moleculares como actividad antioxidante, actividad catalítica y unión de ácido abscísico, así como en procesos biológicos como catálisis de componentes de la pared celular, detoxificación, respuesta a estrés y estímulo biótico, y proceso catabólico de quitina. A los 9 dpi, la resistente mostró 136 DEGs inducidos, mientras que la susceptible presentó 384 DEGs inducidos. En la isolínea resistente, se observó enriquecimiento de genes asociados a vías de señalización de hormonas y sistemas de transducción de señales. Por otro lado, la isolínea susceptible mostró un enriquecimiento en funciones moleculares como unión de polisacáridos y quitina, actividad oxido reductasa, actividad de proteína tirosina quinasa, y factores de transcripción. Estos resultados demuestran que la isolínea resistente presenta una activación de genes relacionados con la defensa, lo que podría explicar la resistencia observada frente a *S. lycopersici*. La microscopía confocal reveló alteraciones en la pared celular durante la infección, junto con una acumulación diferencial de especies reactivas de oxígeno (H_2O_2 y O_2^-): en la isolínea resistente, se observaron principalmente en células del mesófilo, mientras que, en la susceptible, se detectaron en células epidérmicas localizadas en la zona de la lesión.



P15 Interacción entre calcio, microbioma rizosférico y resistencia a la marchitez bacteriana en genotipos de papa

Reyes, E.¹; Raimonda, C.¹; Galliazzi, A.¹; Arias, M.²; Galván, G.A.³; Gaiero, P.⁴; Larama, G.⁵; Ferreira, V.¹; Siri, M.I.¹

¹Área Microbiología, Facultad de Química, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay; ²Unidad de Semillas, Instituto de Investigación Agropecuaria, Canelones, Uruguay; ³Departamento de Producción Vegetal, Facultad de Agronomía, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay; ⁴Departamento de Biología Vegetal, Facultad de Agronomía, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay; ⁵Laboratorio de Investigación en Biocontrol, Universidad de la Frontera, Temuco, Chile. e-mail: estefanireyescosta@gmail.com

Ralstonia solanacearum es el agente causal de la marchitez bacteriana considerada una de las enfermedades de plantas de mayor impacto económico a nivel mundial. En Uruguay, *R. solanacearum* afecta principalmente al cultivo de papa. Este patógeno se caracteriza por producir infecciones latentes asintomáticas que facilitan su diseminación y dificultan el control de la enfermedad. Nuestro grupo de investigación está enfocado en el desarrollo de germoplasma de papa con resistencia a *R. solanacearum*. La estrategia adoptada implica la introgresión de resistencia a partir de especies nativas silvestres como *Solanum commersonii* y *Solanum malmeanum*. Evaluaciones realizadas permitieron identificar genotipos con una respuesta diferencial frente a la infección por *R. solanacearum*. El análisis de la savia xilemática y de los tejidos vegetales mostró niveles más altos de calcio en los genotipos resistentes. Además, se comprobó que el calcio redujo tanto el crecimiento como la virulencia de la bacteria. Finalmente, al aplicar calcio por riego y luego de inocular las plantas con la bacteria, se observó una notable disminución de los síntomas, e incluso la ausencia de marchitez en algunos casos. En base a estos antecedentes, en este trabajo se propuso determinar el efecto del calcio sobre la colonización del patógeno y la composición del microbioma de la rizósfera de genotipos de papa con diferentes niveles de resistencia a la marchitez bacteriana. Como resultado, se observó que el calcio tuvo un efecto significativo en la colonización bacteriana del genotipo susceptible, afectando tallo, raíz y rizósfera en etapas tempranas de la infección, mientras que en el genotipo resistente este efecto se limitó a la raíz. En fases más avanzadas de la enfermedad, el calcio continuó mostrando un efecto relevante en la raíz del genotipo susceptible. Por otra parte, el análisis de la composición del microbioma rizosférico mediante secuenciación masiva del gen ARNr 16S reveló un efecto significativo del genotipo sobre la comunidad bacteriana. Además, en plantas inoculadas con el patógeno, se detectó un efecto significativo del calcio en la estructura de la comunidad bacteriana, particularmente en el genotipo susceptible. Este estudio aporta a la comprensión de los mecanismos de adaptación y virulencia de este importante patógeno y evalúa posibles herramientas para el control integrado de la marchitez bacteriana.

Financiamiento: Programa Despegue Científico 2023-2025 PEDECIBA, Programa Proyectos de I+D 2024-2026 - CSIC (22520240100529UD).



P16 Caracterización de compuestos volátiles de genotipos nacionales de frutilla para el manejo de la arañuela roja (*Tetranychus urticae*)

Barrios, P.¹; Vicente, E.²; Lorenzo, M.E.³; Rossini, C.⁴; González, A.¹; Parpa, F.¹

¹Departamento de Química del Litoral, Cenur Litoral Norte, UdelaR, Uruguay; ²INIA Salto Grande, Uruguay; ³Departamento de Ciencias Biológicas, Cenur Litoral Norte, UdelaR, Uruguay; ⁴Laboratorio de Ecología Química, Facultad de Química, UdelaR, Uruguay. e-mail: pbarrios@fq.edu.uy

La frutilla (*Fragaria x ananassa* Duch.) es un cultivo muy valorado por la población, desarrollándose principalmente en el departamento de Salto y representando un 50-60% de la producción nacional. El programa de mejoramiento genético de frutilla de INIA Salto Grande enfrenta un continuo desafío para la obtención de variedades que combinen calidad, productividad y tolerancia a plagas. Esta última característica es de gran relevancia, ya que la selección de variedades resistentes es una herramienta muy valiosa en programas de Manejo Integrado de Plagas (MIP). La arañuela roja (*Tetranychus urticae*) es un ácaro polífago causante de problemas fitosanitarios en varios sistemas hortícolas, y representa la principal plaga en cultivos protegidos de frutilla a nivel local, lo que hace que su control sea prioritario. El objetivo general de este proyecto es desarrollar métodos para la selección de variedades de frutilla resistentes a *T. urticae* mediante el estudio de compuestos orgánicos volátiles (VOCs) y el análisis metabolómico basado en resonancia magnética nuclear de protón (¹H RMN). En el presente trabajo se evaluaron, por un lado, los perfiles de VOCs de las variedades Ágata e Yrupé, desarrolladas por INIA SG, en diferentes estados fitosanitarios (plantas sanas y dañadas por *T. urticae*), mediante colecta y análisis por GC-MS. Por otro lado, se obtuvieron y caracterizaron los perfiles metabólicos de dichas variedades, en ambos estados, a partir de extractos de material foliar analizados por ¹H RMN. Se realizó la comparación de metaboloma foliar de distintos genotipos (identificados en preferidos/susceptibles por el programa de mejoramiento genético de INIA) mediante análisis estadísticos multivariados no supervisados (PCA), así como el desarrollo de modelos de clasificación utilizando análisis multivariados supervisados (PLS-DA, OPLS-DA). Mediante los análisis por GC-MS, y utilizando bases de datos de referencia para la identificación, se detectaron compuestos asociados a mecanismos de defensa vegetal en ambos genotipos. Actualmente, se están realizando ensayos de preferencia con *T. urticae* para evaluar la relación entre los perfiles de VOCs emitidos por cada genotipo en estudio y la atracción de la plaga hacia las diferentes variedades.

Financiamiento: Proyecto CSIC I + D. PEDECIBA Química en el marco del programa de iniciación a la investigación (PREXI 2024 - Primera Experiencia en Investigación).

Preferencia: Póster



P17 Hallazgos genómicos y evaluación de resistencia en Uruguay

De Armas, S.¹; Denis, N.¹; González-Barrios, P.²; Vicente, E.³; Galván, G.A.⁴; Siri, M.I.¹

¹Área Microbiología, Departamento de Biociencias, Facultad de Química, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay; ²Departamento de Biometría, Estadística y Computación, Facultad de Agronomía, Montevideo, Uruguay; ³Estación Experimental Salto Grande, Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria (INIA), Salto, Uruguay; ⁴Departamento de Producción Vegetal, Facultad de Agronomía, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay. e-mail: dearmasstefanie@gmail.com

La cebolla (*Allium cepa* L.) es una de las hortalizas más producidas y consumidas a nivel mundial, figurando entre las cuatro principales en Uruguay. En los últimos años la creciente incidencia de enfermedades bacterianas se ha vuelto una amenaza significativa para su producción, manifestándose como lesiones foliares, daños en tallos florales en semilleros y pudrición de bulbos durante el almacenamiento poscosecha. Para comprender mejor este problema y avanzar en su manejo, se realizó durante el período 2017-2021 un relevamiento y colecta de muestras sintomáticas de cebolla en las principales zonas productoras del país. *Pantoea* resultó ser el género prevalente con al menos 5 especies presentes: *P. ananatis*, *P. agglomerans*, *P. allii*, *P. eucalypti* y *P. vagans*. Con base en estos hallazgos, se propuso caracterizar a nivel genómico y patogénico las especies de *Pantoea* que afectan los cultivos de cebolla y evaluar la susceptibilidad/resistencia de variedades comerciales y líneas de mejoramiento del germoplasma del norte y del sur del Uruguay. Para ello, se seleccionaron 12 aislamientos representativos y se secuenciaron mediante un enfoque híbrido Oxford Nanopore–Illumina, obteniéndose genomas completos (cromosoma y plásmidos); el análisis confirmó la clasificación a nivel de especie, reveló una población diversa de cepas de *Pantoea* con potencial patogénico e identificó la presencia de dos especies nuevas recientemente propuestas —*Candidatus P. rara* sp. nov. y *Candidatus P. varia* sp. nov. Se evaluó la patogenicidad de aislamientos representativos, resultando *P. ananatis* y *P. agglomerans* las especies más virulentas, con síntomas severos y consistentes en hoja y bulbo. Por último, se implementaron ensayos de inoculación tanto en condiciones controladas como a campo para evaluar la expresión de síntomas foliares y en bulbo causados por estas dos especies de *Pantoea* patógenas. A nivel foliar, no se detectaron diferencias significativas de resistencia entre las variedades evaluadas. Asimismo, se determinó que otras especies de *Allium* relacionadas no forman parte del rango de hospedantes de las *Pantoea* patógenas de cebolla. En los ensayos de screening a campo se observaron diferencias entre cultivares: dentro de las variedades tempranas, Casera y la línea de mejoramiento SG05 fueron significativamente más resistentes; y, entre las de ciclo intermedio–tardío, se destacaron Pantanoso, Naqué y Santina. Estos resultados proveen insumos para el manejo integrado y para programas de mejoramiento orientados a generar cultivares de cebolla resistentes, contribuyendo a un mejor control de esta problemática en los sistemas productivos.

Financiamiento: Comisión Académica de Posgrado: Beca de Doctorado 2022-2025; Proyecto CSIC Iniciación 2022-2024: “Bacteriosis en cultivos de cebolla en Uruguay: caracterización genómica de especies de *Pantoea* patógenas y evaluación de resistencia en cultivares”. Proyecto CSIC Grupos I+D 2019-2023: “Bacterias fitopatógenas: mecanismos de resistencia hospedera y de interacción planta patógeno”.



P18 Diversidad de *Xanthomonas translucens* pv. *translucens* en Uruguay y optimización de métodos de aislamiento y detección

Ebeling-Koning, L.¹; Coimbra, L.²; Clavijo, F.²; Ferreira, V.²; Monesiglio, C.²; Pereyra, S.³; Siri, M.I.²; Beran, P.⁴; Jacobs, J.M.¹

¹The Ohio State University, Ohio, EEUU; ²Área Microbiología, Facultad de Química, Udelar Uruguay; ³INIA La Estanzuela, Colonia, Uruguay; ⁴University of South Bohemia, Ceske Budejovice, Czech Republic. e-mail: ebeling-koning.1@buckeyemail.osu.edu

Xanthomonas translucens pv. *translucens* (Xtt), agente causal de la estría bacteriana (EB) en cebada, representa una amenaza creciente para la producción debido a la falta de medidas de control químico efectivas. La caracterización de la diversidad genética y la distribución de los subgrupos de Xtt (LIN K0, K1 y K2) es fundamental para generar información aplicable al desarrollo de resistencia genética y al diseño de estrategias de manejo del cultivo. En relevamientos realizados durante los últimos tres años en campos de mejoramiento de cebada en Idaho (EE. UU.), los subgrupos K1 y K2 resultaron ser los más prevalentes, con proporciones relativamente estables en el tiempo y entre localidades. Además, se constató la coexistencia de múltiples subgrupos dentro de una misma lesión, evidenciando la complejidad epidemiológica del patógeno. Durante estos estudios se identificaron barreras, como la dificultad para aislar colonias puras y la laboriosidad de los métodos tradicionales basados en PCR en tiempo final y recuento en placa. El objetivo de este trabajo fue dar continuidad a estos estudios realizados en EE. UU., aplicando y adaptando metodologías para caracterizar la diversidad de Xtt en cultivos de cebada de Uruguay y optimizar las herramientas de aislamiento y diagnóstico disponibles. Se analizaron hojas de cebada recolectadas en chacras comerciales en 2024 y 2025. Para mejorar la estrategia de aislamiento, se desarrolló un medio selectivo (XNA), que mejoró notoriamente la recuperación de colonias de Xtt, reduciendo la interferencia de otros microorganismos en comparación con el medio NA. Además, se diseñó y optimizó un método de qPCR capaz de diferenciar los subgrupos K0, K1 y K2 de manera rápida, sensible y específica, proporcionando la posibilidad de cuantificar en futuros ensayos. Este trabajo permitió identificar por primera vez la diversidad de subgrupos de Xtt presentes en Uruguay y disponer de herramientas más eficientes para su detección. Las metodologías optimizadas reducen el esfuerzo de laboratorio y proporcionan una base sólida para estudios epidemiológicos, así como para el desarrollo de estrategias de manejo más efectivas para la EB en cebada en Uruguay.



P19 Caracterización de aislados de *Neopestalotiopsis* spp. asociados a la mancha foliar en frutilla

Giambiasi, S.L.¹; Moreira, V.²; Silvera-Pérez, E.¹

¹Fitopatología, Departamento de Protección Vegetal, Estación Experimental de la Facultad de Agronomía Salto, Universidad de la República; ²Fitopatología, Departamento de Protección Vegetal, Facultad de Agronomía, Universidad de la República. e-mail: esilvera@fagro.edu.uy

El cultivo de frutilla (*Fragaria x ananassa* Dutch.) es uno de los cultivos de importancia en Uruguay, con una superficie de aproximadamente 130 ha, producida por 150 productores y un rendimiento promedio de 30 ton/ha. Entre los factores que limitan su producción están las enfermedades causadas por las especies de *Neopestalotiopsis* spp., las cuales afectan hojas, pecíolos, estolones, frutos, raíces y coronas desde el vivero hasta la etapa productiva. Los síntomas foliares se inician como pequeñas manchas de centro marrón claro y bordes oscuros irregulares, las cuales pueden coalescer hasta cubrir completamente la hoja. Dado que en Uruguay no se conocen las especies de *Neopestalotiopsis* asociadas a las manchas foliares, este trabajo tuvo como objetivo caracterizar por morfología y análisis filogenético los aislados de *Neopestalotiopsis* obtenidos de hojas de frutilla sintomáticas. Durante el año 2024, se colectaron hojas con lesiones características de la enfermedad en 13 cultivos comerciales de Salto y en dos de San José. A partir del borde de las lesiones se obtuvieron nueve, de los cuales se seleccionaron cinco para su caracterización morfológica. El análisis morfológico en medio PDA mostró colonias de borde lobulado y coloración amarillo pálido. Los conidios presentaron cuatro septos, con dos células extremas hialinas y tres células centrales pigmentadas, con dimensiones promedio de 16,56 µm de largo (± 1,78 µm) por 7,61 µm de ancho (± 0,60 µm), con 3-5 apéndices distales. Mediante el análisis filogenético de la región *tef1*, solamente un aislado se agrupó con *N clavispora*. Un segundo aislado formó un clado bien sustentado con secuencias de *N formicarum* y *N surinamensis*, lo que sugiere una estrecha relación filogenética o la necesidad de ajustar su delimitación taxonómica. Los siete restantes se ubicaron en un clado que incluye las especies *N clavispora*, *N rosae*, *N hispanica*, *N protearum* y *N aotearoa*, pero sin resolución suficiente para asignarlos a una especie específica, por lo cual es necesario analizar otras regiones génicas para determinar su identidad. Este es el primer estudio en identificar las especies de *Neopestalotiopsis* asociadas a la mancha foliar de frutilla en Uruguay.



P20 Identificación de especies de *Colletotrichum* asociadas a la antracnosis de la frutilla en Uruguay

Moreira, V.¹; Ferronato, B.¹; Carbone, M.J.¹; Bóffano, L.¹; López, L.¹; Camacho, E.¹; González-Barrios, G.; Mondino, P.¹; Alaniz, S.¹; Silvera, E.¹

¹Departamento de Protección Vegetal, Fitopatología, Facultad de Agronomía, UdelaR–Uruguay
e-mail: vmoreira@fagro.edu.uy

La antracnosis, causada por hongos del género *Colletotrichum*, es una de las principales enfermedades que afecta el cultivo de frutilla. Estos patógenos pueden infectar todos los órganos de la planta ocasionando importantes pérdidas de rendimiento. Los principales síntomas consisten en atizonado de flor, podredumbre de fruto y muerte de la planta, cuando son afectadas la raíz y corona de la planta. El objetivo de este trabajo fue identificar las especies de *Colletotrichum* causantes de la antracnosis de frutilla en Uruguay, mediante su caracterización morfológica y molecular, y evaluar su patogenicidad. Se obtuvieron un total de 151 aislados monospóricos a partir de flores, frutos, pecíolos, hojas, coronas y raíces con síntomas, colectados a partir de diferentes variedades y regiones de producción del norte y sur del país. Inicialmente, todos los aislados fueron identificados mediante análisis filogenético basado en la región génica β TUB2, lo que permitió su agrupación en dos complejos de especies, *C. acutatum* (CaSc) y *C. gloeosporioides* (CgSc). Posteriormente, se seleccionaron 70 aislados representativos para la amplificación y secuenciación de las regiones génicas HIS y GAPDH en los aislados del complejo CaSc, y de las regiones ApMat y Gap2-IGS en los correspondientes al complejo CgSc. Dentro del complejo CaSc, se identificaron las especies *Colletotrichum nymphaeae* (56%) y *C. limetticola* (18%), mientras que *C. siamense* (25%) y *C. gloeosporioides* s.s. (1%) fueron identificadas dentro del grupo CgSc. Con base en estos resultados, se seleccionaron 17 aislados para su caracterización morfológica y la evaluación de su crecimiento micelial a diferentes temperaturas. Las colonias de los aislados del complejo CaSc se caracterizaron por presentar micelio blanco con pigmentación de color salmón a naranja, mientras que los aislados del grupo CgSc mostraron micelio gris con pigmentación gris oscura. Aislados de las cuatro especies demostraron capacidad para infectar frutos y generar síntomas típicos de podredumbre por antracnosis, lo que confirmó su patogenicidad. Según nuestro conocimiento, este constituye el primer reporte de *C. limetticola* asociada a la antracnosis de frutilla a nivel mundial.

Financiamiento: Fondo Carlos Vaz Ferreira (FVF_2023_527), Dirección Nacional de Innovación, Ciencia y Tecnología (DICYT)



P21 *Colletotrichum gloeosporioides* s.s. única especie causante de la caída de frutos posfloración en cítricos de Uruguay

Camacho, E.¹; Moreira, V.¹; Alaniz, S.¹; Mondino, P.¹

¹Fitopatología, Departamento de Protección Vegetal, Facultad de Agronomía, Universidad de la República. e-mail: ecamacho@fagro.edu.uy

La citricultura en Uruguay enfrenta diversas enfermedades que afectan su productividad, incluida la "caída de frutos posfloración" (PFD), causada por hongos del género *Colletotrichum*. Estos hongos producen necrosis y pardeamiento en órganos florales, especialmente en pétalos, tizón de flores, caída prematura de frutos y persistencia del cáliz. También causan manchas foliares, muerte de ramillas y podredumbre de frutos. Sobre los órganos afectados, usualmente se forman acérvulos conteniendo masas gelatinosas de esporas de color naranja a marrón. El objetivo de este estudio fue identificar las especies de *Colletotrichum* asociadas al PFD en Uruguay, utilizando enfoques fenotípicos y moleculares, y evaluar su patogenicidad en flores de limón. Se analizó una colección de 116 aislados monospóricos obtenidos de flores, hojas, ramas jóvenes y frutos sintomáticos de distintas especies y cultivares de diversas regiones del país. Las cepas se agruparon en cuatro morfotipos según su morfología colonial; sin embargo, el análisis inicial con el gen β TUB2, determinó que todos corresponden a la especie *C. gloeosporioides* sensu stricto. Los morfotipos se caracterizaron por: I, colonias oscuras con micelio blanco algodonoso y bordes difusos; II, centro beige a grisáceo con halo pálido y bordes definidos; III, crema a beige con anillos concéntricos y esporulación; IV, centro marrón oscuro y bordes irregulares. Posteriormente, para confirmar su identificación, se seleccionaron 50 aislados representativos de los cuatro morfotipos y se analizaron los genes APN2/MAT1 (IGS), Gap2-IGS y Apn2. De este conjunto, 20 aislados se utilizaron para la caracterización morfológica y los ensayos de crecimiento en diferentes temperaturas, evaluadas en un rango de 5 a 40°C con intervalos de 5°C, y 13 aislados para las pruebas de patogenicidad, realizadas mediante la inoculación de flores abiertas de limón con gotas de 10 μ L de suspensiones conidiales (1×10^6 conidios/ml). El análisis de las nuevas regiones génicas confirmó que todas las cepas efectivamente corresponden a *C. gloeosporioides* s. s. Todos los aislados crecieron entre 15 y 35°C con un óptimo entre 25-30°C, además, algunos crecieron a 10°C, otros a 40°C y ninguno a 5°C. Todos los aislados indujeron lesiones típicas de PFD en flores de limón dentro de las 24 horas posteriores a la inoculación. Estos resultados confirman que *C. gloeosporioides* s.s. es la única especie causante de la PFD en el muestreo realizado, sugiriendo que esta especie es un agente causal preponderante de la PFD en Uruguay, así como de las manchas foliares, muerte de ramillas y podredumbre de frutos. Este hallazgo constituye una base sólida para diseñar estrategias de manejo específicas y eficaces en la citricultura uruguaya.

Financiamiento: Proyecto CSIC: Optimización del Manejo Integrado de enfermedades causadas por *Colletotrichum* en Vid y Citrus en Uruguay



P22 Caracterización de *Pseudomonas* vinculadas a la necrosis de yema de flor de peral y primer hallazgo de *Pseudomonas cerasi* en Uruguay

Mastroianni, L.^{1,2}; Garaycochea, S.²; Leoni, C.¹

¹Sistema Vegetal intensivo, ²Área de mejoramiento genético y Biotecnología Vegetal, INIA, Las Brujas, Uruguay. e-mail: lucasmadia@gmail.com

La necrosis de la yema de flor del peral (NYFP) constituye un problema recurrente en montes de *Pyrus communis* en Uruguay, ocasionando pérdidas variables de producción entre años. Con el objetivo de esclarecer su etiología, se realizaron muestreos en montes comerciales de peral cv. Williams, colectando yemas sintomáticas y asintomáticas. A partir de estas muestras se conformó una colección de 75 aislados bacterianos para su caracterización fenotípica y genómica. Los 75 aislados se analizaron mediante reacción de Gram, fluorescencia en medio King's B, pruebas LOPAT y producción de AIA por la vía del triptófano empleando la técnica espectrofotométrica con el reactivo de Salkowski. Para el análisis genómico se seleccionaron 19 aislados representativos, los cuales fueron secuenciados, ensamblados y anotados. Con estos datos se construyó un árbol filogenético basado en el *core genoma* de *Pseudomonas*, incorporando además secuencias de genomas de referencia disponibles en bases de datos del NCBI. El análisis conjunto de la información confirma la asociación de la NYFP con *Pseudomonas spp.*, las cuales presentan perfiles compatibles con especies bacterianas fitopatógenas. Se confirma la diversidad de *Pseudomonas spp.* presentes, donde solo 1,3% de los aislados tiene un perfil LOPAT semejante a *P. savastanoi* pv. *savastanoi*, mientras que un 8% tiene un perfil semejante con *P. syringae* y por último un 4% tiene un perfil competente con *P. marginalis*. A su vez se establece por primera vez en Uruguay la presencia de *Pseudomonas cerasi* asociada a la NYFP. El hallazgo de *P. cerasi* en yemas de peral representa un aporte novedoso para el conocimiento de la diversidad bacteriana vinculada a esta problemática. Asimismo, constituye un punto de partida para el desarrollo de herramientas de diagnóstico y estudios posteriores que contribuyan a comprender mejor la etiología de la enfermedad y a delinear estrategias de manejo para la producción nacional de pera.

Financiamiento: Beca ANII POS_NAC_2022_2_173800, Proyecto INIA SVI02.

Preferencia: Presentación póster



P23 Susceptibilidad varietal de vid a *Diaporthe ampelina*, principal agente causal del Decaimiento por *Diaporthe* en Uruguay

Trefoglio, M.¹; Pereyra, F.¹; Moreira, V.¹; Scarabino, F.¹; Motta, L.¹; Reyna, R.¹; Ferronato, B.¹; Mondino, P.¹; Alaniz, S.¹; Carbone, M.J.¹

¹Fitopatología, Departamento de Protección Vegetal, Facultad de Agronomía, Universidad de la República. e-mail: mjcarbone@fagro.edu.uy

Las enfermedades fúngicas de la madera de la vid constituyen una de las principales limitantes sanitarias para el cultivo de la vid en las regiones vitícolas de todo el mundo. Dentro de éstas se encuentra el Decaimiento por *Diaporthe*, una enfermedad causada por especies del género *Diaporthe*. Los síntomas incluyen canchales y necrosis en el interior de la madera, brotación retardada, decaimiento y, eventualmente, la muerte de la planta. Prospecciones recientes realizadas en Uruguay confirmaron la presencia de esta enfermedad, tanto en plantas de vivero como en vides adultas, siendo *Diaporthe ampelina* la especie predominante asociada a los síntomas. Además, en ensayos de patogenicidad efectuados en la variedad Cabernet Sauvignon, demostró ser la especie más virulenta, por lo que se considera la principal responsable de la enfermedad en Uruguay. El objetivo de este trabajo fue evaluar si existen diferencias en la susceptibilidad a *D. ampelina* entre las principales variedades de vid cultivadas en el país. Para ello, se colectaron sarmientos de aproximadamente 50 cm de longitud de las variedades tintas Cabernet Sauvignon, Merlot, Moscatel de Hamburgo y Tannat, y de las variedades blancas Albariño, Chardonnay y Sauvignon Blanc, y se colocaron en frascos con arena humedecida. Inmediatamente se realizó una herida biselada, con bisturí estéril, en el centro de cada sarmiento y se inoculó con una suspensión conidial (1×10^6 conidios/ml) de *D. ampelina*. Se trabajó con dos de los aislados que se habían comportado como los más agresivos en los ensayos previos. Los sarmientos se mantuvieron durante tres meses a 25°C y fueron regados periódicamente para mantener la humedad. Finalizado el período de incubación, se retiró la corteza y se midió la longitud de las estrías necróticas causadas por el patógeno. Posteriormente y para confirmar la infección, se realizaron re-aislamientos desde la zona de avance del área necrosada. Todas las variedades evaluadas fueron colonizadas con éxito por el hongo, sin embargo, las variedades Cabernet Sauvignon, Tannat y Chardonnay fueron las que presentaron lesiones necróticas de mayor tamaño, sugiriendo que éstas son las más susceptibles. Estos ensayos serán repetidos para validar los resultados obtenidos.

Financiamiento: Proyecto CSIC I+D 2024. Estudio de la relación entre el Decaimiento por *Diaporthe* y la Excoriosis, dos enfermedades de la vid causadas por *Diaporthe ampelina*



P24 Identificación y patogenicidad de *Botrytis cinerea* y *B. prunorum* asociadas a la pudrición calicinal en peras durante postcosecha en Chile

Galdós, L.¹; Ferrada, E.²; Lolás, M.¹; Díaz, G.A.¹

¹Laboratorio de Patología Frutal, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad de Talca, Talca, Chile; ²Facultad de Ciencias Agrarias y de los Alimentos, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile. e-mail: liszoe.galdos@utalca.cl

La pudrición calicinal en peras (*Pyrus communis*) causada principalmente por *Botrytis cinerea*, es la principal enfermedad de postcosecha, que causa pérdidas entre el 20 y el 60% de la producción. A pesar del impacto económico, no existe información actualizada sobre su etiología en Chile. Por lo tanto, el objetivo de este estudio fue la identificación y patogenicidad de especies de *Botrytis* asociadas a la pudrición calicinal en peras durante postcosecha en Chile. Se seleccionaron 13 aislados representativos, de acuerdo con el patrón de esporulación y crecimiento micelial, y se identificaron mediante morfología y análisis filogenético multilocus (genes marcadores RPB2, HSP60, G3PDH, NEP1 y NEP2). Se determinó, la patogenicidad de los aislados de *Botrytis* a 0 y 20 °C en tres variedades de pera: Forelle, Packham's Triumph y Winter Nellis. Además, se evaluó la patogenicidad cruzada de las *Botrytis* spp. en frutos de cereza, uva, kiwi y manzana a 20 °C. Para ambas especies de *Botrytis*, se establecieron curvas de crecimiento micelial de 0 a 40 °C. Como resultado, se identificaron seis aislados de *Botrytis cinerea* y siete aislados de *B. prunorum*, con temperaturas óptimas de crecimiento micelial entre los 20-25°C. Los aislados de *Botrytis* evaluados desarrollaron lesiones en todos los frutos de peras inoculados, a ambas temperaturas de incubación, donde el cultivar Forelle fue significativamente más susceptible ($P < 0,001$) que los cultivares Winter Nellis y Packham's Triumph. También, se observaron lesiones necróticas en las otras especies de frutales hospedante ($P < 0,001$), como evidencia de la posible infección cruzada por *Botrytis* spp. De igual forma, se cumplieron los postulados de Koch en todas las frutas inoculadas. Los resultados obtenidos comprueban que *B. cinerea* y *B. prunorum* están asociados a la pudrición calicinal en peras durante postcosecha. Por otra parte, se observó, en los ensayos con peras, que los aislados de *B. cinerea* fueron más virulentos ($P < 0,001$) que los de *B. prunorum*, que existe una susceptibilidad varietal en perales y la potencial fuente de inóculo entre diferentes especies frutales. Estos resultados son útiles para tener en cuenta en las medidas de manejo y control de la pudrición calicinal en peras. Además, otros estudios son necesarios para establecer otras posibles especies del género como agentes causales.

Financiamiento: Becas de Doctorado de Agencia Nacional de Investigaciones y Desarrollo (ANID), Doctorado Ciencias Agrarias de la Universidad de Talca, FONDECYT no. 1210109 (ANID), Laboratorio de Patología Frutal, Universidad de Talca.



P25 *Diplodia mutila*: agente causal del tizón del tallo en arándanos de la Región del Maule, Chile.

Nuñez, F.B.¹; Hernández, Y.¹; Ferrada, E.²; Gutierrez, M.¹; Lolas, M.¹; Moggia, C.³; Lobos, G.³; Díaz, G.A.¹.

¹Laboratory of Fruit Pathology, Faculty of Agricultural Sciences, University of Talca, Talca, Chile. Av.Lircay s/n, Campus Lircay, Talca, Chile; ²Faculty of Agricultural Sciences and Food, University Austral of Chile, Valdivia, Chile; ³Plant Breeding and Phenomics Center, Faculty of Agricultural Sciences, University of Talca, Talca, Chile. Av. Lircay s/n, Campus Lircay, Talca, Chile. e-mail: fnunez@utalca.cl

El arándano es uno de los principales frutales de exportación en Chile, y la Región del Maule concentra 35% de la producción en una superficie aproximada de 6000 ha de producción. En enero de 2023, se observaron arbustos de arándanos cv. Brigitta, con síntomas de decaimiento, canchales basales, tizón del tallo y cañas (“bandera roja”), en una plantación comercial en Longaví, Región del Maule. Acorde a la sintomatología descrita, se observó una incidencia en campo del 8%. El objetivo de este estudio fue identificar el agente causal de los síntomas observados y confirmar su patogenicidad. Se colectaron cinco arbustos de 12 años, los tallos enfermos se desinfectaron y los tejidos internos se colocaron en PDA más 0.1% de Igepal. Se obtuvieron cuatro aislamientos que desarrollaron colonias de crecimiento rápido de color blanco a blanco-gris con abundante micelio aéreo y numerosos picnidios negros agregados. Los conidios eran unicelulares, hialinos, de paredes gruesas, de forma elipsoidal a cilíndrica, coincidiendo con el género. Para determinar la especie, los aislamientos fueron amplificados y secuenciados utilizando la región del espaciador interno transcrito (ITS1-5.8S-ITS2), una porción de la beta-tubulina (BT) y parte del gen del factor de elongación de la traducción 1-a (TEF), respectivamente. Las secuencias mostraron un 99% de similitud con las secuencias de *D. mutila*, aislado CBS 112553 ex-type. El árbol filogenético basado en las secuencias concatenadas de los tres aislamientos, utilizando el método de máxima parsimonia, agrupó los aislamientos en el mismo clado que el aislado ex-tipo CBS 112553. Las pruebas de patogenicidad se realizaron en plantas de arándano, cv. Brigitta, de cinco años, inoculando tallos con suspensiones de conidios (poner concentración) o tapones de micelio de los aislamientos de *D. mutila*. Los tallos desarrollaron lesiones necróticas y síntomas de marchitez, mientras que los controles permanecieron asintomáticos. *D. mutila* fue reaislado en 100% de los casos y reidentificado usando características morfológicas y la secuenciación de la región ITS, cumpliendo con los postulados de Koch. Este es el primer informe de *D. mutila* causando tizón del tallo en arándano en Chile y a nivel mundial.

Financiamiento: Proyecto Fondecyt 1210109 (Anid).



P26 Patogenicidad de especies de Botryosphaeriaceae y Diaporthe asociadas a cancro y decaimiento del nogal europeo (*Juglans regia*) en Chile.

Iqbal, S.¹; Ferrada, E.²; Elfar, K.³; Mubeen, I.¹; Eskalen, A.³; Lolas, M.¹; Díaz, G.A.¹

¹Laboratory of Fruit Pathology, Faculty of Agricultural Sciences, University of Talca, Talca, Maule region, 3460000, Chile; ²Faculty of Agricultural Sciences and Food, University of Austral of Chile, Valdivia, Chile; ³Department of Plant Pathology, University of California, Davis, CA 95616, USA. e-mail: g.diaz@utalca.cl

Recently, seven fungal species; *Diplodia mutila*, *Dothiorella sarmentorum*, *Neofusicoccum nonquaesitum*, *N. parvum*, *Diaporthe australafricana*, *Dia. foeniculina*, and *Dia. patagonica* has been recovered and characterized from English walnut (*Juglans regia*) trees exhibiting branch canker and dieback symptoms in commercial orchards in the Maule region, central Chile. Despite their consistent isolation from disease tissues, the pathogenic capabilities of these pathogens remain unconfirmed. This study evaluated the disease-causing potential of these Botryosphaeriaceae and *Diaporthe* species through controlled pathogenicity assays. Using both laboratory and field experimental protocols, four types of walnut tissues-mature fruits, young leaves, green shoots, and lignified twigs were artificially wounded and inoculated with either mycelial plugs or conidial suspensions from each of the seven fungal isolates. All tested species demonstrated pathogenic activity, establishing infections and producing necrotic lesions of varying sizes: 12-31 mm on fruit tissues, 3-21 mm on leaf tissues, 10-90 mm on green shoots, and 13-62 mm on lignified twigs. Among the tested pathogens, *D. mutila* and *N. parvum* exhibited the highest virulence levels, generating the most extensive lesions and severe symptomatology. *Neofusicoccum nonquaesitum* and *Do. sarmentorum* displayed intermediate pathogenicity, whereas the three *Diaporthe* species demonstrated relatively lower virulence. This research initially assesses pathogenic potential among Botryosphaeriaceae and *Diaporthe* species affecting English walnut in the Maule Region, Chile.

Financiamiento: Fondo Nacional de Desarrollo Científico y Tecnológico (FONDECYT), Grant/Award Number: 1210109; Beca Doctorado Folio no. 21220563 from ANID, Chile.



P27 Susceptibility of Walnut Pruning Wounds to Fungal Trunk Pathogens, and Conidial Release of *Botryosphaeriaceae* in the Maule Region, Chile

Iqbal, S.¹; Mubeen, I.¹; Lolás, M.¹; Díaz, G.A.¹

¹Laboratory of Fruit Pathology, Faculty of Agricultural Sciences, University of Talca, Talca, Maule region, 3460000, Chile. e-mail: g.diaz@utalca.cl

Branch canker and dieback, caused by *Botryosphaeriaceae* and *Diaporthaceae*, is a major disease of walnut (*Juglans regia* L.) worldwide. In Chile, the impact of pruning wound age and timing on susceptibility to these pathogens remains poorly understood. During 2023-24 and 2024-25, this study assessed the effect of pruning wound age in cv. Chandler walnut on infection caused by seven fungal species and simultaneously monitoring the seasonal conidial release of *Botryosphaeriaceae* spp. in the Maule Region, Chile. Lignified twigs were artificially inoculated at 1, 15, 30, and 45 days after pruning, and necrotic lesion lengths were measured six months post-inoculation. All fungal isolates caused significantly longer lesions than the control ($P < 0.0001$), with *Diplodia mutila*, *Neofusicoccum nonquaesitum*, and *N. parvum* being the most aggressive. Meanwhile, *Dothiorella sarmentorum* and *Diaporthe* species including *D. australafricana*, *D. foeniculina*, and *D. patagonica* induced the smallest lesions. Susceptibility decreased with increasing wound age, with a significant interaction between fungal species and pruning wound age. On the other hand, spore trapping of *Botryosphaeriaceae* revealed that spore dispersal was positively associated with rainfall ($r^2 = 0.81$, $P < 0.0001$), relative humidity ($r = 0.51- 0.61$, $P < 0.05$) and average temperature ($r = 0.32-0.58$, $P < 0.05$), but was either negatively or not significantly correlated with maximum temperature ($r = -0.59$ to -0.79 , $P > 0.05$). These results demonstrate that high rainfall, humid and moderate temperature are favorable conditions for conidial release. At the same time, infection risk declines with wound age, underscoring the need to adjust pruning schedules and preventive strategies to reduce disease risk in walnut orchards.

Financiamiento: Fondo Nacional de Desarrollo Científico y Tecnológico (FONDECYT), Grant/Award Number: 1210109; Beca Doctorado Folio no. 21220563 from ANID, Chile.



P28 Susceptibilidad y protección de heridas de poda de vid frente a *Neofusicoccum* spp. obtenidos desde diferentes hospederos frutales en la Región del Maule, Chile

Hernández, Y.¹; Elfar, K.²; Eskalen, A.²; Lolas, M.¹; González, P.¹; Nuñez, F.¹; Díaz, G.A.¹

¹Laboratorio de Patología Frutal, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad de Talca, Chile; ²Departamento de Fitopatología, Universidad de California, Davis, Estados Unidos. e-mail: yadira.hernandez@utalca.cl

En Chile, el cultivo de la vid (*Vitis vinifera* L.) ocupa cerca de 133.668 ha, de las cuales la Región del Maule concentra el 41% de la superficie nacional, posicionando al país entre los principales exportadores de vino a nivel mundial. Sin embargo, las enfermedades de la madera de vid, como la muerte regresiva por *Botryosphaeria*, representan una grave amenaza, causando pérdidas de rendimiento y acortando la vida útil de los viñedos. Estos hongos de la familia *Botryosphaeriaceae* ingresan a la planta a través de las heridas de poda, cuya susceptibilidad varía con el tiempo y las condiciones ambientales. Este estudio tuvo como objetivo evaluar la susceptibilidad de las heridas de poda y la eficacia de productos comerciales para su protección, utilizando dos aislados de *Neofusicoccum*: *N. arbuti* (obtenido de manzano) y *N. parvum* (obtenido de vid). Para determinar la susceptibilidad, se inocularon estacas de vides en invernadero y cargadores en campo a los 1, 15, 30, 45 y 60 días después de la poda. Se evaluó la longitud de la lesión y el porcentaje de infección (PI). En el ensayo de protección, se aplicaron inmediatamente después de la poda fungicidas con ingredientes activos como tetraconazol + tiofanato-metilo, fluxapirroxad + piraclostrobina, boscalid + piraclostrobina, y un biocontrolador (consorcio de *Bionectria ochroleuca*, *Trichoderma gamsii* e *Hypocrea virens*). Las heridas tratadas se inocularon a las 24 horas y a los 15 días después de la aplicación. En el ensayo de susceptibilidad, tanto en invernadero como en campo, las lesiones y el PI fueron significativamente más altos en heridas jóvenes (1 y 15 días). En invernadero, las lesiones iniciales de 211.8 mm (*N. parvum*) y 177.4 mm (*N. arbuti*) se redujeron a 35.0 y 11.4 mm, respectivamente, a los 60 días. El PI disminuyó del 97.3% y 93.3% a 28.0% y 20.7% en el mismo período. En el ensayo de protección, todos los tratamientos redujeron significativamente las lesiones. El fungicida tetraconazol + tiofanato-metilo y el biocontrolador fueron los más eficaces, logrando más del 80% de control a las 24 horas. Sin embargo, la efectividad de todos los productos disminuyó cuando la inoculación se realizó a los 15 días, con un control reducido al 26-75%. Estos resultados confirman que las heridas de poda de vid permanecen susceptibles a infecciones por *Neofusicoccum* spp. por un período prolongado y que la eficacia de los productos protectores disminuye notablemente con la edad de la herida.

Financiamiento: Beca de Doctorado Nacional de la Agencia Nacional de Investigación y Desarrollo (ANID, Chile) No. 21210299 y Fondo Nacional de Desarrollo Científico y Tecnológico (FONDECYT, Chile), No. 1210109: "Study of cross-infection, pruning wounds susceptibility, and effective protection in apple, blueberry, grapevine, kiwifruit, and walnut trees affected by *Botryosphaeriaceae* species in the Maule region, Chile."



P29 Evaluación de fungicidas químicos para la protección heridas de poda en manzanos contra especies de *Diplodia*, *Neofusicoccum* y *Lasiodiplodia*

Valdez-Tenezaca, A.¹; Nuñez, F.¹; Latorre, B.A.²; Lolas, M.¹; Mostert, L.³; Halleen, F.³; Díaz, G.A.¹.

¹Laboratorio de Patología Frutal, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad de Talca, Chile; ²Pontificia Universidad Católica de Chile, Facultad de Agronomía y Sistemas Naturales, Santiago, Chile; ³Department of Plant Pathology, University of Stellenbosch, Private Bag X1, Matieland, 7602, South Africa. e-mail: g.diaz@utalca.cl

La muerte regresiva por *Botryosphaeriaceae* spp. es una enfermedad que afecta los huertos de manzanos (*Malus x domestica* Borkh.), produciendo reducción del crecimiento de troncos, ramas y ramillas. Los síntomas incluyen lesiones vasculares marrones y necrosis en forma de cuña en la madera, desarrollando externamente canchales elípticos y decoloración de la corteza. El control de la enfermedad está enfocado a medidas preventivas, ya que no existe cura. Por lo tanto, en el presente estudio, se evaluó la eficacia de fungicidas químicos comerciales contra aislados de *Diplodia seriata*, *Diplodia mutila*, *Neofusicoccum arbuti* y *Lasiodiplodia theobromae* causando muerte regresiva en manzanos. Con este objetivo, se realizaron ensayos *in vitro*, donde se determinó la concentración inhibitoria CEED50 para 12 fungicidas comerciales: nombrarlos. Los mejores 8 fungicidas *in vitro* fueron seleccionados para ensayos *in vivo* en campo sobre ramillas lignificadas de manzano en condiciones de invernadero y de campo. Todos los fungicidas inhibieron el crecimiento micelial de los aislados evaluados *Botryosphaeriaceae* spp., donde los i. a boscalid (SDHI) y captan (Ptlamidias), lograron CEED50 elevados al compararlos al resto de los fungicidas. Los 8 productos seleccionados del *in vitro*, lograron entre 35 % (i.a. captan) y sobre 80% (i.a. benomil; tiofanato-metil; tiofanato metil + propiconazole) de reducción de severidad de infecciones por *Botryosphaeriaceae* spp. en invernadero. En condiciones de campo, se logró un 17% para el i.a. captan, 40% para los i.a. tebuconazole (DMI) y fluzinam (dinitro-anilinas) y sobre 50% de reducción de la severidad de la enfermedad con los i.a. benomil (BMC); tiofanato-metil (BMC); tiofanato metil (BMC) + propiconazole (DMI); fluxapirozad (SDHI) + pyraclostrobin (QoI); boscalid (SDHI) + pyraclostrobin (QoI). Los resultados muestran que los fungicidas explorados son buenos candidatos para su inclusión en programas de manejo integrado de enfermedades destinados a proteger las heridas de poda en infecciones por *Botryosphaeriaceae* spp. en manzanos.

Financiamiento: Proyecto FONDECYT no. 1210109; Beca Doctoral ANID 21221384



P30 Evaluación de productos inductores de resistencia para el manejo del repilo del olivo

Cayota, M.A.¹; Maique, A.¹; Ponce, A.¹; Núñez, R.²; Alvarez, A.L.²; Leoni, C.²; Bernaschina, Y.²; Valle, D.²

¹Universidad de la Empresa (UDE), Facultad de Ciencias Agrarias; ²Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria, Protección Vegetal-Sistema Vegetal Intensivo, Canelones, Uruguay.
e-mail: dvalle@inia.org.uy; ybernaschina@inia.org.uy

El repilo del olivo, causado por *Venturia oleaginea* (Castagne) Rossman & Crous, constituye una de las principales limitantes sanitarias del cultivo en regiones olivícolas de clima templado. Esta enfermedad provoca defoliación prematura, reducción de área fotosintética y pérdidas en el rendimiento y calidad del aceite. En Uruguay, donde la olivicultura ha adquirido creciente importancia económica en las últimas décadas, el repilo representa un desafío productivo relevante, cuyo manejo se sustenta principalmente en el uso de fungicidas. Sin embargo, el uso extendido de agroquímicos plantea serias preocupaciones debido a sus impactos ambientales, riesgos para la salud humana y la pérdida de eficacia por la aparición de poblaciones resistentes. En este contexto, surge la necesidad de evaluar estrategias alternativas que reduzcan la dependencia de agroquímicos convencionales. Una opción prometedora es el uso de inductores de resistencia, capaces de estimular las defensas naturales de las plantas, para un manejo preventivo de enfermedades. El objetivo de este trabajo fue evaluar la eficacia de distintos productos (bicarbonato de sodio, fosfito de potasio, quitosano y silicio más un control de agua) en el manejo de *V. oleaginea*. Se realizó un ensayo en plantas del cultivar 'Arbequina', mantenidas en macrotúneles en un diseño completamente al azar con cinco repeticiones por combinación de tratamiento y tiempo post-aplicación. Los tratamientos se aplicaron de manera foliar y se inocularon tres brotes por planta con una suspensión de conidios en diferentes momentos post-aplicación (2 h, 24 h, 72 h y 7 días). Se evaluó tanto la incidencia como la severidad mediante la escala de López-Doncel, revelando previamente las infecciones latentes con hidróxido de sodio. La severidad se analizó mediante un modelo lineal generalizado con distribución quasibinomial y comparaciones de medias de Tukey ($p < 0,05$). Los resultados mostraron que a las 24 horas post-aplicación el fosfito y el bicarbonato redujeron significativamente la severidad respecto al control, mientras que quitosano y silicio mostraron una tendencia a la reducción. Este efecto se mantuvo hasta las 72 h. A los 7 días el silicio resultó en una eficacia mayor respecto a los tiempos anteriores, mientras que el fosfito y el bicarbonato mantuvieron invariada su eficacia. Estos hallazgos evidencian el potencial de los inductores de resistencia como herramientas complementarias para el manejo preventivo del repilo, favoreciendo estrategias de control sostenibles en la olivicultura.

Financiamiento: proyecto INIA "SVI_02_0_00 - Protección Vegetal Agroecológica/ Componente 2 – Inductores de resistencia y productos naturales para el manejo de enfermedades"



P31 *Clonostachys rosea*: Identificación morfo-molecular y evaluación *in vitro* de su actividad como antagonista de *Diplodia seriata* de la vid (*Vitis vinifera* L.)

Quesada, Y.¹; Argandoña, Y.¹; Nuñez, F.¹; Gonzalez, P.¹; Mubeen, I.¹; Diaz, G.A.¹; Alonso, F.¹, Lolas, M.¹

¹Laboratorio de Patología Frutal, Facultad de Agronomía, Universidad de Talca, Chile. e-mail: mlolas@utalca.cl

Las enfermedades del tronco de la vid, causadas por hongos de la familia Botryosphaeriaceae, representan una amenaza fitopatológica significativa para la viticultura chilena. En este contexto, *Diplodia seriata* se reconoce como un patógeno predominante que compromete la productividad y longevidad de los viñedos. Hasta la fecha no existen tratamientos curativos contra estos patógenos; por ello, las principales estrategias de manejo en los viñedos se centran en la prevención de infecciones en las heridas de poda mediante el uso de protectores físicos, químicos o biológicos. Los antagonistas fúngicos nativos constituyen una alternativa sostenible a los métodos de control químico. Este estudio tuvo como objetivo identificar y caracterizar cepas de *Clonostachys rosea* aisladas de viñedos, huertos de kiwi y manzanos en la Región del Maule, y evaluar su actividad antagónica contra *D. seriata* bajo condiciones controladas. Se analizaron siete aislados de *C. rosea*, incluyendo cinco cepas de la colección del Laboratorio de Patología Frutal de la Universidad de Talca (CrUtal 1, CrUtal 3, CrUtal 4, CrUtal 6 y CrUtal 16), caracterizados por primera vez y dos cepas (R 36.1 y Cos ¾ 24), previamente reportadas de UC Davis Chile para fines comparativos. La caracterización morfológica se efectuó en medios de cultivo agar papa dextrosa (APD) y agar suplementado con aserrín de vid (APV), mientras que la identificación molecular se realizó mediante amplificación y secuenciación de la región ITS (cebadores ITS5/ITS4). Además, se llevaron a cabo ensayos de antagonismo dual en ambos medios de cultivo. Los ensayos de crecimiento micelial demostraron que las cepas de *C. rosea* se desarrollaron más rápidamente en APV que en APD, mostrando colonias planas y extendidas en APV, mientras que en APD el micelio presentó un crecimiento más aéreo y compacto. Los ensayos de cultivo dual evidenciaron una actividad antagónica consistentemente mayor en APV que en APD, resultando en una inhibición superior del crecimiento de *D. seriata*. Esta investigación caracteriza cepas nativas de *C. rosea* aisladas de hospederos frutales en Chile Central y demuestra su potencial como agentes de control biológico. Los resultados respaldan el desarrollo de estrategias de manejo sostenibles y ambientalmente responsables para mitigar las enfermedades de la madera en viñedos chilenos, basadas en el aprovechamiento de recursos microbianos autóctonos adaptados localmente.

Financiamiento: ANID (Agencia Nacional de Investigación y Desarrollo) Beca de Doctorado Nacional, Folio 21232092.



P32 Identificación de patógenos asociados a pérdidas poscosecha en boniato (*Ipomoea batatas* (L.) Lam)

Rubio, L.¹; Blanco, O.¹; Vicente, E.¹.

¹ Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria. e-mail: lrubio@inia.org.uy

El boniato (*Ipomoea batatas* (L.) Lam.) es un cultivo hortícola de gran importancia en Uruguay, tanto por su rol en la alimentación de la población como por su valor socioeconómico para la agricultura familiar. Su cosecha se concentra entre diciembre y mayo, pero su disponibilidad en el mercado se extiende casi todo el año debido a las prácticas de almacenamiento; sin embargo, en la etapa poscosecha las raíces son altamente susceptibles a enfermedades fúngicas que afectan la calidad, la conservación y generan pérdidas económicas. El objetivo de este trabajo fue identificar los agentes fúngicos asociados a lesiones, tales como podredumbres secas y blandas, observadas en raíces almacenadas. Para ello, se tomaron muestras de boniatos almacenados en el norte y sur del país, se realizaron aislamientos de la zona de avance de los síntomas, desinfectando previamente el tejido (con hipoclorito de sodio al 1%) y cortando pequeños trozos (3-5 mm) los cuales se sembraron en medio de cultivo agar papa dextrosa (PDA), seguido de incubación a 25 °C en oscuridad hasta la aparición de estructuras reproductivas. La identificación se efectuó mediante observación microscópica del micelio y las esporas y la utilización de claves taxonómicas. Se detectaron los siguientes patógenos: *Phomopsis* sp., responsable de lesiones hundidas, secas y negras, con pulpa de aspecto corchoso y color marrón; *Macrophomina* sp., generó podredumbre seca y oscura, frecuentemente con grietas, pulpa de aspecto granuloso o pulverulento, de tonalidad marrón a negra, con presencia de gránulos negros (microsclerocios); *Fusarium* spp., causante de podredumbres secas y duras, que pueden estar cubiertas por mohos blanquecinos o rosados, en las que la pulpa presenta una coloración marrón claro a rojiza; y *Lasiodiplodia* sp., asociado principalmente a podredumbres blandas y oscuras, con posible presencia de picnidios. Finalmente, la patogenicidad de los aislados fue confirmada mediante inoculación en raíces sanas, lo que verificó su capacidad de inducir los síntomas descritos. Estos resultados constituyen un aporte al conocimiento de las enfermedades poscosecha en boniato, fundamentales para diseñar estrategias de manejo y conservación del cultivo.

Financiamiento: INIA; Sistema Vegetal Intensivo, Proyecto Mejoramiento Genético Hortícola.



P33 Control de enfermedades que afecta al cultivo de batata (*Ipomoea batatas*) en pre y postcosecha

Mitidieri, M.¹; Brambilla, V.¹; Piris, E.¹; Heguiabehery, A.¹; Marcozzi, P.¹; Manresa, S.²; Manresa, N.²; Ferrari, M.¹; Peralta, R.³; Sanchez, F.³; Perello, E.¹; Segade, G.¹; Pujal, C.¹; De Vicenzi, S.⁴; Frangi, E.⁴

¹EEA INTA San Pedro, Ruta 9 km 179, San Pedro, Bs. As., Argentina; ²Reina Batata SRL;

³Asesoras privadas, ⁴Productores de San Pedro. e-mail: mitidieri.marriel@inta.gob.ar

En la zona de San Pedro (provincia de Bs. As, Argentina) el cultivo de batata es afectado por patógenos como *Fusarium spp.*, *Plenodomus destruens* (PD), *Monilochaetes infuscans*, etc. y plagas como el gorgojo (*Naupactus spp.*, *Pantomorus spp.*), en los últimos tiempos se han registrado síntomas atribuibles a toxicidad por herbicidas (TH) aplicados a cultivos antecesores. Con el objetivo de contribuir al manejo de enfermedades que afectan al cultivo de batata en la zona de San Pedro, y estimar el impacto sobre el rendimiento de la TH en la etapa de almácigo, se realizaron 3 ensayos (E). E1 consistió en comparar tratamientos preventivos a guías (G=brotes cortados a 5 cm de la raíz madre) y plantines (P= arrancados con raíces de la batata semilla) al transplante (T) y luego de T: uno al suelo (100 cc/planta y tres foliares, a 29, 60 y 92 días de T). Los tratamientos fueron 1=Testigo, 2= extracto de ajo (AJ, Renap 6%), 3= Captan en T y luego Spinosad. El ensayo se realizó en la EEA San Pedro, se utilizó material proveniente del INTA y de un productor que manifestaba TH en el almácigo (PTH). E2 se realizó en el campo de un productor, se compararon tratamiento a las raíces en drench (D) y por aspersion al almácigo (AL), los tratamientos probados fueron: 1=testigo, 2= extracto de ajo, 3=captan + cercobin, 4= captan + cercobin + metiltolclofos. E3 se realizó en una planta procesadora de batata donde se compararon raíces lavadas a mano (LM) vs raíces procesadas a máquina (LMAQ); las mismas fueron luego tratadas con distintos fungicidas: 1= Testigo, 2=Fludioxonil, 3=Renap (AJ, 6%), 4=Proallium (AJ, 1%), 5=Bicarbonato de sodio (0.3%), 6=Bicarbonato de potasio (0.3%), 7= 4+Food Coat, 8= Testigo productor. La variedad utilizada en los 3 ensayos fue Arapey, en E3 se usó también Beauregard. En E1 se obtuvo mayor porcentaje de supervivencia ($p < 0.01$) para G, el rendimiento para PTH fue menor ($p < 0.01$), el tratamiento con AJ redujo la incidencia y severidad de daño por gorgojo ($p < 0.05$). En E2 se obtuvieron diferencias altamente significativas ($p < 0.01$) entre tratamientos para el porcentaje de plantines enfermos (PE) y plantines con PD a 53, 59 y 74 días de realizado el almácigo siendo las medias para PE: 1= 30.5 ± 12.2 a, 2= 42.5 ± 13.9 a, 3= 10.8 ± 8.4 b y 4= 16.8 ± 12.4 b. En E3 se obtuvieron diferencias significativas ($p < 0.01$) entre tratamientos para el porcentaje de podredumbres (POD) en ambas variedades siendo los mejores tratamientos 2, 3, 4 y 7. Las raíces LMAQ presentaron mayores valores de POD que las LM. La fitotoxicidad por herbicidas podría reducir la productividad en el cultivo de batata. La combinación de captan + cercobin sería suficiente para prevenir enfermedades en el almácigo. Los tratamientos con AJ podrían mejorar el control de enfermedades en la postcosecha.

Financiamiento: INTA, Reina Batata SRL, Cambio Rural.



P34 Evaluación de la desinfección anaeróbica en invierno para el manejo de la sanidad del suelo en un invernadero hortícola

Mitidieri, M.¹; Brambilla, V.¹; Piris, E.¹; Perello, E.¹; Pujal, C.¹; D'Amico, M.²; Cardozo, J.¹; Barbosa, R.¹; Barbieri, M.¹; Muñoz, S.¹.

¹EEA INTA San Pedro. Ruta 9 Km 170. San Pedro, Buenos Aires, Argentina; ²Estación Experimental Gorina, La Plata, Bs. As., Argentina. e-mail: mitidieri.mariel@inta.gob.ar

La biofumigación (BIO) utiliza compuestos que provienen de la materia orgánica para controlar patógenos del suelo. La combinación de BIO con solarización se suele llamar biosolarización (BIOSOL), esta práctica ha demostrado ser eficiente para controlar patógenos del suelo, pero puede generar impactos negativos sobre la calidad del mismo. Con el objetivo de evaluar una alternativa a BIOSOL se evaluó la BIO en combinación con desinfección anaeróbica. El ensayo se realizó en el año 2024 sobre parcelas con antecedentes de BIOSOL desde 2003 al 2024. Los tratamientos fueron 1=Testigo, 2= Solarización, 3= BIO con residuo de tomate, 4= BIO con residuo de brócoli y rúcula. Las parcelas T2 se taparon con un polietileno cristal de 50 micrones, las T3 y T4 se taparon con polietileno de silobolsa reciclado con la parte negra hacia arriba. Los biofumigantes (1.7 y 1.9 kg materia seca/m² para T3 y T4 respectivamente) fueron incorporados con dos pasadas de motocultivador. El tratamiento duró desde el 15 de julio al 16 de septiembre. Se aplicó 20 gramos de NPK por parcela y se transplantó un cultivo de tomate el 18 de septiembre. Los híbridos utilizados fueron Commodo, Quri, Lansor, Barosor (Syngenta) y Rodeo (BHN). Se obtuvieron diferencias significativas ($p < 0.01$) entre tratamientos para el número de unidades formadoras de colonias de hongos (UFCH) pero no para el de bacterias. T2 mostró menor número de UFCH que el resto de los tratamientos. Para las variables frutos y kg/m² los mayores valores ($p < 0.01$) fueron para T3 y T4, siendo T2 intermedio y T1 el menor. T1 mostró mayor porcentaje de descarte y menor % de frutos medianos ($p < 0.01$). T3 y T4 mostraron mayores % de supervivencia de plantas ($p < 0.01$) y valores de materia seca de raíz. Se observó en T1 mayor número de nematodos fitófagos de los géneros *Helicotilenchus*, *Criconemella* y *Nacobbus*. Las parcelas sometidas a T3 y T4 mostraron diferencias significativas para parámetros de suelo, menores valores de pH y mayores valores de CE, NT, P, MO. La biofumigación sin solarización mostró resultados promisorios aunque será necesario monitorear las poblaciones de nematodos y microorganismos patógenos en el suelo.

Financiamiento: INTA, Syngenta, Semillas Emilio.



P35 Efecto de enmiendas de origen vegetal sobre nemátodos agalladores (*Meloidogyne* spp.) en tomate

Rubio, L.¹; Rodríguez, A.¹; Díaz López, E.¹; Amaral, J.¹; Blanco, O.¹; Manzioni, A.¹; Berrueta, C.¹.

¹Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria. e-mail: lrubio@inia.org.uy

El manejo de los nemátodos agalladores del género *Meloidogyne* constituye un desafío importante en cultivos hortícolas. Actualmente, existen diversos métodos alternativos a los fumigantes tradicionales para su control, tales como la solarización, el vapor de agua, la biofumigación y el uso de microorganismos. Algunas prácticas, como la solarización, adoptada por muchos productores como herramienta fundamental antes de instalar un cultivo, solo tienen por objetivo la desinfección del suelo. Mientras otras, como el uso de enmiendas orgánicas y la biofumigación, mejoran con el tiempo la estructura del suelo, promueven el crecimiento radicular del cultivo y estimulan la actividad de los microorganismos benéficos, con efectos duraderos y acumulativos a largo plazo. El objetivo de este trabajo fue evaluar el efecto de enmiendas de origen vegetal sobre la incidencia y severidad de nemátodos del género *Meloidogyne* en tomate. Se realizó un ensayo en macetas (capacidad 5L) bajo invernadero, incluyendo los siguientes tratamientos: sudangrass (*Sorghum bicolor*), rábano forrajero (*Raphanus sativus*), crotalaria *spectabilis*, pellet de harina de canola, fardo de maíz y un control (sin enmiendas). Se utilizaron 10 réplicas por tratamiento. Las enmiendas fueron agregadas conforme a las dosis y métodos sugeridos en la literatura especializada. El sudangrass, el rábano y la crotalaria se aplicaron con 45 días después de la siembra. Seguidamente, cada maceta fue inoculada con una suspensión de 10³ nematodos (estadio J2), preparada a partir de raíces con agallas obtenidas de una cría establecida en laboratorio. Tras un período de aproximadamente 40 días, tiempo suficiente para la liberación de compuestos alelopáticos, se trasplantó un plantín de tomate (variedad Elpida) por maceta. Se evaluó el daño en las raíces mediante la escala de Bridge y Page (1980), así como la altura y biomasa de las plantas y raíces a los tres meses post-trasplante. Los datos se analizaron mediante modelos lineales generalizados mixtos para determinar el efecto de los tratamientos sobre las variables de respuesta. Los resultados demostraron que la aplicación de crotalaria y pellet de harina de canola redujeron significativamente la incidencia y severidad de nematodos. También se encontró una reducción con respecto al testigo en el tratamiento con sudangrass y rábano, estos tratamientos además favorecieron un mayor crecimiento de biomasa vegetal.

Financiamiento: INIA; Sistema Vegetal Intensivo, Proyecto Protección Vegetal.



P36 La cobertura y el estado hídrico del suelo modulan la microbiota rizosférica de la vid y reducen la podredumbre gris del racimo

Bernaschina, Y.¹; Coniberti, A.¹; Garaycochea, S.¹; Fresia, P.²; Leoni, C.¹.

¹Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria, Estación Experimental “Wilson Ferreyra Aldunate”; ²Institut Pasteur de Montevideo. e-mail: ybernaschina@inia.org.uy

La viticultura es una actividad de gran relevancia económica y cultural en Uruguay, pero enfrenta desafíos crecientes asociados a la variabilidad climática y la sanidad del cultivo. La podredumbre gris del racimo (PGR), causada por *Botrytis cinerea*, constituye una de las principales amenazas para la calidad y productividad de la vid. Su manejo depende tradicionalmente del uso de fungicidas, cuya eficacia es limitada bajo condiciones favorables al patógeno y cuyo empleo intensivo acarrea impactos ambientales negativos. En este contexto, la rizósfera surge como un componente clave de la salud vegetal, al albergar comunidades microbianas capaces de modular la respuesta vegetal frente a estreses bióticos y abióticos. Este estudio evaluó los efectos del manejo del suelo bajo la fila y del estado hídrico sobre las comunidades microbianas de la rizósfera de vid y la susceptibilidad a PGR, en un experimento en macetas con *Vitis vinifera* cv. Tannat/SO4 durante la temporada 2020/2021. Se aplicaron dos manejos de suelo —cobertura vegetal permanente (CVP) (n = 32) y desmalezado manual (DM) (n = 32)— y dos regímenes hídricos —restricción de riego durante 20 días pre-verano (n = 16) y sin restricción (n = 16). La diversidad y composición microbiana se determinaron mediante secuenciación de amplicones (16S rRNA e ITS2). El manejo del suelo y el estado hídrico modificaron la composición de las comunidades procarióticas, con un efecto significativo del estado hídrico en floración (permanova, p = 0.008) y del manejo del suelo en cosecha (permanova, p = 0.001). En contraste, las comunidades fúngicas no mostraron efectos significativos. La CVP y la restricción hídrica redujeron de forma independiente la incidencia de PGR (↓72% y ↓34%), mientras que la intensidad de la enfermedad disminuyó por la interacción de ambos factores.

Estas reducciones se asociaron a un mayor espesor de la cutícula de las bayas —favorecido por la CVP y su interacción con el estado hídrico— y a cambios en las comunidades procarióticas. La restricción hídrica promovió géneros asociados a tolerancia al estrés (*Sphingobium*, *Paenibacillus*), mientras que la CVP favoreció la abundancia diferencial del género *Pantoea*, un PGPR reportado en vid, y el DM se asoció a *Acidobacteria*. Las predicciones funcionales de las comunidades procarióticas bajo CVP destacaron vías ligadas a defensas vegetales, como la biosíntesis de alcaloides isoquinolínicos y de ácido jasmónico.

Estos hallazgos resaltan el potencial de integrar coberturas vegetales y restricción hídrica como herramientas de manejo para una viticultura más sostenible, reduciendo el impacto de la enfermedad y promoviendo interacciones microbianas beneficiosas.

Financiamiento: Investigación: INIA proyectos FR21 y SVI02. Doctorado: Beca INIA; Beca finalización de Doctorado Comisión Académica de Posgrado - UdelaR



P37 Diseño y evaluación de abonos verdes multiespecie para el manejo sostenible de malezas en horticultura

Espina, C.V.¹ ; Hernández-Mazzini, F.P.²

¹Universidad de la Empresa (UDE); ²Horticultura, Sistema Vegetal Intensivo, Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria (INIA). e-mail: fhernandez@inia.org.uy

El manejo sostenible de malezas es un desafío para la producción hortícola nacional. Actualmente los herbicidas son la principal herramienta utilizada y su uso intensivo ha generado impactos negativos como la generación de malezas resistentes y la contaminación ambiental. Los abonos verdes (AV) son una herramienta promisorio para el control de malezas. El uso de mezclas de especies de diferentes familias de plantas constituye una estrategia que ofrece múltiples beneficios al sistema productivo. El objetivo de este trabajo fue estudiar el diseño y la formulación de AV multiespecie (AVM) otoño-invernales y evaluar el impacto en la infestación de malezas. El ensayo se instaló en la Estación Experimental de INIA las Brujas en mayo de 2025. Las especies utilizadas fueron: avena blanca (AB; *Avena sativa*), avena negra (AN; *Avena strigosa*), trigo (T, *Triticum aestivum*), nabo forrajero (N; *Brassica napus*), rábano forrajero (R; *Raphanus sativus*), mostaza (M; *Brassica carinata*), lupino azul (L; *Lupinus angustifolius*), vicia común (VS; *Vicia sativa*), vicia villosa (VV, *Vicia villosa*) y trébol alejandrino (TA; *Trifolium alexandrinum* L.). El diseño experimental fue en bloques completos al azar con siete tratamientos y cuatro repeticiones. Los tratamientos fueron: AB+R, AN+N, AB+R+L, AB+N+VS, T+N+TA, AN+M+R+VV y barbecho (testigo). La siembra se realizó por especie, al voleo y sobre canteros y las densidades se formularon según número de plantas.m². Adicionalmente se instalaron parcelas con las especies que integran las mezclas como testigo del crecimiento individual. Se evaluó implantación del AV e infestación inicial de malezas, evolución de la cobertura, biomasa del AV por especie y de malezas a los 75, 105 y 135 días post siembra. Se lograron combinaciones equilibradas en mezclas dobles, sin embargo, en mezclas triples la persistencia de las leguminosas fue limitada conforme avanzó el ciclo de cultivo. La cobertura del AV superó el 70 % a los 35 días post siembra en todas las mezclas. La infestación inicial de malezas no difirió entre tratamientos, sin embargo, a partir de los 75 días todas las mezclas redujeron la biomasa de malezas 98 % en promedio, respecto al barbecho. Los AVM son una alternativa de alta eficiencia para el control de malezas, siempre que el diseño y la formulación aseguren la cobertura del suelo. Es necesario ajustar las densidades de siembra en las mezclas triples para asegurar la persistencia de las leguminosas en los ciclos de invierno.

Financiamiento: Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria – Sistema Vegetal Intensivo.



P38 Incidencia de cultivos de cobertura- laboreo reducido en el manejo de malezas en rotación hortícola

Saracho, W.¹; Villalba, J.¹; Alliaume, F.²; González, P.³; Rivero, A.L.²; Do Campo, C.²; Scarlato, M.⁴.

¹Grupo Disciplinario Malherbología, Dpto. Protección Vegetal, Facultad de Agronomía, Udelar, Paysandú, Uruguay. ²Grupo Disciplinario Suelos, Dpto. Suelos y Aguas, Facultad de Agronomía, Udelar, Montevideo, Uruguay; ³Dpto. Biometría, Estadística y Computación, Facultad de Agronomía, Udelar, Montevideo, Uruguay; ⁴Grupo Disciplinario Ecofisiología y manejo de cultivos anuales, Dpto. Producción Vegetal, Centro Regional Sur, Facultad de Agronomía, Udelar, Canelones, Uruguay. e-mail: wsaracho@fagro.edu.uy.

La horticultura en Uruguay enfrenta desafíos asociados a la degradación de suelos y al control de malezas, debido a la alta presión de éstas, la escasez de herramientas de manejo y las dificultades para implementar rotaciones que mantengan cobertura del suelo entre cultivos. En este contexto, la inclusión de cultivos de cobertura (CC) surge como una estrategia para mejorar la conservación del suelo y disminuir la presión de malezas. Con este objetivo, se estableció un experimento en el Centro Regional Sur de la Facultad de Agronomía (Uruguay), bajo manejo orgánico y con diseño de bloques completos al azar con seis repeticiones. La rotación hortícola se condujo con laboreo reducido e incorporación de CC entre cultivos comerciales. El ciclo experimental comenzó con un CC invernal de lupino y centeno, evaluado en dos densidades de siembra, además de un tratamiento con mayor densidad acompañado de mulch vegetal. Tras la desecación mecánica con rolo, se trasplantó calabacín, seguido por un CC de verano compuesto por moha y soja, y posteriormente se trasplantó repollo. El seguimiento incluyó la evaluación de abundancia y diversidad de malezas, desde la instalación del centeno hasta el final del ciclo del CC estival, comparando la evolución de los parámetros con un tratamiento de suelo desnudo (SD). Los resultados mostraron que el CC inicial redujo en un 30 % la densidad de malezas respecto al SD, sin diferencias entre densidades. Sin embargo, al momento de la implantación y cosecha del calabacín, estos efectos se atenuaron y no se registraron diferencias estadísticas entre tratamientos con CC y con el suelo desnudo. Tampoco se observaron variaciones significativas en la diversidad de malezas. La pérdida de persistencia del efecto supresor de los CC se explicó por limitantes como la dificultad de implantación, la eficacia reducida de la desecación mecánica y los intervalos prolongados entre la desecación del CC y el trasplante de los cultivos hortícolas. En conclusión, si bien los CC mostraron un efecto inicial de supresión de malezas, su permanencia fue limitada bajo las condiciones evaluadas. Ajustar la elección de especies y reducir el tiempo entre el fin del CC y el cultivo posterior se presentan como aspectos clave para potenciar el rol de esta tecnología en el manejo sustentable de malezas en sistemas hortícolas.

Financiamiento: CSIC I+D-UdelaR



P39 Caracterización del mecanismo de resistencia al glifosato en *Amaranthus hybridus* en Uruguay.

Fernández, E.¹; Monesiglio, C.²; García, M.A.²; Kaspary, T.E.²

¹Estudiante de Posgrado, Facultad de Agronomía, Universidad de la República; ²Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria, INIA. e-mail: eve27fer@gmail.com

Actualmente, los problemas de manejo de malezas asociados con la resistencia a herbicidas se han intensificado. En Uruguay, el *Amaranthus hybridus* es una de las principales malezas en las cuales se han reportado resistencia a glifosato, herbicida que actúa inhibiendo la enzima *5-enolpyruvylshikimate-3-phosphate synthase* (EPSPS). Los mecanismos de resistencia TSR (*target site resistance*) están ampliamente relacionados con los principales casos de malezas resistentes al glifosato. Estos mecanismos se asocian especialmente con aumento de la expresión de la enzima EPSPS. En este contexto, el objetivo de este trabajo fue determinar la ocurrencia de mecanismos TSR relacionados a la resistencia de *A. hybridus* a glifosato. Con este propósito, se evaluaron cinco biotipos de la maleza recolectados en distintas regiones agrícolas de Uruguay, de los cuales dos biotipos fueron previamente caracterizados como susceptibles (AH-50 y AH-70) y tres como resistentes (AH-24; AH-56 y AH-76) al herbicida. Las semillas fueron germinadas, cuando las plántulas alcanzaron los 10 cm de altura se recolectaron muestras de tejido foliar para la extracción de ADN genómico por el método CTAB 2%. A partir del ADN extraído, se realizaron PCR convencional (Reacción en Cadena de la Polimerasa) utilizando cebadores específicos para confirmar la identidad de la especie en estudio. Posteriormente, ADN de cinco plantas de cada biotipo fue utilizado de forma individual para la realización de PCR convencional con cebadores específicos dirigidos al gen EPSPS, a cuyo producto de amplificación se le realizó secuenciación tipo Sanger. Además, se realizó la cuantificación del número de copias del gen EPSPS, mediante *qPCR* (Reacción en Cadena de la Polimerasa Cuantitativa) a partir del ADN de las muestras en estudio. Los resultados obtenidos confirmaron que todos los biotipos utilizados son *A. hybridus*. Mediante la secuenciación se confirmó la presencia de la triple mutación TAP-IVS, correspondiente a los cambios de aminoácidos en las posiciones 102, 103 y 106 del gen EPSPS. Asimismo, se identificó una cuarta mutación en la posición 105 del gen, de carácter silencioso. El biotipo AH-76 presentó homocigosis para las cuatro alteraciones identificadas en el gen EPSPS, mientras que los biotipos AH-24 y AH-56 se encuentran en heterocigosis. Por otra parte, no fueron detectadas variaciones en el número de copias del gen EPSPS asociadas a la resistencia al herbicida. Estos resultados sugieren que, en Uruguay, la resistencia de *A. hybridus* a glifosato se encuentra fuertemente asociada con la presencia de la mutación TAP-IVS en el gen EPSPS.

Financiamiento: ANII Beca de Maestría POS_FMV_2023_1_1012217;
Proyecto:
FMV_1_2023_1_175859 - *Amaranthus hybridus* resistente a herbicidas en Brasil, Argentina y Uruguay: ¿Origen común de los biotipos o eventos de selección independiente?"



P40 Resistencia a glifosato en *Amaranthus hybridus*: presencia y distribución en Uruguay.

Kaspary, T.E.¹; Monesiglio, C.¹; García, M.¹; Fernández, E.²

¹Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria, INIA; ²Estudiante de Posgrado, Facultad de Agronomía, Universidad de la República. e-mail: tkaspary@inia.org.uy

La evolución de la resistencia a herbicidas en malezas es un problema creciente a nivel mundial y una amenaza para la sostenibilidad de sistemas productivos. Las poblaciones de malezas pueden desarrollar distintos mecanismos evolutivos de resistencia a herbicidas, en función de la variabilidad genética, del tipo de producto utilizado, y sus condiciones de utilización. Dentro del género *Amaranthus*, se han documentado múltiples poblaciones resistentes a diversos herbicidas. En Argentina, Brasil y Uruguay se confirmó una triple mutación en el gen *5-enolpyruvylshikimate-3-phosphate synthase* (EPSPS) que le confiere resistencia a glifosato a poblaciones de *Amaranthus hybridus*. En Uruguay *A. hybridus* es una de las especies de mayor relevancia agronómica. Al ser autóctona, presenta una elevada adaptabilidad a las condiciones locales. Conocer la existencia, los mecanismos de resistencia y la distribución espacial de la resistencia a glifosato en *A. hybridus* es esencial para implementar medidas de control efectivas. En este contexto, el objetivo de este trabajo fue determinar la presencia y la distribución geográfica de la triple mutación TAP-IVS en el gen EPSPS, como mecanismo de resistencia de *A. hybridus* a glifosato en Uruguay. Se recolectaron semillas de 51 poblaciones de *A. hybridus* con sospecha de resistencia a glifosato, en las principales zonas productivas del país. Las plántulas, germinadas a partir de estas semillas, fueron tratadas con glifosato en el estadio de 3-4 hojas verdaderas, tras la colecta de tejido foliar, para confirmar su condición de resistentes. Se realizó extracción de ADN genómico mediante el método de CTAB 2%, utilizando tejido foliar joven liofilizado de las 44 poblaciones resistentes. Para confirmar la identidad de las poblaciones estudiadas fue realizado PCR convencional (Reacción en Cadena de la Polimerasa). Para las poblaciones de *A. hybridus* se realizaron PCR adicionales con cebadores específicos dirigidos al gen EPSPS con el fin de detectar la ocurrencia de la triple mutación TAP-IVS como el mecanismo que otorga resistencia a glifosato. Los resultados obtenidos demuestran que la resistencia de *A. hybridus* a glifosato se encuentra ampliamente distribuida en las principales zonas agrícolas de Uruguay, abarcando los departamentos de Salto, Paysandú, Rio Negro, Soriano, Colonia, Flores, Florida, San José, Canelones, Rocha y Cerro Largo. Además, también fue confirmado la presencia de *A. hybridus* resistente en área ganadera de Tacuarembó. La triple mutación TAP-IVS en el gen EPSPS está presente en todas las poblaciones resistentes a glifosato estudiadas.

Financiamiento: ANII Beca de Maestría POS_FMV_2023_1_1012217;
Proyecto:
FMV_1_2023_1_175859 - *Amaranthus hybridus* resistente a herbicidas en Brasil, Argentina y Uruguay: ¿Origen común de los biotipos o eventos de selección independiente?"



P41 Desarrollo de un consorcio microbiano sintético para la promoción de la salud de los cultivos.

Lewin, S.¹; Plag, N.¹; Cerecetto, V.^{1,2}; Urraburu, M.², Smalla, K.¹; Babin, D.¹; Leoni, C.²

¹Institute for Epidemiology and Pathogen Diagnostics, Julius Kühn Institute (JKI) - Federal Research Centre for Cultivated Plants, Braunschweig, Germany; ²Área Recursos Naturales, Producción y Ambiente; E.E. INIA Las Brujas, Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria, Uruguay. e-mail: cleoni@inia.org.uy

El suelo constituye un recurso esencial para la vida en el planeta. Sin embargo, la intensificación agrícola junto al cambio climático, han impactado negativamente en su biodiversidad y funcionalidad, comprometiendo por ejemplo la oferta de alimentos de calidad. La implementación de prácticas de manejo restauradoras de la salud del suelo y/o la aplicación de microorganismos benéficos (ej: rizobacterias promotoras del crecimiento vegetal, micorrizas, consorcios microbianos sintéticos) puede mitigar esta situación. El presente trabajo busca desarrollar un consorcio microbiano sintético (SynCoM) que promueva la salud de los cultivos. A partir de la rizósfera de remolacha y boniato cultivados en el experimento de largo plazo de INIA Las Brujas, se obtuvo el ADN de la comunidad microbiana rizosférica (TC-ADN) y una colección de 444 aislados bacterianos mediante plaqueo de diluciones seriadas en medio R2A. El TC-ADN se empleó para la determinación de la comunidad microbiana mediante secuenciación de amplicones (gen16S rRNA, Illumina). Los aislados bacterianos se analizaron mediante BOX-PCR y se determinaron los aislados únicos y redundantes. Los aislados únicos (288) se secuenciaron para su identificación (gen 16S rRNA, Sanger) y se alinearon con los ASVs obtenidos en TC-ADN. A su vez se caracterizaron funcionalmente *in vitro* por la producción de sideróforos, AIA (ácido indol 3-acético), exopolisacáridos, actividad enzimática (fosfatasa, proteasa, celulasa, quitinasa y ACC [1-Aminocyclopropane-1-Carboxylate Desaminase], y producción de AHLs (N- acyl homoserine lactones). A partir de la identificación de taxás clave mediante análisis de redes de co-ocurrencia y de la valoración funcional de los aislados únicos, se conformó un SynCoM integrado por 3 aislados: 3IV10- *Allorhizobium* sp., 4IV7 *Pseudomonas* sp. y 5II23 – *Ensifer adherens*. El SynCoM y cada aislado individualmente serán evaluados en condiciones de invernáculo para determinar su sobrevivencia en la rizósfera y efecto sobre el comportamiento de plantas de avena.

Financiación Proyecto: Harnessing the soil microbiome for healthy soils and healthy plants (Micro2Health) Co financiado por INIA Uruguay y JKI/BMEL – Federal Ministry for Food and Agriculture, Alemania. El Proyecto integra el Diálogo Agropecuario Uruguayo Alemán (DAUA).



P42 Inoculación de semillas de cebolla con microorganismos benéficos: efectos sobre el control biológico de enfermedades y sobre el crecimiento de las plántulas

Barreto, G.¹; Núñez, N.²; Acosta, R.³; Peluffo, S.⁴; Galván, G.⁵.

¹Centro Regional Sur (CRS), Departamento de Producción Vegetal, Facultad de Agronomía, Universidad de la República. e-mail: gabibarroto25@gmail.com

En Uruguay, el cultivo de cebolla es de gran importancia, pero no hay tantas herramientas investigadas para un control integrado de enfermedades como para hortalizas protegidas. Los suelos son fértiles y con gran diversidad de microorganismos, pero el uso intensivo de estas producciones hace que se degraden siendo ambientes favorables para diferentes patógenos. La producción se basa en cultivares nacionales desarrollados por INIA y Facultad de Agronomía, y la mayoría de la semilla comercializada es nacional y certificada. Ofrecer semilla inoculada con microorganismos benéficos sustituiría el uso de curasemillas químicas, aprovechando la sinergia de mecanismos biológicos para realizar un control integrado de enfermedades. La inoculación de semillas con microorganismos benéficos es una herramienta para optimizar los recursos y generar plantas con mejor crecimiento, pero en horticultura es una práctica poco común. En este trabajo se inocularon semillas de cebolla con *Trichoderma afroharzianum* cepa TR48 y con *Clonostachys rhizophaga* cepa P43, por separado. Se utilizaron los cultivares Vicky F1 (Italia) y Pantanoso del Sauce CRS (Uruguay). Se cultivaron los microorganismos benéficos en placas con PDA, a partir de las cuales se cosecharon las esporas que fueron encapsuladas con aditivos para favorecer su viabilidad y que lleguen al predio con mejor calidad. Se evaluó la viabilidad con y sin aditivos a los 0, 7 y 14 días post inoculación con dos métodos de conservación (temperatura ambiente y heladera a 4-5 °C).

En cultivos duales, la cepa P43 tuvo efecto significativo en el control de *Botrytis* (43,3 cm área de patógeno con presencia de P43 vs 55,9 cm área de *Botrytis*) pero no sobre *Fusarium*, y la cepa de *Trichoderma* TR48 mostró mayor control sobre ambos patógenos (20,9 y 25,1 cm de área de *Botrytis* y *Fusarium* con agregado de TR48 vs 55,9 y 35,9 cm área de los patógenos), asociado a su mayor tasa de crecimiento in vitro. En un biotest en potes de arena infectada con *Fusarium*, ambas cepas tuvieron efecto positivo en el peso de las plántulas, aun con la cepa UR01 poco virulenta, pero no fueron efectivas en el control de la cepa más virulenta NL93816 con la metodología utilizada. El peso de plantas con FH rondaron en torno a 0,030g/plántula mientras que con las inoculaciones rondo 0,076g/plántula. Ambas cepas mantuvieron la viabilidad de las esporas evaluada en PDA a los 7 días desde la inoculación (promedio para TR48 de 17 cm² y 11 cm² para P43), y disminuyó a los 14 días (TR48 con 12,5 cm² y P43 con 8 cm²) para la variedad Vicky, pero el mismo comportamiento se dio con Pantanoso, con las dos temperaturas de conservación evaluadas. El agregado de aditivos resultó en un alto nivel de contaminaciones in vitro en laboratorio, por lo que requiere ajustes metodológicos y diferentes formas de evaluación. En la evaluación a campo a los 60 y 90 días desde la siembra, las semillas inoculadas llevaron a un mayor peso de la planta y área foliar, pero menor diámetro del tallo. Todos los experimentos se realizaron en base a 4 repeticiones por tratamiento, para tener una muestra significativa. La incidencia natural de enfermedades fue muy baja, y sin diferencias significativas. El uso de microorganismos benéficos es una herramienta de fácil utilización e implementación que contribuye a garantizar nuevas formas de manejo y sanidad de los cultivos.



P43 Efectos de la aplicación de campos magnéticos sobre el crecimiento de hongos fitopatógenos

Bermúdez, A.¹; De los Campos, L.¹; Gimenez, H.¹; Umpierrez, M.¹

¹Grupo de Agroecología, Sustentabilidad y Medio Ambiente, Departamento de Sostenibilidad Ambiental, Instituto Tecnológico Regional Centro Sur, Universidad Tecnológica (UTEC), Uruguay. e-mail: alejandra.bermudez@estudiantes.utec.edu.uy

El hongo fitopatógeno *Alternaria* sp. representa un desafío significativo en el ámbito de la fitosanidad, debido a su alta capacidad de proliferación y a su resistencia frente a los fungicidas convencionales (Reconco, 2019). Frente a esta problemática, resulta crucial evaluar alternativas para el control de *Alternaria* sp., reduciendo la dependencia de tratamientos químicos. En este contexto, el presente trabajo investigó el efecto de la aplicación de campos magnéticos de corriente continua (DC) sobre el crecimiento del hongo en medio de cultivo PDA bajo condiciones controladas de laboratorio. Se llevaron a cabo ensayos experimentales utilizando una bobina de Helmholtz, evaluando la exposición del medio PDA a diferentes condiciones de campo, antes y después de la inoculación del hongo. Cada ensayo incluyó diez tratamientos y un control sin exposición a campo (N= 3 a 5). La inoculación se realizó por picadura en cinco puntos de cada placa, que fueron incubadas a 25 °C por 72 h. Se realizaron mediciones de los diámetros promedios de las colonias y se compararon con el control y los efectos se analizaron por ANOVA seguido de la prueba de Tukey. Los resultados indicaron que la exposición a campos del medio PDA antes de la inoculación del hongo produjo una reducción del crecimiento micelial en los tratamientos con intensidades intermedias (0,35–0,4 mT), mientras que campos de mayor intensidad (≥ 70 mT) produjeron inhibiciones más marcadas, alcanzando valores promedio cercanos a 41 %, aunque con respuestas variables según el tratamiento. Por su parte, la exposición a campos del medio PDA previamente inoculado con el hongo no mostró efectos significativos en la reducción del diámetro de las colonias respecto al control. A partir de los resultados obtenidos en el ensayo preliminar se construyó una bobina de alta potencia para evaluar el efecto de campos de mayor intensidad. En estos ensayos se observó un efecto tipo hormesis, definido como la respuesta diferencial del hongo según la intensidad del campo aplicada: campos menores a 70mT por 5s redujeron el crecimiento mientras que campos mayores o tiempos mayores de exposición lo aumentaron. Estos hallazgos sugieren que la aplicación de campos magnéticos sobre medio PDA afecta el desarrollo de *Alternaria* sp., constituyendo una estrategia física alternativa para el control de este hongo en condiciones experimentales, aportando bases para futuras aplicaciones en manejo alternativo de patógenos fúngicos.

Financiamiento: Grupo GIE de Agroalimentos UTEC: Proyecto “Efecto de la aplicación de campos magnéticos en los procesos productivos de agroalimentos”, 2024.

Referencias: Gómez Reconco, M. C., & Núñez Espinoza, C. J. (2019). *Evaluación de fungicidas para el control de Alternaria spp. en tomate (Solanum lycopersicum L.) bajo condiciones de laboratorio* (Proyecto especial de graduación, Escuela Agrícola Panamericana, Zamorano). Honduras.



Protección vegetal en cultivos extensivos y forestal

P44 Las poblaciones uruguayas de *Gonipterus Schoenherr, 1833 (Coleoptera, Curculionidae)* pertenecen a dos especies.

Piñeyro, N.G.¹; Torres-Dini, D.¹; Martínez, G.¹

¹Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria (INIA). e-mail: gpineyro@inia.org.uy

Las poblaciones de *Gonipterus Schoenherr, 1833* presentes en Uruguay corresponden a un complejo de especies de gorgojos defoliadores de eucalipto de gran relevancia sanitaria y económica para el sector forestal. Este insecto se encuentra en el país desde fines de la década de 1930, pero su identificación específica se mantuvo incierta durante muchos años debido a la similitud morfológica entre las especies del género. El objetivo de este trabajo fue determinar la identidad de *Gonipterus* spp. en Uruguay mediante la integración de análisis morfológicos y moleculares. Entre 2022 y 2024 se recolectaron manualmente larvas y adultos en plantaciones comerciales de *Eucalyptus* spp. ubicadas en cinco departamentos representativos de las principales regiones forestales del país. Los adultos fueron identificados por caracteres morfológicos diagnósticos y se depositaron ejemplares de referencia en la Colección Entomológica Forestal de INIA Tacuarembó. Un subconjunto de larvas fue utilizado para extracción de ADN y amplificación del gen mitocondrial COI, lo que permitió complementar la identificación morfológica con análisis molecular. Los resultados confirman la presencia de al menos dos especies: *Gonipterus platensis* (Marelli, 1926) y *Gonipterus pulverulentus* Lea, 1897 (Coleoptera: Curculionidae). Los adultos de *G. platensis* presentan coloración castaño-rojiza oscura y larvas con tres franjas dorsales, mientras que *G. pulverulentus* se caracteriza por adultos más claros con una banda de escamas claras en los élitros y larvas sin franjas. Este hallazgo constituye la primera evidencia clara de la coexistencia de dos especies de *Gonipterus* spp. en Uruguay y resalta la importancia de contar con una identificación taxonómica precisa para respaldar informes fitosanitarios, diseñar estrategias de manejo y evaluar la eficacia de programas de control biológico basados, por ejemplo, en parasitoides de huevos como *Anaphes nitens* (Girault, 1928) (Hymenoptera: Mymaridae). La correcta identificación de las especies presentes aporta bases sólidas para la sanidad forestal, al tiempo que fortalece la capacidad nacional de respuesta frente a los desafíos que imponen las plagas defoliadoras en sistemas productivos de eucalipto.

Financiamiento: Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria, INIA



P45 Preferencia alimenticia de *Gonipterus* spp. en clones de diferentes especies de *Eucalyptus* spp.

Pérez-Melo, L.¹; Jorge, C.¹

¹Laboratorio de Manejo Integrado de Insectos Forestales, sede Tacuarembó, CENUR NORESTE, Universidad de la República. e-mail: luciaperezmelo@gmail.com

El sector forestal constituye una de las principales actividades económicas del Uruguay, donde el género *Eucalyptus* es el más plantado. Las especies de mayor interés productivo son *Eucalyptus dunnii*, *E. grandis* y sus híbridos. Sin embargo, patógenos e insectos plaga representan una amenaza para la productividad, siendo los defoliadores de gran importancia. Dentro de estos, las especies australianas del género *Gonipterus* son consideradas las más perjudiciales después de las hormigas cortadoras de hojas. Si bien *Gonipterus* spp. tienen preferencia por *E. globulus*, la sustitución de esta especie por otras ha favorecido su adaptación, lo que hace necesario identificar especies o clones resistentes y/o tolerantes. El objetivo de este trabajo fue evaluar la preferencia alimenticia de *Gonipterus* spp. frente a clones de *E. dunnii* y *E. grandis*. Para ello, se realizaron dos ensayos: un test sin chance (TSC) y un test con chance de escoger (TCC). Se utilizaron cuatro clones de *E. dunnii* puros e híbridos (1,2,3,4) y dos clones de *E. grandis* (5 y 6). En ambos ensayos, se seleccionaron hojas de tamaño similar dentro de un mismo clon, que fueron escaneadas antes y después del ensayo para determinar el consumo del área foliar. Cada hoja fue colocada en un frasco de vidrio de 20 ml con agua y algodón para mantenerlas frescas. Los adultos se mantuvieron sin alimento durante 48 horas previas al comienzo de cada ensayo. En el TSC se colocó una hoja entre dos potes plásticos con 1 adulto y fueron cerrados con cinta de papel. En el TCC se colocó una hoja de cada clon en una jaula, dispuestas de forma aleatoria en una circunferencia, equidistantes entre sí y del centro, donde fue liberado un adulto. Se realizaron 20 repeticiones y se registró el consumo a las 24, 48 y 72 horas. Los análisis estadísticos fueron realizados en R Studio. En el TSC se observaron diferencias significativas en el consumo entre clones, donde el clon 2 de *E. dunnii* fue el más afectado. En el TCC también se detectaron diferencias significativas, siendo el clon 6 el más consumido, frente al clon 5 que mostró el menor ataque, ambos de *E. grandis*. Los resultados obtenidos confirman la variabilidad en la susceptibilidad de los clones evaluados frente a *Gonipterus* spp, remarcando la importancia de realizar ambos test y de considerar este factor en programas de mejoramiento genético.



P46 Especies de oomicetos asociados a la emergencia y mortalidad de plántulas de *Eucalyptus*

Tiscornia, S.¹; Morera, G.¹; Martínez-Crosa, G.²; Lupo, S.¹

¹Sección Micología, Facultad de Ciencias, Universidad de la República; ²Inia La Estanzuela. e-mail: stiscornia@fcien.edu.uy

La forestación en Uruguay ha experimentado una rápida expansión, principalmente con *Eucalyptus grandis* y *Eucalyptus dunnii*, lo que convierte a la fase de vivero en un componente crítico para el establecimiento exitoso de las plantaciones. Los oomicetos de los géneros *Pythium* y *Phytophthora* son patógenos reconocidos que ocasionan pudrición de semillas y damping-off en diversos cultivos a nivel mundial; sin embargo, su impacto en viveros forestales de Uruguay ha sido escasamente investigado. El objetivo de este estudio fue identificar las especies de oomicetos asociadas a fallas en la emergencia y mortalidad de plántulas en vivero de *Eucalyptus*, y evaluar su patogenicidad. Para ello, se recolectaron muestras de suelo de tubetes con plántulas muertas o sin emergencia, las cuales fueron procesadas para el aislamiento de oomicetos mediante un medio selectivo. La identificación molecular se llevó a cabo mediante secuenciación de las regiones ITS y LSU, complementada con análisis filogenético. Los ensayos de patogenicidad se realizaron en semillas de *E. dunnii* y *E. grandis* inoculadas con los aislamientos, evaluándose la germinación y el desarrollo de las plántulas. Todos los aislamientos correspondieron al género *Pythium*, agrupándose en tres especies: *P. irregulare*, *P. oopapillum* y especies del complejo *P. dissotocum/P. coloratum*. Las pruebas de patogenicidad confirmaron el carácter patógeno de todos los aislamientos, siendo *P. irregulare* el de mayor virulencia, con inhibición completa de la germinación. Este estudio constituye la primera evidencia de la patogenicidad de *P. oopapillum* y *P. dissotocum/P. coloratum* en *Eucalyptus* en nuestro país. Los resultados destacan la necesidad de considerar la presencia y diversidad de oomicetos en las estrategias de manejo sanitario de viveros, a fin de incrementar la supervivencia de las plántulas y optimizar la eficiencia de la producción forestal.

Financiamiento: Proyecto Bosque 30, INIA Tacuarembó.



P47 Biocontrol de *Calonectria* asociada a pudrición radicular en *Eucalyptus* mediante cepas de *Trichoderma*

García, S.¹; Oberti, H.¹; Tavares, E.²; Villar, A.¹; Abreo, E.¹

¹Plataforma de Bioinsumos, Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria, Uruguay; ²Centro de Investigación Forestal, UPM Biofore, Uruguay. e-mail: garciasara730@gmail.com

La producción de *Eucalyptus* se ha consolidado como uno de los principales sectores forestales en Uruguay. Sin embargo, la sanidad de este cultivo se ve comprometida por la incidencia de enfermedades, entre las que destaca la pudrición radicular provocada por *Calonectria* spp. Diversos estudios han demostrado que este patógeno puede ser inhibido mediante el uso de microorganismos antagonistas. En nuestro país se han identificado cepas de *Trichoderma* con capacidad biocontroladora frente a una cepa de *Calonectria* de baja virulencia (cepa 3V). El objetivo de este trabajo fue evaluar el antagonismo de dichas cepas de *Trichoderma* frente a un mayor número de aislamientos de *Calonectria* de mayor agresividad. En una primera etapa, se caracterizó la patogenicidad de 15 cepas de *Calonectria* aisladas de campos y viveros forestales, provenientes de la colección UPM Biofore Uruguay, incluyendo la cepa 3V utilizada como referencia. La capacidad de producir pudrición radicular se evaluó en invernáculo mediante inoculación artificial en arroz. Los resultados evidenciaron diferencias significativas en la agresividad de las cepas, con las más virulentas alcanzando cerca del 40% de mortalidad, valor significativamente superior al 20% registrado por la cepa 3V. Posteriormente, se extrajo ADN de las cepas y se amplificaron parcialmente los genes que codifican para el factor de elongación 1α y la β -tubulina. De las 15 cepas analizadas, se obtuvieron 13 secuencias, las cuales fueron alineadas y utilizadas para construir un árbol filogenético. El análisis mostró que 10 de ellas formaron dos clados que no se agruparon con especies reportadas de *Calonectria* dentro del complejo *Calonectria cylindrospora*, mientras que las tres restantes fueron identificadas como *C. pauciramosa*. A partir de estos resultados, se seleccionaron las dos cepas más agresivas, una aislada de vivero y otra de campo (ambas pertenecientes al complejo *C. cylindrospora*) para confrontarlas con aislamientos de *Trichoderma*. Actualmente, se está evaluando la capacidad de estos últimos de reducir el inóculo del patógeno en el sustrato mediante ensayos de biocontrol in vitro, empleando la técnica de plantas cebo, validada para cuantificar la cantidad de inóculo de *Calonectria* en suelos. Los tratamientos consisten en la co-inoculación de las cepas de *Calonectria* con distintas cepas de *Trichoderma*, incluyendo controles inoculados únicamente con *Calonectria*. Los resultados de este estudio permitirán identificar las cepas de *Trichoderma* más promisorias para su evaluación en invernáculo, con el fin de validar su eficacia como agentes de biocontrol y aportar una herramienta adicional al manejo integrado de *Calonectria*.

Financiamiento: UPM Biofore e Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria.



P48 Bacterias asociadas al tizón apical en plantaciones de *Eucalyptus* spp. en Uruguay*.

Riera, J.¹; Tiscornia, S.¹; Lupo, S.¹; Alonso, R.¹.

¹Sección Micología, Facultad de Ciencias, Universidad de la República. e-mail: jriera@fcien.edu.uy.

Las enfermedades bacterianas que afectan plantaciones de *Eucalyptus* incluyen principalmente manchas foliares y el tizón apical, que reducen la tasa fotosintética y afectan el desarrollo de los brotes jóvenes, modificando la arquitectura de la planta. En este trabajo se abordó la etiología del tizón apical en plantaciones de *Eucalyptus dunnii* y *E. grandis*. Los objetivos fueron identificar las bacterias asociadas al síntoma y evaluar la incidencia de la enfermedad en plantaciones comerciales de diferentes localidades. Se seleccionaron parcelas para su seguimiento en cuatro plantaciones (A, B, C y D) con distintos materiales genéticos. Se realizaron censos de árboles afectados, muestreos de ramas con síntomas y aislamientos bacterianos en laboratorio. Para la identificación preliminar a nivel de género, se amplificaron los genes *ARNr 16S* y *rpoB* mediante PCR en tiempo final, utilizando los cebadores fD2/rp1 y Vic2/Vic3, respectivamente, seguido de secuenciación y análisis filogenético. En los sitios A y B se observó una incidencia elevada en otoño de 2024 (66,98% y 61,11%, respectivamente), seguida de una marcada reducción en primavera (17,92% y 14,44%). En contraste, en los sitios C y D la incidencia se mantuvo elevada en las fechas evaluadas (53,92% y 51%), lo que sugiere una dinámica estacional de la enfermedad en algunos casos, pero también la influencia de factores locales como el microclima, el manejo y el material vegetal. En total, se obtuvieron 35 cepas bacterianas a partir de tejidos con síntomas, que fueron conservadas en colección. El análisis filogenético reveló la presencia de géneros fitopatógenos conocidos (*Pantoea*, *Erwinia*, *Xanthomonas* y *Pseudomonas*) y de otros géneros no asociados (*Curtobacterium*, *Paracoccus*). Estos resultados confirman la importancia del tizón apical bacteriano en plantaciones jóvenes de *Eucalyptus* spp. en Uruguay y sugieren que se trata de un complejo de bacterias fitopatógenas, más que de un único agente causal.

Financiamiento: Proyecto “Tizón apical bacteriano en plantaciones de de Eucalptus”

*Trabajo presentado en otro evento



P49 Hongos endófitos de *Passiflora caerulea* y *Ephedra tweediana* y su potencial bioactivo.

Riera, J.¹; Alonso, R.¹; Tiscornia, S.¹.

¹Sección Micología, Facultad de Ciencias, Universidad de la República. e-mail: jriera@fcien.edu.uy

Los hongos endófitos son microorganismos que habitan los tejidos internos de las plantas sin causar síntomas visibles de enfermedad. Algunas especies poseen la capacidad de producir metabolitos con potencial acción antimicrobiana, antioxidante y fitotóxica. El objetivo de este trabajo fue identificar los hongos endófitos de *Passiflora caerulea* y *Ephedra tweediana* y evaluar su capacidad de producir metabolitos con potencial aplicación en el control biológico de fitopatógenos. Se recolectaron muestras de hojas, tallos y raíces de plantas sanas, a partir de las cuales se aislaron e identificaron 40 cepas endófitas pertenecientes a 13 géneros, entre los que predominaron *Alternaria*, *Colletotrichum* y *Fusarium*. La identificación se realizó mediante caracteres morfológicos y análisis moleculares de la región ITS. Se realizaron ensayos de antagonismo en cultivos duales y posterior extracción de metabolitos para evaluar la actividad antimicrobiana *in vitro* de las cepas endófitas frente a fitopatógenos de relevancia agrícola. Cinco cepas inhibieron significativamente el crecimiento de tres cepas de *Botrytis cinerea*, mientras que extractos de *Seimatosporium sp.* y *Chaetomium sp.* también evidenciaron actividad inhibitoria frente a este patógeno. Además, los metabolitos fueron evaluados frente a los fitopatógenos *Erwinia sp.*, *Colletotrichum sp.* y *Fusarium sp.* Este trabajo constituye el primer reporte de hongos endófitos en *P. caerulea* y *E. tweediana*. Los resultados destacan la importancia del estudio de los hongos endófitos de plantas nativas como reservorios de nuevos metabolitos bioactivos, con aplicaciones promisorias en el control biológico de enfermedades vegetales y en el desarrollo de agentes antifúngicos y antibacterianos.



P50 Evolución de los síntomas de la antracnosis de los plátanos (*Platanus racemosa*)

Jourdan, A.¹; Coelho Duarte, A.P.²; Munka, C.³; Scattolini, A.¹.

¹Fitopatología, Depto de Protección Vegetal, F. de Agronomía, Universidad de la República;

²Anatomía de la madera, Depto Forestal, F. de Agronomía, Universidad de la República;

³Agroclimatología, Depto de Sistemas Ambientales, F. de Agronomía, Universidad de la República. e-mail: anjoub23@gmail.com

El género *Platanus* predomina en el arbolado de Montevideo, por lo que es importante el estudio de su estado sanitario para prevenir riesgos de fallas. Dentro de las especies instaladas se destacan *P. acerifolia* (*P. hispanica*), *P. occidentalis* y *P. racemosa*. Entre las enfermedades que los afectan, son importantes las causadas por hongos de los géneros *Ceratocystis*, *Marsonina* y *Apiognomonina*. El objetivo de este trabajo es estudiar los síntomas que presentan 16 ejemplares de *P. racemosa* visualmente deprimidos ubicados en un estacionamiento de Montevideo, con tizones de hojas y defoliación permanente durante toda la temporada de vegetación. Los síntomas muestran coincidencia con los descritos para la antracnosis del género *Platanus*. Según Ivanova(2007) los inviernos secos predisponen a los árboles a expresar la enfermedad y si la brotación se da en primaveras frías y húmedas se favorece su máxima expresión con defoliaciones severas durante la estación de crecimiento. Se realizó una evaluación general de los árboles que incluyó estado de raíces, estado foliar y el estado general -bueno regular y malo-. Posteriormente, de cuatro de ellos se evaluó periódicamente incidencia y severidad de tizones en 4 ramillas (una por punto cardinal) durante seis meses a partir de la brotación. Se utilizó una escala de severidad de cuatro categorías: sana; afectada; severamente afectada; necrosis total. Se analizó la relación entre la severidad de la enfermedad y los valores de temperatura, humedad relativa, precipitación de los 10 días previos a cada evaluación, evidenciando alta correlación entre alta humedad relativa y alta severidad. Cuando se expresaron las primeras hojas totalmente desplegadas, la evaluación de tizones registró un Índice medio de severidad de 42% y previo a la caída de hojas el IMS fue de 68%. Las ramillas ubicadas al este, oeste y sur, presentaron una curva de evolución de tizones similar con máximos(82%) y mínimos(25%) debidos a las defoliaciones; las ubicadas al norte presentaron una evolución de los tizones diferente con valores superiores de IMS en las primeras evaluaciones e inferiores en las últimas. El invierno precedente a la evaluación presentó una precipitación acumulada de 146 mm y una HR promedio 82.6%. Durante el período de evaluación de las ramillas, la condiciones fueron de 201.5 mm de precipitación acumulada y 71.4% de HR promedio en primavera y de 146 mm y 72.1% de HR en verano. Se observa una mayor relación de la HR con el aumento de la severidad de la enfermedad que de las precipitaciones y la temperatura. Se debe considerar el origen de las plantas y sus condiciones de instalación, proveniente de un mismo lugar pero incidiendo en el posterior desarrollo inferior de los árboles y el espacio reducido para a absorción del agua del suelo.



Financiamiento: Fondos del Depto. de Protección Vegetal y del Depto. de Producción Forestal y Madera.

P51 Chinchas fitófagas registradas en el cultivo de lupino en Uruguay: primeros antecedentes

Abbate, S.^{1,2}; Giambiasi, M.³; Silva, H.¹; Palladino, C.¹; Fassana N.⁴; Van den Dorpel, M.¹; Ackerman A.⁴; Maltese; N.⁵; Mazzilli, S.^{4,5}; Dellapé, P.⁶.

¹Depto. de Protección Vegetal, EEMAC, Facultad de Agronomía, Universidad de la República (UdelaR); ²Depto. de Ciencias Veterinarias y Agrarias, CENUR Litoral Norte, UdelaR; ³Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria, INIA-Salto Grande; ⁴Depto de Producción Vegetal, EEMAC, Facultad de Agronomía, UdelaR; ⁵Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria, INIA-La Estanzuela; ⁶División Entomología, Museo de La Plata, CONICET, Universidad Nacional de la Plata, Paseo del Bosque s/n, B1900FWA, La Plata, Buenos Aires, Argentina. e-mail: abbate@fagro.edu.uy

El cultivo de lupino (*Lupinus* sp.) ha cobrado reciente interés en Uruguay como estrategia de diversificación de cultivos invernales anuales. La incorporación del lupino en los agroecosistemas productivos resulta relevante, ya que presenta una elevada calidad proteica de sus semillas, equivalente al cultivo de soja, con un manejo agronómico sencillo. El lupino sería una alternativa en los esquemas de intensificación ecológica, ya que presenta numerosos servicios ecosistémicos (aporte del nitrógeno al sistema, capacidad de solubilizar fósforo, y menor huella de carbono). El principal órgano de cosecha del lupino son sus granos, que puede ser destinado a alimentación animal o consumo humano. Dado su reciente adopción en los paisajes agropecuarios uruguayos, resulta clave la correcta identificación de especies fitófagas presentes en dicho cultivo para anticiparnos en la gestión integrada y sostenible de plagas. En parcelas experimentales de la Estación Experimental Dr. Mario A. Cassinoni (EEMAC), sembradas en la zafra 2024, se evaluaron dos variedades de lupino: *L. angustifolius* AGT Coyote y *L. angustifolius* Lila Baer. Durante el período reproductivo (octubre), se observaron adultos y ninfas de diversas especies de hemípteros alimentándose sobre vainas de ambas variedades de lupino, en las cuales también se registraron posturas. Las especies fueron criadas sobre vainas de lupino en la EEMAC (25 ± 0.5°C, 65 ± 5% HR y 16:8 L:D). Los individuos fueron identificados mediante claves taxonómicas determinando que se trataba de dos especies de hemípteros de la familia Coreidae: *Athaumastus haematicus* (Stål 1860) y *Athaumastus subcarinatus* (Stål 1860) y una especie perteneciente a la familia Alydidae: *Neomegalotomus parvus* (Westwood 1842). Estas especies están citadas en la bibliografía como causantes de daños directos, ya que se alimentan succionando los granos desde el inicio de formación de las vainas, pudiendo afectar tanto su peso como su calidad. Además pueden causar daños indirectos mediante la trasmisión de enfermedades. Test realizados con fuscina ácida en la EEMAC indican que las tres especies presentan la capacidad de picar el grano de ambas variedades (Coyote y Lila) y generar vainas alimentares en ellos. Entre los adultos colectados de *A. subcarinatus* se pudo determinar una especie de ectoparásitoide (Diptera: Tachinidae), *Trichopoda* sp. y la emergencia de un hongo entomopatógeno de la clase Deuteromycetes: *Beauveria bassiana*. Las especies de insectos determinadas serán también analizadas por técnicas de identificación molecular por ADN barcoding. La identificación de especies potencialmente plaga y sus controladores naturales resultan crucial para un manejo integrado de un cultivo incipiente en el país.



Financiamiento: ANII Articulación Académica-Sector Productivo. ART_X_2023_1_178058: Ajuste de prácticas de manejo agronómico para Lupino (*Lupinus sp.*) en ambientes contrastantes de Uruguay.

P52 Fitolitos en sorgo bajo diferentes manejos agrícolas y su respuesta frente a plagas

Mendez, M.S.^{1,2}; Libonatti, M.L.³; Vega, A.²; Puelo, L.⁴; Gershenzon, J.⁵; Johnson, S.⁶; Cibils-Stewart, X.¹

¹Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria (INIA), La Estanzuela, Colonia, Uruguay; ²Universidad de Buenos Aires, Facultad de Agronomía, Buenos Aires, Argentina; ³Universidad de Buenos Aires, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Buenos Aires, Argentina; ⁴Departamento de Sistemas Agrícolas y Paisajes Culturales, Centro Universitario Regional del Este, Universidad de la República, Rocha, Uruguay; ⁵Max Planck Institute for Chemical Ecology (MPI CE), Department of Biosynthesis/NMR, Max Planck Institute for Chemical Ecology, Jena, Germany; ⁶Hawkesbury Institute for the Environment, Western Sydney University, Penrith, NSW, Australia. e-mail: smendez@inia.org.uy

El cambio en el uso del suelo, causado principalmente por la intensificación agrícola, conlleva a una simplificación de los sistemas, lo que reduce servicios ecosistémicos, como la regulación del agua, la salud del suelo y el control natural de enfermedades y plagas. El sorgo (*Sorghum spp.*), quinto cereal en importancia mundial, ocupa en Uruguay un área sembrada de 40.465 hectáreas en el período 2024/25. Este cultivo ha sido afectado por la reciente invasión del pulgón amarillo (*Melanaphis sorghi*), una plaga altamente dañina, de rápida reproducción y difícil manejo. Por otro lado, la lagarta (*Spodoptera frugiperda*), otra de las principales plagas del sorgo y de granos en América, ocasiona pérdidas significativas debido a su amplia capacidad de adaptación, voracidad y resistencia a insecticidas. La presencia de estas plagas en la región refuerza la necesidad de comprender los mecanismos de defensa de las plantas, incluyendo la acumulación de silicio, como estrategia potencial de manejo. El objetivo principal de este trabajo fue correlacionar el crecimiento de las lagartas y el crecimiento poblacional del pulgón amarillo con los distintos niveles de silicio acumulados en tejidos vegetales, en respuesta a distintos manejos del suelo. El estudio se llevó a cabo en el ensayo de rotaciones de larga duración (INIA La Estanzuela, inicio 1963), donde se instalaron jaulitas para la hoja bandera -1, de plantas de sorgo, en tratamientos: Agricultura Continua con Fertilización, Agricultura Continua sin Fertilización y una mezcla de Pastura 33 % y Cultivo 66 %. Se inoculó una 1 lagarta y/o 5 áfidos según el tratamiento. Después de tres días, se retiraron las jaulitas y se evaluó el peso de las lagartas, el número de pulgones, el % de daño foliar, biomasa y contenido de Si en la hoja. Los resultados muestran que el sorgo en Agricultura Continua con Fertilización y en la mezcla de Pasturas presentó mayor acumulación de fitolitos que en Agricultura Continua sin Fertilización. Además, se observó que en el número de áfidos y el crecimiento de las lagartas fueron mayores cuando estuvieron en la planta que cuando se inocularon en conjunto. Estos hallazgos ofrecen información valiosa para el diseño de estrategias de manejo integrado, orientadas a fortalecer la resiliencia de los sistemas agrícolas frente a múltiples factores de estrés.

Financiamiento: Beca de postdoctorado, Proyecto: MPI_ID_2021_1_1010864: "The role of physical and chemical anti-herbivore defences in long-term integrated crop-pasture sequences:



trade-offs between silicon, alkaloids, and phenols, and their subsequent effects on below- and above-ground insect herbivores”.

P53 Condiciones hídricas y defoliación: implicancias en el desempeño de *Rachiplusia nu* y el rendimiento de la soja

Cibils-Stewart, X.¹; Gonzalez, M.A.¹; Calistro, P.¹; Bazzini, M.¹; Abbate, S.²

¹Protección Vegetal, Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria; ²Departamento de Protección Vegetal, EEMAC, Facultad de Agronomía, CENUR Litoral Norte, Universidad de la República. e-mail: xcibils@inia.org.uy

La soja constituye un cultivo estratégico en Uruguay y *Rachiplusia nu* representa una de sus principales plagas. Con el fin de evaluar los efectos del régimen hídrico y del tipo de defoliación sobre el desempeño larval y la productividad del cultivo, se realizaron ensayos bajo condiciones de riego y secano a campo. Se aplicaron dos tratamientos: T1, con 50% de defoliación mediante inoculación de larvas en jaulas individuales, y T2, con 50% de defoliación combinada, que integró daño real y mecánico. El desempeño de las larvas reveló diferencias marcadas según el régimen hídrico. Bajo riego, la tasa de crecimiento relativa fue significativamente más alta, sin variaciones entre los tipos de defoliación. En secano, el crecimiento disminuyó notoriamente, sobre todo con defoliación combinada ($p < 0,001$). El consumo relativo -cantidad de alimento ingerido por unidad de masa en 24 horas- tuvo valores más altos en secano independientemente del tipo de defoliación. Sin embargo, en riego, el consumo fue menor, especialmente en T2. Esto sugiere que la calidad del alimento y el nivel hídrico determinan la intensidad de alimentación larval. La eficiencia de conversión del alimento ingerido mostró diferencias significativas ($p = 0,003$) donde el valor más bajo correspondió a secano con defoliación natural, mientras que los demás tratamientos exhibieron eficiencias mayores y similares entre sí. Similarmente, la eficiencia de conversión del alimento digerido fue menor en secano con defoliación natural ($p = 0,004$), indicando que el estrés hídrico combinado con menor calidad foliar reduce la capacidad larval de transformar nutrientes en biomasa. La digestibilidad aproximada también fue más baja en este tratamiento ($p = 0,002$), lo que sugiere alteraciones en la estructura o composición química de las hojas bajo condiciones de estrés hídrico. En cuanto al cultivo, los rendimientos y la calidad de grano fueron altamente influenciados por la disponibilidad hídrica. Bajo riego, se alcanzaron 3038 kg/ha, frente a 1383,7 kg/ha en secano ($p < 0,001$). El peso de 1000 granos (147,5 g vs. 115,9 g), el vigor (68,5% vs. 55,5%) y la viabilidad de semillas (79,5% vs. 65,0%) fueron superiores en riego. Sin embargo, se observó un mayor daño mecánico en riego, mientras que el secano presentó más daño ambiental y por chinches. Estos resultados demuestran que tanto el régimen hídrico como el tipo de defoliación condicionan el desempeño de *R. nu*, la calidad fisiológica y sanitaria de las semillas de soja.

Financiamiento: FMV_3_2022_1_172322 “Estimación de la tolerancia del cultivo soja a la defoliación por lepidópteros con el objetivo de reducir las aplicaciones de insecticidas y promover un manejo más sustentable.”



P54 Planificar la diversidad de la cobertura vegetal como estrategia de manejo de plagas, malezas y enfermedades, mediante la maximización de servicios ecosistémicos

Pastorino, F.¹; Dotti, M.²; González Barrios, P.³; Ernst, O.¹; Siri, P.³; Ernst, F.⁴; Siri, G.¹; Álvarez, S.¹; Palladino, C.²; Villalba, J.²; Rey, L.²; Salvarrey, S.⁵; Parada P.⁵; Abbate, S.^{2,6}.

¹Departamento de Producción Vegetal, EEMAC, Facultad de Agronomía, Universidad de la República; ²Departamento de Protección Vegetal, EEMAC, Facultad de Agronomía, Universidad de la República; ³Departamento de Biometría, Estadística y Computación, Facultad de Agronomía, Universidad de la República; ⁴Universidad Tecnológica Uruguay; ⁵Departamento de Biología Animal, Facultad de Ciencias, Universidad de la República; ⁶Departamento de Ciencias Veterinarias y Agrarias, CENUR Litoral Norte, Universidad de la República. e-mail: abbate@fagro.edu.uy

La simplificación de los paisajes agropecuarios e intensificación en el uso de recursos generó incrementos en la productividad, pero determinó la reducción de la abundancia y diversidad de las especies animales que residen en dichos agroecosistemas. Recuperar la complejidad de la cobertura vegetal, contribuiría a preservar la biodiversidad, maximizar los servicios ecosistémicos y reducir la dependencia del uso de insumos. Bajo la hipótesis de que la diversificación de los sistemas de rotación de cultivos (SC) contribuye a disminuir la presión de plagas, malezas y enfermedades e incrementaría entre otros, el control biológico natural, polinización y ciclaje de nutrientes se pone en funcionamiento en la Estación Experimental Dr. Mario A. Cassinoni (EEMAC), una plataforma experimental de gran dimensión. En una superficie de aproximadamente 60 hectáreas, se evaluarán cuatro sistemas de cultivos representando un gradiente de diversidad vegetal: (1) Poco diversa: Cultivos anuales ampliamente adoptados, (2) Diversa por cultivos: Cultivos anuales + cultivos de servicio, (3) Diversa por pastura: Cultivos anuales + pastura perenne, (4). Diversa por ciclos: Cultivos anuales + cultivo perenne doble propósito. Se evaluará la dinámica poblacional de malezas, enfermedades, plagas y artrópodos benéficos, así como la erosión, fertilidad, suministro de nutrientes y salud del suelo (colémbolos). Se cuantificarán y estimarán resultados productivos (rendimiento, variabilidad, estabilidad), ambientales (riesgo de erosión, fertilidad, balance de nutrientes, emisiones de gases con efecto invernadero, riesgo de contaminación por uso de agroquímicos) y económicos (costos, producto valorado, márgenes, riesgo). Para delimitar zonas de manejo contrastantes en la plataforma experimental de largo plazo, se utilizó la técnica de multispatiPCA para integrar datos de monitores de rendimiento, atributos fisicoquímicos del suelo, mediciones de conductividad eléctrica, índices NDVI y TWI para descripción del paisaje, obtenidos de imágenes satelitales. Este enfoque pondera espacialmente los atributos de manera multivariada, identificando dos zonas diferenciadas según su potencial productivo. Los componentes principales se interpolaron mediante kriging para generar mapas predictivos de las zonas de manejo. Cada zona albergará 2 bloques con cuatro parcelas de aproximadamente 2 hectáreas. Para cuantificar el aporte de los sistemas diversificados sobre los resultados productivos, económicos y ambientales, se incluirá a futuro como sistemas de referencia un área de campo natural (EEMAC) y predios comerciales integrantes de COPAGRAN y del Instituto Nacional de Colonización. Se espera que la información generada de manera interdisciplinaria promueva paisajes agrícola-pastoriles que mediante la planificación de la diversidad espacio temporal



optimicen los servicios ecosistémicos procurando la sostenibilidad de los sistemas agropecuarios.

Financiamiento: Instituto de Investigación Agropecuaria (INIA) bajo la modalidad de Fondo Promocional de Tecnología Agropecuaria (INIA FPTA 422) Diversidad vegetal planificada: Aportes para una producción sostenible.



P55 Relevamiento Nacional del complejo del achaparramiento del maíz en Uruguay

Lluberas, L.¹; Giambiasi, M.²; Stewart, S.¹; Francia, C.¹; Agorio, A.³; Ponce De León, I.³; Cibils, X.¹

¹Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria, Protección Vegetal, Ruta 50 km 11, Colonia, Uruguay; ²Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria, Unidad de Biotecnología, Camino al Terrible s/n, Salto, Uruguay; ³Ministerio de Educación y Cultura, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable, Departamento de Biología Molecular. e-mail: xcibils@inia.org.uy

El achaparramiento del maíz se ha consolidado como una de las principales problemáticas sanitarias emergentes del cultivo en Uruguay, con impactos agronómicos significativos. Esta enfermedad es causada por un complejo fitopatológico compuesto por fitoplasmas y virus, cuya dinámica epidemiológica se ve influida por factores biológicos, climáticos y de manejo. Ante la creciente expansión del problema, resulta fundamental generar información sistemática y representativa sobre su distribución y evolución en sistemas comerciales. En este contexto, el presente trabajo tuvo como objetivo caracterizar la presencia y dinámica del complejo del achaparramiento a lo largo del ciclo del cultivo, mediante un relevamiento nacional realizado por la Red Uruguaya de Monitoreo de la Chicharrita INIA (RUMCI). El estudio abarcó 15 chacras comerciales distribuidas estratégicamente a nivel nacional, seleccionadas para asegurar representatividad geográfica y contrastes agroecológicos. En cada chacra se realizaron muestreos en tres momentos clave del ciclo del maíz: R2, R4 y R6, con el objetivo de registrar síntomas compatibles con achaparramiento, evaluar poblaciones del insecto vector *Dalbulus maidis* (DeLong & Wolcott, 1923) y estimar posibles pérdidas de rendimiento. La metodología consistió en recorridos sistemáticos en forma de “V” con cinco paradas por chacra, evaluando 25 plantas consecutivas en cada parada. Adicionalmente, se realizó un muestreo del insecto vector para diagnóstico molecular mediante PCR convencional, analizando 10 ejemplares por chacra y etapa, utilizando primers específicos para los cuatro patógenos del complejo. Los resultados permitieron confirmar la circulación de los agentes patógenos en diversas regiones y etapas del cultivo, observándose coinfecciones frecuentes en los vectores y una mayor carga de patógenos en fases reproductivas avanzadas. Este relevamiento constituye un aporte clave para comprender la dinámica espacial y temporal del achaparramiento en sistemas productivos reales, y subraya la importancia de consolidar redes de monitoreo fitosanitario como herramienta para anticipar y mitigar el impacto de enfermedades emergentes en el cultivo de maíz.

Financiamiento: Proyecto Interno INIA, Línea 3 – Convocatoria 2024: “Detección, Monitoreo y Control del Achaparramiento del Maíz en Maíz y Turnip Yellow Virus (TuYV) en Colza”.



P56 Detección y caracterización de los cuatro patógenos causantes del achaparramiento del maíz en chacras del litoral uruguayo

Altieri, A.¹; Silva, H.²; Ponce de León, I.¹; Hoffman, E.³; Cibils, X.⁴; Stewart, S.⁴; Agorio, A.¹

¹Departamento de Biología Molecular, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable, Montevideo, Uruguay; ²Facultad de Agronomía, Estación experimental Mario A. Cassinoni, Paysandú, Uruguay; ³Unicampo Uruguay, Paysandú, Uruguay; ⁴Protección Vegetal, Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria, La Estanzuela, Colonia, Uruguay. e-mail: aaltieri@fcien.edu.uy

El achaparramiento del maíz es una enfermedad de gran impacto económico que afecta a este cultivo en toda América. Es causada por un complejo de patógenos que son transmitidos por la chicharrita *Dalbulus maidis*: dos bacterias, *Spiroplasma kunkelii*, agente del achaparramiento espigado y *Candidatus Phytoplasma*, responsable del enanismo del maíz; y dos virus, el Virus Rayado Fino del Maíz (MRFV), que produce un rayado fino en las hojas, y el Virus del Mosaico Estriado del Maíz (MSMV), que genera mosaicos y estrías foliares. Se ha reportado que la acción conjunta de estos patógenos puede ocasionar pérdidas de hasta un 90% del rendimiento en cultivos de maíz.

Se piensa que en los últimos años, diversos factores ambientales y de manejo del cultivo han favorecido la expansión del vector y, en consecuencia, la propagación de la enfermedad. El aumento de la superficie cultivada de maíz, la presencia de maíces guachos entre campañas, la reducción de los intervalos entre siembras y la ocurrencia de inviernos suaves, que facilitan la supervivencia de la chicharrita y su dispersión, serían factores que favorecieron la expansión del achaparramiento desde el norte hacia el sur, alcanzando finalmente a Uruguay. En verano de 2024 se reportaron por primera vez síntomas compatibles con la enfermedad en nuestro país, y en otoño nuestro grupo confirmó la presencia de los cuatro patógenos. Para ello se analizaron muestras provenientes de nueve chacras con síntomas en los departamentos de Paysandú, Río Negro y Colonia. Mediante PCR se detectó entre uno y cuatro de los patógenos en cada muestra. Se observó una mayor prevalencia de *Candidatus Phytoplasma*, seguido por *Spiroplasma*, MSMV y MRFV, no habiéndose detectado ninguno de los virus en muestras de Colonia. Estudios filogenéticos permitieron relacionar los patógenos encontrados en Uruguay con cepas reportadas en otros países de América.

Este trabajo constituye la primera evidencia formal de la presencia del complejo del achaparramiento del maíz en Uruguay y evidencian la necesidad de profundizar en su estudio. Durante la zafra 2024-5 se amplió el muestreo a un mayor número de chacras del litoral oeste, incorporando localidades de los departamentos de Artigas, Salto y Soriano, lo que permitirá caracterizar mejor la distribución de la enfermedad, su dinámica epidemiológica y la diversidad genética de los patógenos involucrados. La información obtenida será clave para desarrollar estrategias de manejo integrado y prevención fitosanitaria que contribuyan a mitigar el impacto del achaparramiento en la producción de maíz en Uruguay.

Financiamiento: Proyecto Interno INIA, Línea 3 – Convocatoria 2024: “Detección, Monitoreo y Control del Achaparramiento del Maíz en Maíz y Turnip Yellow Virus (TuYV) en Colza”. Alícuotas PEDECIBA de estudiante e investigadora.



P57 Evaluación de métodos de inoculación de *Fusarium graminearum* y *Fusarium verticillioides* en espigas de maíz

Van den Dorpel, M.¹; Corrallo, B.²; Pandolfo, S.²; Pan, D.²; Palladino, C.¹.

¹Fitopatología, Departamento de Protección Vegetal, Facultad de Agronomía, Universidad de la República; ²Sección Micología, Facultad de Ciencias-Facultad de Ingeniería, Universidad de la República. e-mail: matiasvanden89@gmail.com

Fusarium graminearum y *Fusarium verticillioides* se encuentran entre las especies más frecuentes detectadas en la región, afectando no solo la producción sino también la calidad del grano al contaminarlo con micotoxinas, lo que representa un riesgo para la salud humana y animal. El objetivo de este trabajo fue evaluar tres métodos de inoculación de *F. graminearum* y *F. verticillioides* en la espiga de maíz, a fin de evaluar síntomas de la enfermedad y niveles de producción de micotoxinas. Se utilizó un diseño de bloques completos al azar con subparcelas divididas según la especie inoculada, aplicando tres técnicas: (1) inoculación en canal de estigmas, (2) inoculación mediante heridas en grano y (3) combinación de ambas, además de un testigo inoculado con agua destilada. Se evaluaron la incidencia y severidad en espigas, el porcentaje de infección de granos en medio Dextrosa Potato Agar, y las concentraciones de las micotoxinas deoxinivalenol (DON), zearalenona (ZEA) y fumonisinas (FB₁ y FB₂) mediante test de ELISA. El porcentaje medio de infección resultó relativamente bajo, con valores inferiores al 10% de severidad de la mazorca, en base a escala de 7 puntos. *F. graminearum* presentó la mayor capacidad de infección en grano, alcanzando hasta un 18% de severidad de la mazorca, mientras que *F. verticillioides* mostró un máximo de 7% (valores equivalentes a 3,5 y 2,4, en base a escala utilizada). Los métodos que incluyeron heridas generaron mayor incidencia y severidad de la enfermedad ($p < 0,05$). Se detectaron concentraciones de DON en el rango de 1457–19.200 µg/kg y de ZEA en el rango de 156–1530 µg/kg, mientras que FB₁ y FB₂ no fueron detectadas. Estos resultados preliminares muestran que las técnicas de inoculación que generan heridas permiten reproducir la enfermedad de manera más eficiente en *F. graminearum*, por lo que constituyen una herramienta valiosa para ensayos de patogenicidad y para la evaluación de distintas estrategias de manejo de esta enfermedad en maíz. En contraste, para *F. verticillioides*, la menor severidad observada y la ausencia de fumonisinas indican la necesidad de ajustar las técnicas de inoculación a fin de mejorar la reproducción de la enfermedad.

Financiamiento: Proyecto ANII FSA_1_2024_1_180291: Estudio de hongos y micotoxinas que afectan la inocuidad de cultivos de importancia agrícola y los factores predisponentes, para generar estrategias de prevención y mitigación.



P58 Primer reporte de *Kabatiella zae* causando la mancha ocular del maíz (*Zea mays* L.) en Uruguay

Francia, C.¹; Monesiglio, C.¹; Stewart, S.¹.

¹Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria (INIA La Estanzuela), 70000, Colonia, Uruguay. e-mail: cfrancia@inia.org.uy

El maíz (*Zea mays* L.) es un cultivo importante a nivel mundial, utilizado como alimento para el ganado, alimentación humana e industria. En marzo 2025, en Dolores (Uruguay), se observaron en el cultivar de maíz DK72-70TRE, pequeñas lesiones circulares a ovaladas (de 1 a 3 mm de diámetro), en R4. Las lesiones eran de color crema a marrón y estaban rodeadas por un halo fino clorótico. La incidencia era del 100% y la severidad del 40% en 500 plantas muestreadas. Se muestrearon seis plantas representativas con síntomas. Se cortaron fragmentos de hojas de 5 cm con lesiones y se esterilizaron superficialmente. Las muestras se colocaron en cámaras húmedas a temperatura ambiente por 48 h y el crecimiento micelial de las lesiones se transfirió con una aguja hipodérmica a agar dextrosa de papa ácida (PDAA) y se incubó a 25 °C y las colonias se transfirieron a PDA. Las colonias fueron inicialmente incoloras asumiendo una apariencia coriácea rosada después de 7 días. Las hifas hialinas eran anchas, ramificadas, septadas con ligeras constricciones en los septos. Los conidios eran hialinos, largos, curvados a falcados con extremos puntiagudos y no septados, con un tamaño de 20 a 35 × 2,5 a 3,75 μm (promedio: 28,16 × 3,54 μm, n = 100). Esta morfología era similar a la de *Kabatiella zae* Narita e Y. Hirats. (sin. *Aureobasidium zae*) (Narita e Hiratsuka, 1959). Se secuenciaron el espaciador transcrito interno (ITS) y el ARN ribosomal de la subunidad mayor (LSU) del aislado KO para confirmar su identidad. Ambas secuencias se depositaron en GenBank con números de acceso PV875371 para ITS y PV875375 para LSU, que mostraron una identidad del 99,45% y el 100% con la cepa JIMHK-9 de *K. zae*, respectivamente. Plantas de maíz cv. DK72-70TRE en V6, se inocularon con el aislado KO. Una suspensión de conidios (10⁶ conidios/ml) se pulverizó sobre las hojas hasta su escurrimiento. Las plantas se mantuvieron en una cámara de crecimiento a 25 °C y 90-95% de humedad durante 24 h, y luego en invernadero a 25 °C. Se inocularon ocho plantas y se pulverizó agua sobre ocho plantas control. Cuatro días después de la inoculación, se observaron lesiones típicas de la enfermedad en las hojas de todas las plantas, mientras que las plantas control no desarrollaron síntomas. Se recuperaron aislados morfológicamente idénticos a los inoculados y su identidad se confirmó como *K. zae* con base en la secuenciación LSU.



P59 Curasemilla con efecto prolongado para el control de *Leptosphaeria maculans* en canola

Francia, C.¹; Vera, M.¹; Mutay, V.¹; Stewart, S.¹.

¹Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria (INIA La Estanzuela), 70000, Colonia, Uruguay.
e-mail: cfrancia@inia.org.uy

El cancro de la base del tallo de la canola (*Brassica napus* L.), también llamado pie negro, causado por *Leptosphaeria maculans* (Desm.) Ces. et de Not. es una de las enfermedades más severas en el cultivo en Uruguay. Actualmente, la aplicación de fungicidas se recomienda en los estadios de 4 a 6 hojas. Sin embargo, en ese momento la plántula aún no cubre el surco, resultando en un uso subóptimo del insumo. Los curasemillas con efecto prolongado como fluopyram, parecen ser herramientas prometedoras para el control de infecciones tempranas a nivel foliar, pero su eficacia no ha sido probada en Uruguay. Los objetivos de este trabajo fueron i) Evaluar la eficacia de control de fluopyram a distintas dosis frente a *L. maculans* en canola, ii) Cuantificar la persistencia de su efecto protector en las primeras etapas del cultivo. Para el primer objetivo, se evaluaron los curasemillas Zentro FS, Lalstop, Fluoram a 150, 300 y 600 mL /100 kg de semilla y la combinación Lalstop + Fluoram y un testigo sin curasemilla. La unidad experimental estuvo conformada por una maceta con seis plántulas de la variedad Rivette. La inoculación se realizó mediante una herida en cada cotiledón, sobre la cual se aplicó una gota de 10 µL de la suspensión conidial. Para el segundo objetivo se evaluaron dos factores: curasemilla (Lalstop, Fluoram, Lalstop + Fluoram y un control sin curasemilla) y estado fenológico de la plántula al momento de la inoculación (estado cotiledonar, una hoja verdadera y cuatro hojas verdaderas). Las plántulas inoculadas en estado cotiledonar fueron evaluadas a los 10-12 días post-inoculación (dpi), mientras que aquellas inoculadas en una y cuatro hojas verdaderas, fueron evaluadas a los 20 dpi. La severidad se estimó mediante escala visual de 0 a 9, basada en el tamaño del área necrótica. Los tratamientos con curasemillas que incluyen fluopyram fueron altamente efectivos en la protección de plántulas de canola frente a infecciones por *L. maculans*, a todas las dosis evaluadas. Todos los fungicidas evaluados protegieron a la planta hasta el estadio de una hoja verdadera. A su vez, el fungicida Fluoram protegió la planta hasta el estadio de cuatro hojas verdaderas, lo que evidencia una acción prolongada del fungicida bajo las condiciones evaluadas.



P60 Primer reporte y análisis genómico de cepas de *Xanthomonas arboricola* asociadas a trigo en Uruguay

Clavijo, F.¹; Pereyra, S.²; Siri, M.I.¹.

¹Área Microbiología, Departamento de Biociencias, Facultad de Química, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay; ²Protección Vegetal, INIA La Estanzuela, Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria, Colonia, Uruguay. e-mail: fclavijo@fq.edu.uy

La especie *Xanthomonas arboricola* tiene una amplia distribución e importancia fitopatológica. Incluye diversos patovares que causan enfermedades en frutales de carozo, nogal y otras especies arbóreas de interés económico. Además de estas formas patogénicas, también se han reportado aislamientos no patogénicos dentro de la especie, reflejando una heterogeneidad ecológica y planteando interrogantes sobre la evolución de la patogenicidad en el género *Xanthomonas*. En muestreos de cultivos de trigo en Uruguay realizados en 2017 y 2018 se obtuvieron cinco cepas de *X. arboricola*, constituyendo el primer reporte de esta especie en dicho hospedero. Las cepas se secuenciaron por Illumina y Nanopore y se obtuvieron ensamblajes híbridos de alta calidad, que fueron analizados mediante ANI, dDDH y filogenómica basada en el genoma core, confirmando su pertenencia a *X. arboricola*. Se evaluó la presencia de sistemas de secreción y efectores mediante búsqueda de BLAST local contra bases de datos curadas, y se realizaron ensayos de patogenicidad en dos cultivares de trigo susceptibles a estría bacteriana. Ninguna de las cepas generó síntomas tras infiltración de suspensiones bacterianas a diferencia del control positivo (*Xanthomonas prunicola*), aunque lograron sobrevivir en el tejido foliar sin incrementar significativamente su población. El análisis genómico reveló sistemas T2SS y T4SS completos y conservados, ausencia de T6SS y, en tres de las cepas, un T3SS estructural incompleto. Se observó un repertorio muy reducido de efectores T3E (2–6 por cepa), en contraste con cepas patógenas de referencia de esta especie, que tienen 18–24 efectores. En conjunto, estos resultados sugieren que las cepas de trigo corresponden a variantes no patógenas de *X. arboricola*, capaces de sobrevivir en tejido foliar sin causar enfermedad. Este hallazgo amplía el rango de hospederos asociados a la especie, refuerza la necesidad de considerar a *X. arboricola* como un complejo con diversidad ecológica y aporta información para comprender la evolución de la patogenicidad en bacterias del género *Xanthomonas*.

Financiamiento: Proyecto ANII FCE_1_2017_1_135561; Proyecto ANII FCE-1-2023-1-176102



P61 Descifrando el rol de *Pantoea* en cultivos de trigo: ¿aliado o enemigo?

Labaste, R.¹; Coimbra, L.¹; Clavijo, F.¹; De Armas, S.¹; Ferreira, V.¹; Pereyra, S.²; Siri, M.I.¹

¹Área Microbiología, Facultad de Química, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay; ²Protección Vegetal, INIA La Estanzuela, Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria, – Colonia, Uruguay. *Estos autores contribuyeron de manera equitativa como primeros autores. e-mail: rlabaste@outlook.com, lucoimbra@fq.edu.uy

En Uruguay, el trigo (*Triticum aestivum*) ocupa cerca del 15 % del área agrícola cultivada, siendo el segundo cultivo en superficie después de la soja. El género *Pantoea* está ampliamente distribuido en diversos ambientes y hospederos incluyendo suelos, agua, plantas y animales. En el ámbito agrícola, algunas especies son benéficas ya que producen antibióticos, sideróforos y metabolitos con actividad antimicrobiana, mientras otras se han reportado como fitopatógenas en maíz, arroz, cebolla o remolacha. Su rol en el microbioma del trigo es poco conocido, con reportes que lo describen como patógeno, promotor del crecimiento o inhibidor de hongos fitopatógenos. El objetivo de este trabajo fue aislar y caracterizar cepas de *Pantoea* asociadas a cultivos de trigo y evaluar su potencial patogénico y biocontrolador frente a bacterias fitopatógenas del cultivo. Se aislaron 29 cepas de *Pantoea* a partir de hojas de trigo recolectadas en Uruguay (2017, 2018, 2024) y Brasil (2024). Mediante PCR con cebadores específicos se lograron asignar 17 cepas a las especies *P. ananatis*, *P. agglomerans* y *P. allii*. Las 12 cepas restantes fueron confirmadas como *Pantoea* mediante secuenciación del gen ARNr 16S. Para evaluar su potencial biocontrolador, se realizaron ensayos de competencia en placa enfrentando seis cepas representativas contra dos patógenos bacterianos de trigo; *Xanthomonas translucens* pv. *undulosa* (Xtu) y *Xanthomonas prunicola* (Xp). Todas las cepas evaluadas fueron capaces de inhibir el crecimiento de Xtu, mientras que solo tres inhibieron a Xp. La patogenicidad se evaluó mediante infiltración en plantas de trigo y ninguna cepa generó síntomas bajo las condiciones ensayadas. Las seis cepas de *Pantoea* fueron secuenciadas e identificadas como *P. allii* (2) *P. agglomerans* (2), *P. ananatis* (1) y *P. eucalypti* (1). Los análisis genómicos revelaron al menos dos sistemas de secreción tipo VI funcionales, con efectores asociados a competencia interespecífica, además de múltiples clusters de genes biosintéticos relacionados con la producción de sideróforos, terpenos y otros metabolitos secundarios con potencial actividad antimicrobiana. En conjunto, los resultados muestran que *Pantoea* constituye un componente persistente en el microbioma del trigo en Uruguay y Brasil, sin evidencias de patogenicidad. Por el contrario, las cepas presentaron actividad antagonista *in vitro* frente a especies de *Xanthomonas* patógenas y determinantes genéticos que sugieren un rol beneficioso de *Pantoea* en la protección del trigo frente a patógenos bacteriana. Este trabajo representa un punto de partida para estudios orientados a evaluar su potencial aplicación en estrategias de manejo biológico de enfermedades.

Financiamiento: ANII Beca de Doctorado POS_NAC_2023_1_(Lucía Coimbra); Proyecto ANII FCE_1_2023_1_176102: Caracterización de especies de *Xanthomonas* asociadas a cultivos de trigo: distribución, patogenicidad de interacción con la microbiota del hospedero.



P62 Estrategias de mejoramiento genético para desarrollar líneas de trigo resistentes a Fusariosis de la espiga.

Karlen, J.M.¹; Iriarte, W.¹; Pereira, F.¹; García, R.¹; Pérez, N.¹; Villero, M.¹; Monesiglio, C.¹; Pereyra, S.¹; Vanzetti, L.¹; Silva, P.¹

¹Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria (INIA), Uruguay. e-mail: juan191287@gmail.com

La fusariosis de la espiga (FE), causada principalmente por el hongo *Fusarium graminearum*, es una de las enfermedades más relevantes en trigo, tanto por las pérdidas de rendimiento que ocasiona como por la acumulación de micotoxinas en el grano. La incorporación de fuentes de resistencia constituye una estrategia prioritaria en los programas de mejoramiento. Entre los principales loci de resistencia identificados, *Fhb1* y *Fhb7* confieren mecanismos de resistencia complementarios, por lo que su piramidación representa una alternativa promisorio para el desarrollo de cultivares con mayor nivel de resistencia. El objetivo general de este trabajo es desarrollar germoplasma de trigo resistente a FE. Para ello nos propusimos, por un lado, introgresar el gen *Fhb7* y piramidarlo con *Fhb1* en líneas adaptadas, mediante un esquema de retrocruzas asistidas por marcadores moleculares. En este proceso se utilizaron líneas previamente desarrolladas por el grupo, portadoras de *Fhb1* como parentales recurrentes y una línea donadora del *Fhb7*, verificando en cada ciclo de cruzamientos la presencia de los loci de interés. Por otro lado, nos propusimos caracterizar 61 líneas de trigo con introgresiones de parientes silvestres como posibles donantes de resistencia novedosa. Este material se evalúa mediante inoculación artificial, determinando su nivel de resistencia a FE y la presencia/ausencia de *Fhb1* y *Fhb7*, con el fin de identificar nuevas fuentes de resistencia. Para la detección de los loci de interés se utilizaron marcadores moleculares del tipo KASP (*Kompetitive Allele-Specific PCR*). En la generación F1 se confirmó la presencia en heterocigosis de ambos loci y se validaron los marcadores KASP empleados. Por otra parte, el análisis de las líneas con introgresiones silvestres mostró que 9 de las 61 (14,75%) presentan *Fhb1*, mientras que el resto de las líneas no presentan ninguno de los dos loci. Estos resultados constituyen los primeros avances del proyecto. Los próximos pasos incluyen la evaluación a campo y bajo condiciones controladas de las líneas con introgresiones silvestres y la consolidación del proceso de retrocruzas, con vistas a generar materiales con resistencia mejorada a FE. En conjunto, estos objetivos contribuirán a generar materiales élite con mayor nivel de resistencia genética a FE, ampliar la base de diversidad disponible en los programas de mejoramiento y fortalecer la capacidad de selección asistida en el programa de mejoramiento genético de trigo del INIA.

Financiamiento: ANII Maria Viñas
FMV_3_2024_1_180592



P63 Prospección sanitaria y análisis de micotoxinas en lotes de semilla de trigo del litoral norte de Uruguay

Palladino, C.¹; Silvera, E.²; Fernández, S.¹; Richard, L.²; Andino, C.¹; Pareja, L.³.

¹Departamento de Protección Vegetal, Facultad de Agronomía, Universidad de la República, EEMAC, Paysandú, Uruguay; ²Departamento de Protección Vegetal, Facultad de Agronomía, Universidad de la República, EEFA, Salto, Uruguay; ³Departamento de Química del Litoral, Cenur Litoral Norte, Universidad de la República, Paysandú, Uruguay. e-mail: cintia.palladino@gmail.com

El conocimiento de los patógenos presentes en las semillas de trigo es fundamental para definir prácticas de manejo y prevenir riesgos sanitarios. En Uruguay, un estudio tuvo como objetivo evaluar el nivel de infección en 23 lotes de semillas de la zona litoral norte, analizar la relación entre la infección y las condiciones climáticas durante su producción, y cuantificar las micotoxinas producidas por *Fusarium* (deoxinivalenol, sus derivados acetilados 3-ADON y 15-ADON, nivalenol y zearalenona). El análisis de blotter test, reveló una alta frecuencia de hongos del género *Alternaria*, con un promedio del 71% y valores máximos de hasta 89,5%. Le siguieron *Cladosporium*, detectado en 22 lotes con una media del 7,8%, y *Epicoccum*, con un 2,4%. Los géneros *Curvularia* y *Stemphylium* se presentaron en casos mínimos y esporádicos. En relación con los géneros típicamente asociados a patógenos transmitidos por semilla, *Fusarium* y *Bipolaris* se detectaron únicamente de forma ocasional, con frecuencias promedio inferiores al 0,2%. La identificación molecular permitió determinar las especies *Fusarium graminearum*, *F. annulatum*, *F. coffeatum*, *F. proliferatum*, *F. fujikuroi*, *F. equiseti*, así como *Bipolaris sorokiniana*. Se observó una correlación positiva significativa entre la presencia de *Bipolaris* y la temperatura en el período comprendido entre la etapa Z49 y la cosecha ($r^2 = 0,47$; $p < 0,05$). El análisis mediante QuEChERS y HPLC-MS/MS no detectó zearalenona, nivalenol, ni derivados acetilados de DON. Sin embargo, en todas las muestras, incluso en aquellas sin detección de *Fusarium*, se registró la presencia de DON, con concentraciones entre $<0,1$ mg/kg y 1,18 mg/kg. Los resultados destacan la necesidad de evaluar la sanidad de los lotes de semillas, tanto para definir medidas de manejo específicas como por su impacto en la inocuidad alimentaria. En particular, la alta frecuencia de *Alternaria*, subraya la importancia de mantener una vigilancia permanente y de ampliar la detección hacia otras micotoxinas potenciales.



P64 - Nueva amenaza para el trigo: expansión geográfica de la Piricularia a Uruguay - perspectiva genómica y patogénica

Silva, P.¹; Cruppe, G.^{2,3}; Pereira, F.¹; García, R.¹; Bentos, D.¹; Villero, M.¹;
Monesiglio, C.¹; Liu, S.²; Singh, P.K.⁴; Stack, J.P.^{2,3}; Valent, B.^{2,3}; Pereyra, S.¹.

¹Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria (INIA), Estación Experimental La Estanzuela, Sistema Agrícola-Ganadero, Ruta 50 km 11, 70006, Colonia, Uruguay; ² Department of Plant Pathology, Kansas State University, USA4702 Throckmorton PSC, 1712 Claflin Road, Manhattan, KS, 66506-5502; ³Biosecurity Research Institute (BRI), Pat Roberts Hall - Biosecurity Research Institute, 1900 Denison Ave, Manhattan, KS 66506; ⁴International Maize and Wheat Improvement Center (CIMMYT), Postal 6-641, Mexico DF 06600, Mexico. e-mail: mpsilva@inia.org.uy

La Piricularia o brusone del trigo, causada por *Magnaporthe oryzae* patotipo *Triticum* (MoT), es una de las enfermedades emergentes más destructivas que afectan la producción mundial de trigo. Aunque es endémica de Sudamérica y ha impactado significativamente a Brasil, Paraguay y Bolivia, no había sido reportada en Uruguay hasta 2023. Durante esa campaña, condiciones climáticas similares a las asociadas con brotes de MoT en Brasil, particularmente en el noroeste de Uruguay, motivaron un monitoreo intensivo de la enfermedad. En octubre de 2023, se recolectaron 17 muestras de espigas de trigo con síntomas compatibles con brusone en 11 chacras; nueve resultaron positivas para *M. oryzae* en base a la morfología. Se recuperaron cuatro aislamientos monospóricos, y tres de ellos fueron sometidos a caracterización molecular y genómica. La PCR confirmó su identidad como MoT, y las pruebas de patogenicidad demostraron su capacidad de causar enfermedad tanto en hojas como en espigas de genotipos de trigo susceptibles. Las comparaciones filogenéticas entre 57 cepas de *M. oryzae* de *Triticum*, *Lolium* y *Eleusine*, incluyendo cepas del linaje B71 responsable de brotes de la enfermedad en Bangladesh y Zambia, indicaron que las cepas uruguayas están estrechamente relacionadas con algunas cepas brasileñas y son genéticamente distintas del linaje B71. En particular, las cepas PyrUy10.1 y PyrUy14.1 compartieron el 99,9% de sus SNPs, mientras que PyrUy11.1 mostró solo un 73% de similitud con estas cepas, lo que sugiere más de una introducción del patógeno en Uruguay y la presencia de linajes distintos. Estos hallazgos confirman la presencia de MoT en Uruguay y sugieren que su introducción probablemente ocurrió por dispersión debido a la proximidad geográfica con Brasil. Este estudio resalta la necesidad de una vigilancia y monitoreo continuos en las regiones uruguayas con condiciones ambientales favorables para el brusone del trigo, ya que la detección de múltiples linajes genéticos sugiere la presencia de cepas con adaptaciones distintas. Esta diversidad genética representa un desafío significativo para el manejo efectivo del brusone en Uruguay y puede tener implicancias importantes para la producción nacional de trigo a medida que el patógeno continúa evolucionando localmente.

Financiamiento: Este proyecto fue financiado por la Subvención Competitiva no. 2021-68013-33719 de la Iniciativa de Investigación en Agricultura y Alimentos (Agriculture and Food Research Initiative) del Instituto Nacional de Alimentación y Agricultura (USDA National Institute of Food and Agriculture) de

EE. UU. Esta es la contribución no. 25-223-J del Kansas Agricultural Experiment Station. Este trabajo también fue apoyado por las iniciativas DEWAS y One CGIAR, incluyendo la Iniciativa de Mejoramiento Acelerado (Accelerated Breeding Initiative, ABI) y la Iniciativa de Salud Vegetal (Plant Health Initiative, PHI).



P65 Evaluación fenotípica y molecular de la resistencia a fusariosis de la espiga en trigo de Paraguay

Villalba, A.^{1,2}; Karlen, J.M.²; Rabaza, S.²; Alvarez, W.²; Gonzalez, N.²; García, E.²; Bentos, D.²; Villero, M.²; Monesiglio, C.²; Silva, P.²; Pereyra, S.².

¹Maestría en Ciencias Agrarias, Facultad de Agronomía, UdelaR; ²Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria (INIA), INIA La Estanzuela. e-mail: arielvillalba206@gmail.com

El trigo (*Triticum aestivum* L.) constituye uno de los cereales más importantes a nivel global y regional, desempeñando un papel estratégico en la seguridad alimentaria y en la sustentabilidad de los sistemas agrícolas del Cono Sur. A pesar de su relevancia, la productividad y calidad de este cultivo se ven limitadas por múltiples factores bióticos y abióticos, destacándose entre ellos la fusariosis de la espiga (FE), enfermedad causada principalmente por el complejo de especies de *Fusarium graminearum*. La FE provoca aborto de espiguillas, formación de granos vanos y reducción del rendimiento, además de comprometer la inocuidad de la cadena triguera mediante la acumulación de micotoxinas como deoxinivalenol (DON) y zearalenona, con efectos adversos sobre la salud humana y animal. La variabilidad genética del patógeno y la interacción genotipo × ambiente dificultan la obtención de cultivares con resistencia estable, lo que hace necesario caracterizar el germoplasma existente y explorar nuevas fuentes de resistencia. En este marco, el presente trabajo tiene como objetivos principales: a) caracterizar fenotípicamente un conjunto de 48 genotipos del Programa de Mejoramiento Genético de Trigo de Paraguay (PMGT), junto con tres cultivares de referencia Sumai3 (resistente), INIA Madrugador (moderadamente resistente) e INIA Don Alberto (susceptible) evaluando incidencia y severidad de FE en ensayos a campo e invernáculo bajo alta presión de inóculo; y b) determinar la presencia de los genes de resistencia *Fhb1* y *Fhb7* mediante marcadores KASP, para establecer si la resistencia observada se explica por fuentes de resistencia genética conocida o por fuentes novedosos aún no caracterizados. Esta aproximación integrada permitirá identificar líneas con resistencia efectiva y potencialmente novedosa, constituyendo recursos estratégicos para programas de mejoramiento genético. La validación de genes de resistencia conocidos proporcionará evidencia sobre la base genética del germoplasma paraguayo, mientras que la detección de resistencia no explicada por genes clásicos podrá orientar la incorporación de nuevas fuentes de resistencia. Los resultados proporcionarán herramientas valiosas para programas de mejoramiento, facilitando la selección de materiales resistentes y contribuyendo al desarrollo de cultivares de trigo más productivos y sostenibles.

Financiamiento: PEI 2021-2025 INIA N-27397 SAG_07_0_00 Manejo de enfermedades en cultivos agrícolas. ANII María Viñas FMV_3_2024_1_180592 de la Agencia Nacional de Investigación e Innovación ANII Uruguay.



P66 Evaluación de especies fúngicas con potencial antagónico frente a *Fusarium* spp.

Pandolfo, S.¹; Ávila, J.¹; Corallo, B.¹; Pan, D.¹.

¹Sección Micología, Facultad de Ciencias-Facultad de Ingeniería, Universidad de la República, Uruguay. e-mail: pandolfosolemia@gmail.com

Las especies de *Fusarium* se encuentran entre los patógenos más frecuentes que afectan a los cultivos agrícolas a nivel mundial. Éstas ocasionan importantes pérdidas económicas, no solo por la disminución en el rendimiento del cultivo, sino porque además son capaces de producir micotoxinas que afectan la salud humana y animal cuando se consumen granos contaminados. Una alternativa o complemento al uso de fungicidas químicos para disminuir la infección, es el uso de hongos como controladores biológicos. El objetivo del presente trabajo consistió en evaluar el potencial antifúngico de cepas disponibles en la colección del laboratorio de Micología frente a *Fusarium graminearum*, *F. verticillioides* y *F. fujikuroi*. Se evaluaron cepas de *Trichoderma atroviride* (T33), *Clonostachys* sp. (P43), *Beauveria bassiana* (2067), *Metarhizium anisopliae* (2411) y *Lecanicillium lecanii* (2415). Para ello, se colocó un disco de micelio del controlador en el centro de una placa con medio agar-papa-dextrosa (PDA) y tres discos de micelio de cada cepa de *Fusarium* spp. Se utilizaron 3 cepas por especie de *Fusarium* sp. y se realizaron 3 réplicas. Los controles se realizaron colocando un disco de micelio en el centro de la placa con PDA. Se midió el radio de crecimiento a los 3, 5 y 7 días de inoculado y se calculó la velocidad de crecimiento y el índice de inhibición. Todas las cepas evaluadas presentaron un porcentaje de inhibición superior al 50%, siendo la cepa T33 la que presentó la mayor inhibición frente a todas las especies de *Fusarium* (>90%). En base a estos resultados, se seleccionó la cepa *T. atroviride* T33 como candidata promisorio como controlador biológico de *Fusarium* spp. Esta cepa continuará siendo caracterizada a campo, dado que presenta actividad antifúngica frente a fitopatógenos responsables de enfermedades en cultivos de relevancia económica para nuestro país, lo que le confiere un notable potencial y valor biotecnológico para el desarrollo de bioinsumos.



P67 Identificación y caracterización de aislados de *Fusarium* spp. asociados al tizón de flor en *Cannabis sativa* L

Fumero, J.¹; Silvera-Pérez, E.²; Collazo, D.¹, Rousserie, G.¹, González-Rabelino, P.¹.

¹Fitopatología, Departamento de Protección Vegetal, Facultad de Agronomía, Universidad de la República; ²Fitopatología, Departamento de Protección Vegetal, Estación Experimental de la Facultad de Agronomía Salto, Universidad de la República. e-mail: pgonzarab@gmail.com

La producción de cannabis adquirió su relevancia en Uruguay a partir de su despenalización en el 2014. En la actualidad, el cultivo ocupa un área de 335 hectáreas al aire libre y 43000 m² bajo cubierta. Los problemas sanitarios representan uno de los factores limitantes para la producción de *Cannabis sativa*. Un estudio prospectivo de sanidad en cultivos de cáñamo en Uruguay (2017-2021), detectó varias enfermedades, entre ellas el tizón de flor asociado a *Fusarium* spp. en plantaciones protegidas. Dado que en el país no se conocen las especies patógenas de *Fusarium* spp. en flores de cáñamo, este trabajo tuvo como objetivo identificar y caracterizar los aislados de *Fusarium* asociados al tizón de flor en cannabis. La identificación inicial de los cuatro aislados de *Fusarium* de la colección de Laboratorio de Fitopatología se realizó mediante la amplificación de la región parcial del gen factor elongación 1-alfa con los cebadores EF-1/EF-2, secuenciamiento y posterior comparación con las secuencias depositadas en el GenBank mediante búsqueda BLAST. Para los ensayos de patogenicidad, se inocularon 75 flores de la variedad Hot Blonde con los cuatro aislados. El diseño experimental fue de bloques al azar con cinco tratamientos y cinco repeticiones. La unidad experimental estuvo compuesta por cinco flores. Se colocaron las flores sobre malla de sombra y papel estéril humedecido con agua destilada estéril (ADE) en recipientes plásticos cerrados. Cada aislado se inoculó mediante pulverización con una suspensión de conidios (1×10^6 esporas. mL⁻¹), mientras el testigo recibió ADE. Las flores se incubaron durante siete días a 24 °C con un fotoperíodo de 16 hs. Transcurrido ese período, se evaluó visualmente la presencia de signo y se aisló el patógeno para su confirmación. La morfología de colonia y la identificación molecular confirmó que los cuatro aislados inoculados fueron patógenos, tres correspondieron *Fusarium graminearum* y uno a *F. pseudograminearum*. Los nuevos aislados coincidieron con la identidad de los originales. Este es el primer reporte de *F. graminearum* y *F. pseudograminearum* como agentes causales de tizón en flor de *C. sativa* en Uruguay.



P68 Aislados de *Achromobacter* sp. y *Delftia* sp. con potencial para el control biológico frente a especies de *Diaporthe*, causantes del cancro del tallo de la soja en Uruguay

Mena, E.¹; Costa, A.²; Ponce de León, I.¹

¹Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable, Departamento de Biología Molecular;

²Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable, Departamento de Bioquímica y Genómica Microbianas. e-mail: eilyn.mena@gmail.com

La soja constituye el principal cultivo de exportación en Uruguay. Su rendimiento se ve afectado por diferentes enfermedades como el cancro del tallo. Se han identificado varias especies del complejo *Diaporthe/Phomopsis* que causan la enfermedad a nivel mundial. En Uruguay las especies identificadas son *D. caulivora*, *D. longicolla*, *D. miriciae*, *D. masirevicii* y *D. aspalathi*. El control de la enfermedad se basa principalmente en el uso de cultivares con genes de resistencia y el uso de fungicidas. Hasta la fecha, solo hay cultivares comerciales con loci de resistencia a *D. aspalathi* (*Rdm1-6*), lo que favorece la prevalencia de las otras especies. Los fungicidas que se aplican en soja no son eficaces para esta enfermedad por lo que el manejo se basa en la prevención, labores culturales y se buscan alternativas para su control. En este trabajo, se identificaron y estudiaron dos bacterias aisladas de plantas de soja con síntomas del cancro del tallo de campo como potenciales agentes biocontroladores. Para ello, se evaluó la capacidad antagonista frente a las cinco especies de *Diaporthe* mencionadas anteriormente. Las especies bacterianas fueron identificadas como especies del género *Achromobacter* y *Delftia*. Ambas cepas bacterianas y su filtrado de cultivo presentaron actividad antifúngica frente a las cinco especies de *Diaporthe* causantes del cancro del tallo en Uruguay. Se observaron al microscopio deformaciones de las hifas de *Diaporthe* spp. en contacto con el filtrado de cultivo de ambas especies bacterianas. Con este estudio, se identificaron bacterias nativas de plantas de soja con potencial para el control del cancro del tallo de la soja. Los resultados obtenidos pueden ser incorporados en los programas de manejo de la enfermedad en el cultivo.



P69 *Trichoderma* spp. aislados de suelo y como endófitos con potencial biocontrolador para mejorar la germinación e instalación del cultivo de arroz.

Alvarez, M.¹; Abreo, E.²; Martínez-Kopp, S.³; Lupo, S.¹

¹Sección Micología, Facultad de Ciencias Universidad de la República; ²Plataforma de Bioinsumos, INIA Las Brujas; ³ Laboratorio de Patología Vegetal, INIA Treinta y Tres. e-mail: slupo@fcien.edu.uy

El arroz (*Oryza sativa* L.) es un alimento básico para más de la mitad de la población mundial, lo que hace prioritario el desarrollo de estrategias biológicas que contribuyan a mejorar la productividad y reducir el impacto de fitopatógenos. El género *Trichoderma* se reconoce por su capacidad de actuar como promotor de crecimiento vegetal y agente de biocontrol. El objetivo del presente trabajo fue evaluar el potencial de aislamientos de *Trichoderma* spp., obtenidos de suelos y raíces de cultivares de arroz, en la promoción de germinación y desarrollo radicular, así como en la inhibición de patógenos asociados al cultivo. Los aislamientos se obtuvieron mediante dilución en placa de suspensiones de suelo y desinfección superficial de raíces seguida de inoculación en medio PDA para la obtención de hongos endófitos. La identificación molecular se realizó mediante secuenciación de parte del gen del factor de elongación (TEF1- α) y análisis filogenético de máxima verosimilitud con secuencias de referencia del GenBank, se identificaron 29 aislamientos correspondientes a *T. koningiopsis*, *T. atroviride*, *T. asperellum* y *T. harzianum*. Los ensayos in vitro mostraron respuestas diferenciales en la germinación: los dos aislamientos de *T. koningiopsis* inhibieron la germinación de semillas, mientras que otros aislamientos de *T. harzianum*, *T. atroviride* y *T. asperellum* presentaron efectos variables, desde estimulación hasta ausencia de respuesta. A partir de esta etapa se seleccionaron nueve aislamientos para evaluación en invernáculo. En macetas, los aislamientos *T. harzianum* (T2, T22, T31), *T. koningiopsis* (T3) y *T. asperellum* (T4) promovieron significativamente la germinación y el establecimiento de plántulas, mostrando un comportamiento diferente respecto a los resultados obtenidos en condiciones in vitro. La actividad antagónica se determinó mediante cultivos duales frente a *Sclerotium oryzae*, *Rhizoctonia oryzae* y *R. oryzae-sativae*. Todos los aislamientos evaluados presentaron capacidad inhibitoria, destacándose *T. koningiopsis* con los mayores porcentajes de inhibición sobre *R. oryzae*, y *T. harzianum* frente a *S. oryzae*. En conjunto, los resultados demuestran el potencial de aislamientos de *Trichoderma* spp. como agentes promotores de crecimiento y biocontrol en arroz. Estos hallazgos constituyen una base para el desarrollo de bioinsumos aplicables en programas de manejo integrado, aunque requieren validación en condiciones de campo y a través de formulaciones apropiadas.

Financiamiento: Sección Micología, Facultad de Ciencias, Universidad de la República; Plataforma de Bioinsumos, INIA Las Brujas.



P70 La absorción de Silicio en *Festuca arundinacea* refleja el estrés inducido por el clima

Alvarez, M.¹; Mendez, S.^{1,2}; Lattanzi, F.¹; Johnson, S.³; Hartley, S.⁴; Ayala, W.⁵; Cibils Stewart, X.¹

¹Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria; Colonia, 70000, Uruguay; ²Universidad de Buenos Aires, Facultad de Agronomía, Buenos Aires, Argentina; ³Hawkesbury Institute for the Environment, Western Sydney University; Penrith, New South Wales, 2751, Australia; ⁴Department of Animal and Plant Sciences, University of Sheffield, S102TN, Sheffield, UK; ⁵Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria; Treinta y Tres, 33097, Uruguay. e-mail: malvarez@inia.org.uy

El silicio (Si) es reconocido como un modulador clave de la resiliencia vegetal frente a estreses abióticos y bióticos, aunque su dinámica a escala de campo aún es poco conocida. Las gramíneas son especies que acumulan altas cantidades de Si en sus tejidos y *Festuca arundinacea*, gramínea perenne invernada de gran importancia por su uso forrajero en Uruguay, es un buen modelo de estudio. El objetivo de este trabajo fue analizar la dinámica de la concentración foliar de Si en tres cultivares de *Festuca arundinacea* (INIA Aurora, INIA Fortuna y Kentucky 31) bajo condiciones de campo en Uruguay, evaluando la influencia de variables agrometeorológicas: temperatura del aire, evapotranspiración de Penman, ocurrencia de heladas y precipitación. Los análisis lineales mostraron que la temperatura fue el principal predictor de la acumulación de Si, seguida por la evapotranspiración, con máximos durante el verano. En contraste, las heladas ejercieron un efecto negativo inmediato sobre la concentración foliar de Si, aunque los modelos con rezago temporal evidenciaron aumentos posteriores, sugiriendo un posible “efecto memoria” fisiológico. Por otro lado, la precipitación no tuvo un impacto significativo. El análisis multivariado (PCA y PERMANOVA) confirmó una fuerte estructuración estacional, con predominio de los factores energéticos (temperatura, radiación y evapotranspiración), explicando más del 80 % de la variabilidad del sistema. Estos hallazgos revelan que los impulsores térmicos y evaporativos son dominantes en las dinámicas de Si en pasturas templadas. Paralelamente, los perfiles de NDVI (Índice de Vegetación de Diferencia Normalizada) mostraron relación inversa con la acumulación de Si, sugiriendo un posible trade-off entre vigor vegetativo y defensas físicas. La mayor acumulación estival de Si puede tener un rol ecológico defensivo frente a herbívoros de aparato masticador, coincidiendo con los períodos de mayor presión de insectos. Aunque no se detectó una correlación significativa entre Si y abundancia total de insectos, se observó una covariación temporal que apunta a la acción de factores climáticos comunes. Estos resultados confirman la doble función del Si en amortiguar estreses abióticos y contribuir a la resistencia biótica. En conclusión, la regulación del Si en *Festuca arundinacea* en Uruguay está principalmente gobernada por condiciones energéticas y por efectos retardados de estreses climáticos, más que por precipitaciones puntuales. La integración de NDVI y dinámicas de Si aporta nuevas herramientas para predecir respuestas fisiológicas en gramíneas forrajeras bajo escenarios de variabilidad climática. Este conocimiento resulta clave para estrategias de manejo y la selección de genotipos resilientes en sistemas pastoriles.

Financiamiento: Beca de doctorado, Proyecto: MPI_ID_2021_1_1010864: “The role of physical and chemical anti-herbivore defences in long-term integrated crop-pasture sequences: trade-offs between silicon, alkaloids, and phenols, and their subsequent effects on below- and above ground insect herbivores”. Preferencia: Oral-Poster.



P71 Resistencia de *Amaranthus hybridus* al fomesafen y alternativas de control

Kaspary, T.E.¹; García, M.A.¹; Laborde, A.³ Hernández, S.³; Conejo, A.P.³

¹Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria – INIA, Uruguay; ²Universidad de la Empresa – UDE, Uruguay. e-mail: tkaspary@inia.org.uy

Amaranthus hybridus (syn; *quitensis*) conocido como yuyo colorado, es una de las malezas estivales más relevantes en los sistemas agrícolas de Uruguay. Se trata de una especie autóctona, con elevada capacidad competitiva por recursos esenciales y caracterizada por presentar, en Uruguay, resistencia a los herbicidas glifosato y a los inhibidores de la enzima acetolactato sintasa (ALS). No obstante, en los últimos años se han registrado a nivel de campo fallas de control posteriores a la aplicación del herbicida fomesafen. El objetivo de este trabajo fue investigar la ocurrencia de resistencia al herbicida fomesafen en *A. hybridus* mediante experimentos de curvas de dosis-respuesta, así como evaluar alternativas químicas para su control. Se condujeron dos ensayos independientes en condiciones de invernáculo: Primer ensayo, realizado en diseño factorial 5×8, donde el factor A correspondió a cinco biotipos de *A. hybridus* (dos susceptibles y tres con sospecha de resistencia) y factor B correspondió a ocho dosis del herbicida fomesafen (0; 0,25; 0,5; 1; 2; 4; 8X, donde X= 250 g ia.ha⁻¹); Segundo ensayo evaluó seis alternativas de control: 2,4-D (1.026 g e.a.ha⁻¹), dicamba (86,7 g ea.ha⁻¹), glufosinato (400 g ia.ha⁻¹), 2,4-D + glufosinato (1.026 + 400 g ea/ia.ha⁻¹), benazolin + fomesafen (360 + 300 g i.a.ha⁻¹) y saflufenacil (28 g i.a.ha⁻¹), además de un testigo sin aplicación. En ambos ensayos se realizaron cuatro repeticiones por tratamiento. Las aplicaciones se efectuaron en el estadio de dos a tres hojas verdaderas, utilizando una cámara de pulverización con boquillas XR 8010, calibrada a 150 L ha⁻¹ y 250 kPa. Las evaluaciones de control (%) se realizaron a los 7, 14 y 21 días después de la aplicación (DDA), y a los 21 DDA se determinó la materia seca de la parte aérea (g planta⁻¹). Los resultados obtenidos en las curvas de dosis se ajustaron a un modelo sigmoideal de tres parámetros y, posteriormente, se calcularon los factores de resistencia (FR). En el caso del ensayo con herbicidas alternativos, los datos fueron sometidos a un análisis de varianza (ANOVA) y las medias se compararon mediante la prueba de Tukey ($p \leq 0,05$). Los biotipos AH-12, AH-76 y AH-86 fueron confirmados como resistentes a fomesafen, con FR de 19,98; 40,50 y 42,17, respectivamente. Los tratamientos alternativos lograron controles superiores a 90%, excepto dicamba, con un promedio de 65%. Este es el primer reporte de resistencia de *A. hybridus* a fomesafen en Uruguay.



P72 Resistencia de *Echinochloa crus-galli* al herbicida glifosato

Kaspary, T.E.¹; Santos, O.D.²; García, M.A.¹; Cabrera, M.¹.

¹Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria – INIA, Uruguay; ²Universidad Federal do Rio Grande do Sul – UFRGS, Brasil. e-mail: tkaspary@inia.org.uy

La especie de capín *Echinochloa crus-galli* es una maleza frecuentemente encontrada en los sistemas agrícolas uruguayos. En los últimos años, se han reportado fallas de control con el uso del herbicida glifosato, especialmente en cultivos de soja y maíz. El objetivo de este trabajo fue determinar la ocurrencia de resistencia de *Echinochloa crus-galli* al glifosato mediante ensayos de curvas de dosis-respuesta. Para determinar la resistencia se utilizaron cuatro biotipos de la maleza, colectados en distintas zonas agrícolas del país y previamente caracterizados mediante ensayos de screening: uno susceptible – S (E-23) y tres con sospecha de resistencia – R (E-42, E-43 y E-46). Fueron utilizadas ocho dosis del herbicida, tomando como referencia la dosis recomendada de 960 g e.a. ha⁻¹ (X). Para el biotipo susceptible (S) se aplicaron las dosis 0; 0,075; 0,125; 0,25; 0,5; 1; 2 y 4X, mientras que para los biotipos con sospecha de resistencia (R) se utilizaron las dosis 0; 0,25; 0,5; 1; 2; 4; 8 y 16X. Cada tratamiento contó con cuatro repeticiones. El ensayo se llevó a cabo en invernáculo. Cinco semillas de cada biotipo se sembraron en macetas de 0,3 L, rellenas con una mezcla de suelo, sustrato y vermiculita en proporción 3:3:1. Luego de la emergencia se realizó un raleo, dejando una planta por maceta. Cuando las plantas alcanzaron el estadio de tres hojas verdaderas, fueron asperjadas con los tratamientos correspondientes utilizando una cámara de aplicación equipada con boquillas XR8010, configurada para suministrar 150 L ha⁻¹ a 250 kPa. Las evaluaciones de control (%) se realizaron a los 7, 14 y 21 días después de la aplicación (DDA), y a los 21 DDA se determinó la materia seca de la parte aérea (g planta⁻¹). Los datos fueron ajustados a un modelo de regresión sigmoideal de tres parámetros: $(Y = a/(1 + \exp(-(X - X_{0.50})/b)))$. A partir de la ecuación se estimó la dosis de herbicida necesaria para lograr un 50 % de control (C₅₀) en cada biotipo. El factor de resistencia (FR) se calculó como la razón entre los valores de C₅₀ de los biotipos R y el biotipo S (C₅₀R/C₅₀S). El FR obtenido para los biotipos E-42, E-43 y E-46 fue de 29,19; 7,44 y 18,92, respectivamente. Los resultados de este estudio demuestran la ocurrencia de resistencia de *E. crus-galli* al herbicida glifosato, constituyendo el primer reporte de biotipos resistentes en Uruguay para esta especie.

Financiamiento: Proyecto INIA: Manejo de malezas en sistemas Agrícola-Ganaderos (N-32375)



P73 Efecto residual de herbicidas imidazolinonas en la emergencia y desarrollo inicial de especies forrajeras sembradas en sistemas arroz - ganadería

Rodriguez-De-Barbieri, V.¹; González-Barrios, P.²; Rovira, P.³; Marchesi, C.³; Cuadro, R.³; Zarza, R.³; Kaspary, T.E.³

¹Facultad de Agronomía, Universidad de la República, Uruguay; ² Departamento de Biometría y Estadística, Facultad de Agronomía, Universidad de la República, Uruguay; ³Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria – INIA, Uruguay. e-mail: valerdbuy@gmail.com

En Uruguay, el uso de herbicidas inhibidores de la enzima ALS, como las imidazolinonas (IMIs) constituye la principal estrategia para el manejo del arroz maleza (*Oryza spp.*) en el cultivo de arroz (*Oryza sativa*). La vida media de imazapyr e imazapic, dos herbicidas pertenecientes a este grupo, puede superar 100 días en el suelo, lo que podría afectar a las pasturas sembradas posteriormente en la fase ganadera. El objetivo de este trabajo fue evaluar, mediante bioensayos, la emergencia y desarrollo inicial de seis especies forrajeras sembradas en rotaciones arroz-pasturas sobre suelos con distinto historial de uso de IMIs. Los ensayos se realizaron durante tres años (2021, 2022, 2023) con suelos recolectados en tres regiones contrastantes en tipo de suelo, a dos profundidades (0-15 cm y 16-30 cm) y en tres historiales de uso de herbicidas: Control, sin aplicación; IMI-1, más de 500 días desde la última aplicación de IMIs; IMI-2, más de 100 días desde la última aplicación de IMIs. En planta se evaluaron emergencia y acumulación de biomasa aérea; en suelo se determinaron textura, pH y contenido de materia orgánica. Los análisis estadísticos se llevaron a cabo utilizando modelos lineales mixtos y análisis de componentes principales. Los resultados mostraron una reducción en la acumulación de materia seca aérea entorno al 60% para las especies *F. arundinacea*, *L. multiflorum*, *L. perenne* y *T. pratense* cuando fueron sembradas en suelos con historial de uso de IMIs, mientras que *T. repens* y *L. corniculatus* exhibieron una mayor tolerancia. El análisis multivariado indicó que suelos con más proporción de arena presentaron mayores efectos residuales. Estos resultados destacan que el efecto residual de las imidazolinonas depende de la especie que estemos evaluando y las propiedades del suelo, lo cual debe considerarse al momento de planificar rotaciones arroz-pasturas.

Financiamiento: Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria (INIA) Beca Maestría; Proyecto



P74 Resistencia cruzada de *Brassicas* spp. a herbicidas inhibidores de la acetolactato sintasa

Santos, D.O.¹; García, M.A.²; Presotto, A.³; Merotto, J.A.¹; Kaspary, E.T.²

¹Universidade Federal do Rio Grande do Sul – UFRGS, Brasil; ² Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria – INIA, Uruguay; ³ Universidad Nacional del Sur - UNS, Argentina. e-mail: othondiasdossantos@outlook.com

Las malezas del género *Brassica*, comúnmente conocidas como nabolza, son reportadas frecuentemente infestando cultivos y pasturas en Uruguay. La nabolza corresponde a un híbrido originado del cruzamiento entre la especie silvestre *B. rapa*, autóctona de la región, y la especie cultivada *Brassica napus* (colza). La presencia de escapes de nabolza en los sistemas productivos del país se ha incrementado, asociada al aumento de casos con sospecha de resistencia a herbicidas inhibidores de la enzima acetolactato sintasa (ALS). El objetivo de este trabajo fue determinar, mediante ensayos de curvas de dosis–respuesta, la ocurrencia de resistencia cruzada (Resistencia a distintos herbicidas inhibidores de la ALS de diferentes familias químicas) en biotipos de *Brassica* spp. frente a los herbicidas flumetsulam (triazolpirimidinas), metsulfuron (sulfonilurea) e imazapir (Imidazolinonas). Para cada herbicida se evaluaron de forma independiente dos biotipos de nabolza con sospecha de resistencia (R15 y R16) y un biotipo de *B. rapa* susceptible (R21). Fueron utilizadas ocho dosis para cada herbicida, a partir de la dosis recomendada (X), correspondiente a 36, 6 y 87 g i.a. ha⁻¹ para flumetsulam, metsulfuron e imazapir, respectivamente. Para el R21 se utilizaron: 0; 0,075; 0,125; 0,25; 0,5; 1; 2 y 4X, en cuanto que para los biotipos R15 y R16: 0; 0,25; 0,5; 1; 2; 4; 8 y 16X. Fueron utilizadas cuatro repeticiones para cada tratamiento y los ensayos fueron realizados dos veces para cada herbicida. Plantas con estadio de tres hojas verdaderas, fueron asperjadas con los tratamientos correspondientes utilizando cámara de aplicación equipada con boquillas XR8010, y suministrando 150 L ha⁻¹ a 250 kPa. Las evaluaciones de control (%) se realizaron a los 7, 14 y 21 días después de la aplicación. Los datos fueron ajustados a el modelo de regresión sigmoideal de tres parámetros: $Y = a / (1 + \exp(-(X - X_{0.5})/b))$. A partir de la ecuación se calculó el factor de resistencia (FR) C_{50R}/C_{50S} para cada biotipo. Los resultados obtenidos confirman la ocurrencia de resistencia cruzada de nabolza frente a los tres herbicidas evaluados. El biotipo R15 mostró resistencia a flumetsulam, metsulfuron e imazapir, con FR de 104, 44 y 142, respectivamente. En cuanto que R16 presentó elevado nivel de resistencia a flumetsulam (FR= 198) y a imazapir (FR= 725), mientras que para metsulfuron presentó un nivel de resistencia bajo (FR= 4). La ocurrencia de resistencia cruzada de nabolza a herbicidas inhibidores de la ALS constituye el primer reporte para esta maleza en Uruguay.

Financiamiento: Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria - INIA



P75 Resistencia de *Brassica* spp. al glifosato y opciones de manejo

Santos, D.O.¹; Kaspary, E.T.²; García, M.A.²; Presotto, A.³; Merotto, J.A.¹

¹Universidade Federal do Rio Grande do Sul – UFRGS, Brasil; ²Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria – INIA, Uruguay; ³Universidad Nacional del Sur - UNS, Argentina. e-mail: othondiasdossantos@outlook.com

La maleza comúnmente conocida como nabolza (*Brassica* spp.) es un híbrido entre la maleza *B. rapa* y colza (*B. napus*), fue introducida en Uruguay como contaminante de semillas forrajeras, y actualmente infesta cultivos y pasturas. Las frecuentes fallas de control han generado sospechas de resistencia al herbicida glifosato. El objetivo de este trabajo fue comprobar la ocurrencia de resistencia de nabolza al glifosato y evaluar opciones de manejo alternativas. El primer estudio fue la evaluación de nivel de resistencia al glifosato a partir de curva de dosis-respuesta, donde fueron utilizados cuatro biotipos: dos con sospecha de resistencia – R (nabolza R15 y R16) y dos susceptibles - S (*B. rapa* - R21 y la cultivar de *B. napus* - R22), y ocho dosis de glifosato, a partir de la dosis recomendada - 960 g e.a. ha⁻¹ (X). Para los biotipos S se utilizaron: 0; 0,075; 0,125; 0,25; 0,5; 1; 2 y 4X, en cuanto que para los biotipos R: 0; 0,25; 0,5; 1; 2; 4; 8 y 16X. El segundo ensayo fue la evaluación de opciones de manejo, considerando seis herbicidas alternativos: glufosinato de amonio (560 g i.a. ha⁻¹), metribuzin (384 g i.a. ha⁻¹), saflufenacil (24,5 g i.a. ha⁻¹), carfentrazone (24 g i.a. ha⁻¹), bromoxinil (285,6 g i.a. ha⁻¹) y bromoxinil+2,4-DB (285,6+570 g i.a. o e.a. ha⁻¹), además de testigo sin aplicación. No fueron utilizados inhibidores de la acetolactato sintasa, dado que R15 y R16 son resistentes a este grupo de herbicidas. En ambos ensayos fueron utilizadas cuatro repeticiones para cada tratamiento y los ensayos fueron realizados dos veces. La aplicación fue en plantas con tres hojas verdaderas utilizando una cámara de aplicación equipada con boquillas XR8010, y suministrando 150 L ha⁻¹ a 250 kPa. Las evaluaciones de control (%) se realizaron a los 7, 14 y 21 días después de la aplicación. Los datos del ensayo de curva de dosis-respuesta, fueron ajustados a el modelo de regresión sigmoideal de tres parámetros: $Y = a/(1+\exp(-(X-X_{050})/b))$. A partir de la ecuación se calculó el factor de resistencia (FR) $C_{50}R/C_{50}S$ para cada biotipo. Asimismo, los datos de los herbicidas alternativos fueron sometidos a análisis de varianza y comparados mediante el test de Tukey al 5%. Los resultados confirman la resistencia de nabolza al glifosato, con FR de 95 y 188 para los biotipos R15 y R16, respectivamente. Todos los herbicidas alternativos resultaron eficaces en el control de los biotipos resistentes.

Financiamiento: Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria - INIA



P76 Control de malezas mediante aplicaciones con drones

Villalba, J.¹; Saracho, W.¹; Mattiauda, M.², Fischer, I.²

¹Malherbología, Departamento de Protección Vegetal, Facultad de Agronomía, Universidad de la República ²Estudiantes de grado. Facultad de Agronomía e-mail: villalba@fagro.edu.uy

El uso de drones para la aplicación de herbicidas ha aumentado sustantivamente en los últimos años. La tecnología de aplicación asociada implica algunos desafíos, considerando que la mayoría de los equipos comercializados actualmente, presentan un sistema de pulverización atomizada. Se usan tasas de aplicación más bajas que la aplicación convencional terrestre, los tamaños de gotas que erogan dichos equipos son finas a medias. Estos son desafíos para la deposición y efectividad de los tratamientos, adicional a las probabilidades mayores de pérdidas al ambiente. Es en este contexto que se planteó como objetivo del trabajo, evaluar las configuraciones de drones de tasas de aplicación (10 y 20 L/ha) y tamaños de gota (350 y 500 μm), en la efectividad de control de malezas. Se condujeron 2 experimentos, con diseño de bloques completos al azar, uno en barbecho y otro en un cultivo de trigo. En el primer caso la aplicación fue de los herbicidas Cledim (cletodim 24%) a una dosis de 0,7 L/ha de Producto comercial + 2 L/ha de 2.4 D60 Tampa (2.4 D 48%) + Gliserb sun (glifosato 48%) a dosis de 2,25 L/ha. En el caso del trigo se usó Paradigm (florasulam + halauxyfen metil) a dosis de 25 g/ha. La evaluación de control fue realizada para las especies más frecuentes, donde se marcaron 10 plantas por parcela, sobre las cuales se realizaron las estimaciones de control. Para ello se tomaron observaciones visuales de daño, usando una escala porcentual, donde 0 era sin control y 100% era planta desecada. En la situación de barbecho, los controles fueron excelentes y sin efecto de la tasa de aplicación o el tamaño de gota. Mientras que, en el trigo, en *Raphanus raphanistrum* a pesar de la inexistencia de diferencias estadísticas, usando la escala de ALAM para la categorización de niveles de control, los tratamientos de la tasa de aplicación de 20 L/ha y el de 10 L/ha con gota de 350 μm , fueron los tratamientos que alcanzaron un excelente control. Mientras que en *Coronopus didymus* solamente alcanzaron un control excelente los tratamientos de la mayor tasa de aplicación independientemente del tamaño de gota. Estos resultados indican que la efectividad de control en respuesta a las variables de estudio está determinada por la especie a controlar y pueden estar enmascarados por las dosis utilizadas. Además condicionadas por las condiciones meteorológicas al momento de la aplicación, que en estos casos no fueron limitantes.

Financiamiento: FPTA 391- INIA. Eficiencia en la aplicación de productos fitosanitarios con drones bajo buenas prácticas agrícolas en Uruguay



P77 Caracterización de la interacción de herbicidas auxínicos con su sitio activo en una población de *Bassia scoparia* resistente a dicamba

Marques-Hill, S.¹; Preston, C.²; Dayan, F.¹; Gaines, T.¹.

¹Department of Agricultural Biology, Colorado State University, CO, USA. e-mail: sofiamh@colostate.edu

Bassia scoparia es una maleza altamente competitiva y de amplia distribución en sistemas agrícolas, cuya resistencia a herbicidas representa un desafío creciente en Norteamérica. Los herbicidas auxínicos simulan la acción de la hormona vegetal auxina, interfiriendo con la señalización celular al unirse a los receptores TIR1/AFBs y coreceptores Aux/IAAs, lo que desencadena respuestas fisiológicas letales. Mutaciones en proteínas Aux/IAAs que confieren resistencia a algunos herbicidas auxínicos han sido reportadas, pero los niveles de resistencia varían entre compuestos y los mecanismos moleculares detrás de esta variación aún no están completamente comprendidos. Este estudio evaluó la resistencia cruzada a herbicidas auxínicos en una población de *B. scoparia* con una mutación puntual en el degrón de IAA16. Se realizaron ensayos de dosis-respuesta con cuatro herbicidas auxínicos, utilizando 8 repeticiones por tratamiento. Los datos fueron ajustados a modelos log-logísticos para estimar el factor de resistencia (FR). Además, se caracterizó la interacción molecular entre los alelos resistentes (IAA16R) y susceptibles (IAA16S) con receptores TIR1, AFB2 y AFB6 mediante ensayos de doble híbrido en levadura (Y2H), empleando β -galactosidasa como gen reportero. Las secuencias codificantes optimizadas para levadura fueron clonadas en vectores pGILDA y pB42AD y se evaluaron tres días después de colocadas en placas con X-gal y concentraciones de 500 y 1000 μ M de herbicida. Los resultados mostraron alta resistencia a dicamba (FR > 15), resistencia moderada a otros herbicidas (FR = 4.4–4.9, $p < 0.001$) y ausencia de resistencia a 2,4-D ($p = 0.1$). Los ensayos Y2H revelaron diferencias en la afinidad de interacción entre receptores y coreceptores bajo los distintos tratamientos, siendo más pronunciadas en combinaciones con AFB6. Notablemente, IAA16R interactuó únicamente con TIR1 bajo tratamientos con ácido indolacético y dichlorprop-P (p valor < 0.001), lo que sugiere que pequeñas modificaciones estructurales en los herbicidas pueden influir significativamente en su interacción con el sitio de acción. Si bien se requieren estudios adicionales para comprender el impacto funcional de estas interacciones en la eficacia herbicida, estos hallazgos aportan evidencia sobre la especificidad de las interacciones receptor-coreceptor en la resistencia a herbicidas auxínicos y podrían contribuir al diseño de herbicidas más selectivos y estrategias de manejo basadas en la biología molecular de las malezas.

Financiamiento: El proyecto es financiado por Nufarm Australia Limited y Nufarm Americas Inc.



P78 Efecto residual de distintos cultivos de servicio sobre el enmalezamiento invernal

Rey, L.¹; Azcoitía, A.¹; Giudice, M.²; Alvarez, S.³

¹ Docente Universidad de la República – Facultad de Agronomía – Dpto Protección vegetal ²Ing. Agr. Egresada de la Universidad de la República – Facultad de Agronomía; ³ Docente Universidad de la República – Facultad de Agronomía – Dpto Producción vegetal. e-mail: lrey@fagro.edu.uy

La inclusión de cultivos de servicio (CS) en las rotaciones constituye una estrategia eficaz para el manejo de malezas. Con base en la dinámica poblacional, es esperable que la supresión de malezas en un año, tenga efecto residual en el enmalezamiento de la temporada invernal siguiente, resultando un beneficio a nivel del sistema. El objetivo de este estudio fue evaluar el efecto residual de cinco CS (avena negra, avena amarilla, *Vicia villosa*, trébol persa y la mezcla de avena negra y vicia) sobre el enmalezamiento de los cultivos invernales sucesores, cebada y trigo, durante dos años. El ensayo se condujo en un diseño en bloques completos al azar con un testigo sin cobertura. Se realizaron cuatro evaluaciones: antes de la desecación de los CS (para cuantificar malezas en estado reproductivo y su potencial de reinfestación del banco de semillas), en barbecho (previo a la siembra de los cultivos), a los 40 días pos-siembra y al final de ciclo de cebada y trigo. En las evaluaciones se registró cobertura y estado de desarrollo de las malezas, así como cobertura del rastrojo. Los datos se analizaron mediante un modelo lineal mixto y las medias se compararon mediante prueba de Tukey (p -valor < 0,05). En la primera evaluación, los resultados mostraron que la inclusión de cualquier CS redujo significativamente el número de malezas que alcanzaron estado reproductivo respecto al testigo, destacándose la mezcla avena negra + vicia, seguida por vicia pura y ambas avenas. En barbecho, los tratamientos con avena negra presentaron consistentemente el menor enmalezamiento, asociado a una alta cobertura de rastrojo. A los 40 días pos-siembra no se detectaron diferencias de enmalezamiento entre tratamientos antecesores, pese a que las coberturas de rastrojo se mantuvieron constantes. Finalmente, al cierre del ciclo de cebada y trigo se observaron diferencias según antecesor: avena negra y vicia lograron el menor enmalezamiento, la mezcla y trébol presentaron valores intermedios, mientras que el testigo mantuvo los mayores niveles de malezas. En conclusión, la avena negra mostró un efecto residual más consistente en el tiempo, reduciendo el enmalezamiento en el barbecho y en la cosecha, permitiendo un manejo más simple previo a la siembra de los cultivos sucesores. *V. villosa*, en cambio, si bien permitió llegar con bajos niveles de malezas al final del ciclo, enfrentó a los cultivos invernales a barbechos más complejos, lo que podría implicar la necesidad de estrategias adicionales de control en esta etapa.



P79 Resistencia en planta adulta como estrategia frente a la diversidad de *P. coronata* en Uruguay.

Ricca, C.^{1,3}; García, R.²; Mallada, B.³; Silva, P.²; Condón, F.³

¹Estudiante de Maestría en Ciencias Agrarias, Colegio de Posgrados, Facultad de Agronomía; ²Fitopatología, INIA La Estanzuela; ³Banco de Germoplasma/Mejoramiento de Avena Forrajera, INIA La Estanzuela. e-mail: carlaricca2@gmail.com

La avena (*Avena sativa* L.) es un verdeo de relevancia para sistemas de producción animal en Uruguay, especialmente en la salida del verano y el otoño, cuando la oferta forrajera es limitada. La roya de la hoja, causada por el hongo biotrófico obligado *Puccinia coronata* f. sp. *avenae*, es la enfermedad más destructiva de este cultivo. El mejoramiento genético basado en genes mayores ha demostrado ser poco durable debido a la aparición de nuevas razas del patógeno que hacen susceptibles a los cultivares. Como alternativa, la resistencia cuantitativa o de planta adulta se plantea como una estrategia más sostenible y duradera, al no ser específica de raza y conducir a un desarrollo más lento de la enfermedad. Dos relevamientos realizados en Uruguay en 1994 y en 1998 evidenciaron una elevada diversidad de razas de *Puccinia coronata*, identificándose 12 razas en 13 aislados y 20 razas en 20 aislados, respectivamente (Leonard y Martinelli, 2005). En la actualidad, se desconoce la composición de los genes de virulencia presentes en la población del patógeno en el país. Este estudio busca cubrir ese vacío con dos objetivos principales: a) evaluar la diversidad de la población uruguaya de *P. coronata* f. sp. *avenae* mediante el fenotipado de la virulencia de aislados.; y b) caracterizar germoplasma de avena del programa de mejoramiento y del banco de germoplasma de INIA, con el fin de identificar materiales con resistencia en planta adulta. El trabajo contempla la colecta de roya de hoja en diferentes regiones del país, la caracterización de su virulencia frente a genes de resistencia disponibles mediante el uso de un set diferencial previamente elegido, la evaluación a campo del germoplasma durante dos años a través de lecturas de la enfermedad y ensayos de resistencia en plántula frente a los aislados colectados. Se espera como resultado obtener un relevamiento actualizado de las razas de *P. coronata* f. sp. *avenae* presentes en Uruguay, así como la identificación de líneas con resistencia en planta adulta para su incorporación al programa de mejoramiento. Estos avances contribuirán al desarrollo de cultivares con resistencia duradera, lo que impactará positivamente en la productividad y permitirá un manejo más sostenible de la avena como verdeo, al reducir la necesidad de aplicaciones de fungicidas. Además, los datos generados constituirán un insumo para profundizar en el conocimiento genético de la resistencia cuantitativa, mediante el uso de marcadores moleculares.

Financiamiento: ANII Beca de Maestrías POS_NAC_2024_2_183520. Proyecto de Mejoramiento de Forrajeras INIA, "AMG_18_0_00 Genética Forrajera: Mejoramiento genético de especies forrajeras".