

RESUMEN DEL SEGUNDO SEMINARIO INTERNACIONAL DE SANIDAD AGROPECUARIA (SISA)

Diagnóstico y diversidad genética de aislados de *Ralstonia solanacearum*

Diagnosis and genetic diversity of *Ralstonia solanacearum* isolates

Eber Naranjo Feliciano^I, Aleika Yglesia Lozano^{I*}, Armando García^{II}, Yamila Martínez Zubiaur^I

^ICentro Nacional de Sanidad Agropecuaria (CENSA). Mayabeque, Cuba. *E-mail: ayglesia@censa.edu.cu.

^{II}Laboratorio Central de Cuarentena Vegetal (LCCV), La Habana, Cuba.

La marchitez bacteriana, causada por *Ralstonia solanacearum* (Smith) Yabuuchi, es una devastadora enfermedad que afecta a varios cultivos de importancia económica a nivel mundial. La capacidad de supervivencia del patógeno y la ocurrencia de infecciones latentes hace que el diagnóstico tenga importante función en la prevención de la enfermedad. El objetivo de este trabajo fue desarrollar técnicas serológicas y de detección de ácidos nucleicos para el diagnóstico sensible del patógeno, realizar un análisis comparativo de los parámetros de desempeño y estudiar la diversidad genética de 30 aislados de *R. solanacearum*, obtenidos de papa y tomate (pertenecientes a los biovares 1 y 2) mediante la amplificación de las secuencias con sensorrepetitivas intergénicas de enterobacterias (ERIC-PCR). El análisis de la probabilidad posttest, en función de la prevalencia, permitió decidir con mayor precisión las técnicas apropiadas para el diagnóstico y demostró la factibilidad del uso combinado del ELISA y la PCR para la detección de *R. solanacearum*, teniendo en cuenta el orden de aplicación en función de la prevalencia de la enfermedad. Por otra parte, los estudios de variabilidad permitieron distinguir 11 genotipos entre los aislados cubanos. Las agrupaciones primarias obtenidas mediante el análisis de conglomerados se correspondieron con el biovar de los aislamientos, mientras que las subdivisiones encontradas dentro de cada grupo se correspondieron con el hospedero del cual se obtuvieron. Los aislados obtenidos de papa mostraron un coeficiente de similitud del 37,2% y la presencia de variantes específicas para cada región geográfica dentro de cada biovar. Los aislados obtenidos del cultivo del tomate registraron una similitud del 71,3% con la presencia cruzada del mismo genotipo en diferentes regiones geográficas y la incidencia de diferentes variantes genéticas en una misma región. Desde el punto de vista geográfico, el Análisis de Componentes Principales mostró relaciones entre los aislamientos para el 25% de la variabilidad observada. La distribución diferencial de la diversidad genética entre los aislados cubanos de *R. solanacearum*, obtenidos de los cultivos de papa y tomate, puede ser una herramienta útil para el establecimiento de medidas específicas para el control de la Marchitez Bacteriana en Cuba.