**Variabilidad genética de aislados de *Macrophomina phaseolina* (Tassi) Goid. de Paraguay**

Yerutí Mongelós Franco1, Antonio Samudio Oggero1, Miguel Tze-Simá2, Bartolomé Chi-Manzanero3, Blondy Canto-Canché3, Cristina Romero Rodríguez1

*1Laboratorio de Biotecnología, Centro Multidisciplinario de Investigaciones Tecnológicas, Dirección General de Investigación Científica y Tecnológica, Universidad Nacional de Asunción CEMIT-DGICT-UNA. Ruta Mariscal Estigarribia km 10 ½ Campus Universitario, San Lorenzo, Paraguay.*

*2Unidad de Bioquímica y Biología Molecular de Plantas, Centro de Investigación Científica de Yucatán CICY. Calle 43 N° 130 x 30 y 32, Chuburná de Hidalgo, Mérida, Yucatán, México, C.P. 97205.*

*3Unidad de Biotecnología, Centro de Investigación Científica de Yucatán CICY. Calle 43 N° 13 X 30 y 320, Chuburná de Hidalgo, Mérida, Yucatán, México, C.P. 97205.*

*Autor para correspondencia: yeruti91@gmail.com*

**Resumen**

*Macrophomina phaseolina* (Tassi) Goid. es un hongo fitopatógeno del suelo que ocasiona la pudrición carbonosa de la raíz y el tallo en numerosas especies vegetales de importancia económica a nivel mundial. El objetivo del presente estudio fue determinar la variabilidad genética entre 5 aislados de *M. phaseolina*, obtenidos de plantas infectadas de soja y sésamo de los departamentos de Alto Paraná, Itapúa y San Pedro, Paraguay. Para ello, se realizó la amplificación mediante PCR de las regiones espaciadoras internas de los transcritos del gen de ARN ribosomal nuclear (ITS, por sus siglas en inglés). Para ello se emplearon los cebadores universales ITS1 e ITS4 y las secuencias obtenidas fueron comparadas con las secuencias depositadas en la base de datos del GenBank del NCBI mediante un análisis BlastN. Para observar las variaciones genotípicas entre los diferentes aislados se realizó el alineamiento de las secuencias empleando el programa Geneious. Todas las secuencias analizadas recuperaron secuencias ITS de *M. phaseolina*, confirmando la identidad del patógeno*.* Sin embargo, no se encontró relación evidente entre los genotipos, su origen geográfico y los hospederos de los cuales se aislaron, por lo que se planea analizar posteriormente la diversidad genética de otros genes altamente polimórficos esperando que permitan agrupar las poblaciones según el origen geográfico o el hospedero.

**Palabras clave:** *Macrophomina phaseolina*, ARNr, diversidad genética.

**Genetic variability of *Macrophomina phaseolina* (Tassi) Goid. from Paraguay**

Yerutí Mongelós Franco1, Antonio Samudio Oggero1, Miguel Tze-Simá2, Bartolomé Chi-Manzanero3, Blondy Canto-Canché3 ,Cristina Romero Rodríguez1

*1Laboratorio de Biotecnología, Centro Multidisciplinario de Investigaciones Tecnológicas, Dirección General de Investigación Científica y Tecnológica, Universidad Nacional de Asunción CEMIT-DGICT-UNA. Ruta Mariscal Estigarribia km 10 ½ Campus Universitario, San Lorenzo, Paraguay.*

*2Unidad de Bioquímica y Biología Molecular de Plantas, Centro de Investigación Científica de Yucatán CICY. Calle 43 N° 130 x 30 y 32, Chuburná de Hidalgo, Mérida, Yucatán, México, C.P. 97205.*

*3Unidad de Biotecnología, Centro de Investigación Científica de Yucatán CICY. Calle 43 N° 13 X 30 y 320, Chuburná de Hidalgo, Mérida, Yucatán, México, C.P. 97205.*

*Autor para correspondencia: yeruti91@gmail.com*

**Abstract**

*Macrophomina phaseolina* (Tassi) Goid. is a soil phytopathogen, and the causal agent of the charcoal rot in the roots and stems of a number of plant species worldwide. The goal of the present study was to determine the genetic variability in 5 *M. phaseolina* strains obtained from soy and sesame infected plants, collected in Alto Paraná, Itapúa and San Pedro, Paraguay.

The Internal Transcript Spacers of rRNA gene (ITS, acronym in English) was PCR amplified with the universals ITS1 e ITS4 primers. The ITS sequences were used as queries to performe BlastN analysis in the GenBank database at NCBI. To identify the genotypic variations among the isolates, their ITS sequences were aligned with the Geneious software. All the ITS sequences of the fungal strains under study retrieved ITS from *M. phaseolina*, supporting the identification of the pathogen*.* However, no evident relationship between the genotye, the geographic origin and the hosts was found, reason why further analysis of variability on high-polymorphic genes is planned, expecting they enable us to group the fungal populations according their geographic origin and hosts.

**Keywords:** *Macrophomina phaseolina*, rRNA, genetic diversity.