Revista Agropecuária Catarinense
e-ISSN 2525-6076
https://doi.org/10.52945/rac.v39i.2373
Submetido: 10/03/2026 - Aceito: 02/09/2026
Editor responsável: Luiz Augusto Martins Peruch - Orcid: 0000-0003-3249-0158
Editora de seção: Renata de Souza - Orcid: https://orcid.org/0000-0002-7169-7920

Artigo Científico

Primer reporte de *Fusarium solani* en soja (Glycine max) en Misiones, Argentina

First report of Fusarium solani *in soybeans (Glycine max) in Misiones, Argentina*

Primeiro relato de Fusarium solani *em soja (Glycine max) em Misiones, Argentina*

Miguel Ángel Lavilla
Universidad Nacional del Noroeste de la Provincia de Buenos Aires, Escuela de Ciencias Agrarias, Naturales y Ambientales, Laboratorio de Fitopatología, Pergamino, Buenos Aires, Argentina.
0000-0002-7282-4696

Ana Edith Fernández
Universidad Nacional del Noroeste de la Provincia de Buenos Aires, Escuela de Ciencias Agrarias, Naturales y Ambientales, Laboratorio de Fitopatología, Pergamino, Buenos Aires, Argentina.
0009-0001-8625-6239

Resumen: El síndrome de la muerte súbita (SMS) en la soja es causado por diversas especies del complejo *Fusarium solani* en la Argentina. Esta enfermedad puede causar pérdidas de rendimiento de hasta un 50 %. El objetivo de este trabajo es demostrar, de manera morfológica y molecular, que el causante del síndrome de la muerte repentina en soja es *Fusarium solani* en la provincia de Misiones, Argentina. Se realizó un aislamiento de raíces de soja en el Laboratorio de Fitopatología de la Universidad Nacional del Noroeste de la Provincia de Buenos Aires, a partir de los esporodoquios (signo) provenientes de la Estación Experimental Agropecuaria de Cerro Azul, Misiones, Argentina, durante el período 2022. Para obtener el aislamiento se utilizó el medio de cultivo agar papa dextrosa (pH = 5,5), bajo cámara de flujo laminar, incubándolo en cámara de crecimiento (24°C ± 2 y 12 horas de luz y 12 horas de oscuridad). Para el estudio molecular se extrajo ADN a partir del micelio. Se amplificó un producto de PCR correspondiente al gen del factor de elongación de la traducción (TEF). Para la prueba de patogenicidad se procedió a efectuar los postulados de Koch. Se utilizaron plántulas de soja en V1, las cuales se desinfectaron de acuerdo con lo descrito por Hernández. Las plántulas se inocularon con *Fusarium*. La especie de *Fusarium* fue inoculada por triplicado y se utilizó un control sin inocular. Estos estudios se realizaron en el Laboratorio de Fitopatología de UNNOBA durante el período 2022. Los resultados moleculares demostraron que la especie que produjo la pudrición de raíz en soja fue *F. solani*. Este es el primer reporte molecular de esta especie de *Fusarium* causando podredumbre de raíz en soja en la provincia de Misiones, Argentina.

Palabras clave: síndrome de la muerte repentina; soja; *Fusarium solani;* esporodoquios; micelio; factor de elongación de la traducción.

Abstract: Sudden death syndrome (SDS) in soybeans is caused by various *Fusarium* species in Argentina, grouped under the *F. solani* complex. This disease can cause yield losses of up to 50%. To demonstrate morphologically and genetically that *Fusarium solani* causes sudden death syndrome in soybeans in the province of Misiones, Argentina. Soybean root isolation was performed at the Phytopathology Laboratory of the National University of the Northwest of Buenos Aires Province, using sporodochia (sign) from the Cerro Azul Agricultural Experiment Station, Misiones, Argentina, during 2022. The isolation was obtained using potato dextrose agar (pH 5.5) culture medium under a laminar flow hood, incubated in a growth chamber (24°C ± 2, 12 hours of light followed by 12 hours of darkness). DNA was extracted from the mycelium for molecular analysis. A PCR product corresponding to the translation elongation factor (TEF) gene was amplified. For pathogenicity testing, Koch's postulates were performed. Soybean seedlings at the V1 stage were disinfected according to the method described by Hernández. The seedlings were inoculated with *Fusarium*. The *Fusarium* species was inoculated in triplicate, and a control unit was also included. These studies were conducted at the Phytopathology Laboratory of UNNOBA during 2022. Molecular results demonstrated that the species causing root rot in soybeans was *F. solani*. This is the first molecular report of this *Fusarium* species causing root rot in soybeans in the province of Misiones, Argentina.
Keywords: sudden death syndrome; sporodochia; mycelium; translation elongation factor.

Resumo: A síndrome da morte súbita (SMS) em soja é causada por diversas espécies de *Fusarium* na Argentina, agrupadas no complexo *F. solani*. Essa doença pode causar perdas de produtividade de até 50%. Este estudo visa demonstrar, morfologicamente e molecularmente, que *Fusarium solani* é o agente causador da síndrome da morte súbita em soja na província de Misiones, Argentina. O isolamento de raízes de soja foi realizado no Laboratório de Fitopatologia da Universidade Nacional do Noroeste da Província de Buenos Aires, utilizando esporodóquios (símbolos) da Estação Experimental Agropecuária Cerro Azul, Misiones, Argentina, durante o ano de 2022. O isolamento foi obtido utilizando meio de cultura ágar dextrose de batata (pH 5,5) sob fluxo laminar, incubado em câmara de crescimento (24°C ± 2, 12h luz/12h escuro). Para o estudo molecular, o DNA foi extraído do micélio. Um produto de PCR correspondente ao gene do fator de elongação da tradução (TEF) foi amplificado. Os postulados de Koch foram seguidos para o teste de patogenicidade. Plântulas de soja no estádio V1 foram desinfetadas de acordo com o método descrito por Hernández. As plântulas foram inoculadas com *Fusarium*. A espécie de *Fusarium* foi inoculada em triplicata, e um controle não inoculado também foi utilizado. Estes estudos foram realizados no Laboratório de Fitopatologia da UNNOBA, Pergamino, Argentina, durante o ano de 2022. Os resultados moleculares demonstraram que a espécie causadora da podridão radicular em soja foi *F. solani*. Este é o primeiro relato molecular desta espécie de *Fusarium* causando podridão radicular em soja na província de Misiones, Argentina.
Palavras-chave: síndrome da morte súbita; esporodóquios; micélio; fator de elongação da tradução.

En Argentina, la producción de soja es de 43.300.000 toneladas, lo que convierte a este país en el tercer productor mundial (Secretaria de agricutura ganaderia y pesca, 2026). Las enfermedades de raíz y tallo pueden afectar de manera significativa el cultivo de soja, causando pérdidas en el rendimiento cercanas al 55 %. En suelos con abundantes comunidades de *Fusarium* spp., la diversidad de especies depende de diferentes factores, como el tipo de cultivo, las características físicas y químicas del suelo, las condiciones climáticas y las prácticas agronómicas (Lavilla, 2021). El primer reporte de *Fusarium* en Argentina ocurrió en 1954, al registrarse la fusariosis en el cultivo de piña. Esta patología vegetal, causada entonces por *Fusarium subglutinans* (hoy clasificado como *Fusarium guttiforme*), fue una de las primeras detecciones oficiales de esta enfermedad fúngica en el país y en Sudamérica (Carrera, 1954).

Entre las condiciones ambientales que predisponen, regulan las interacciones o facilitan el desarrollo de enfermedades se encuentra la temperatura del suelo, que influye significativamente en la producción y supervivencia de clamidosporas. La temperatura óptima para el desarrollo de *Fusarium oxysporum* y *Fusarium solani* es de 25-28°C, aunque algunas cepas del complejo *Fusarium solani* son capaces de desarrollarse a temperaturas más altas. Esto es importante para reproducir las condiciones *in vitro* en el laboratorio para realizar la prueba de patogenicidad. A su vez, la cantidad de agua en el suelo influye en la germinación de las clamidosporas, ya que difunde los exudados

radiculares y permite la posterior germinación de las hifas (Agrios, 2024).

Los síntomas de *Fusarium solani* incluyen el amarillamiento y marchitamiento de las hojas (a menudo de un lado de la planta), el crecimiento inhibido, la necrosis (pudrición) de las raíces y el cuello del tallo, y una decoloración marrón interna del xilema que puede verse al cortar los tallos. En algunos casos, se pueden desarrollar manchas húmedas y oscuras en los frutos, y el hongo puede causar la muerte de la planta o dejar el suelo no apto para la siembra durante mucho tiempo. Otras especies de *Fusarium* causan manchado del grano y quemazón de la plántula (Clarance, 2019).

La identificación de las especies de *Fusarium* ha sido por mucho tiempo una tarea compleja, debido principalmente a la aplicación de diferentes sistemas taxonómicos y a la inherente variabilidad morfológica. Estas características requerían de la revisión por parte de un experto micólogo, con el fin de lograr un diagnóstico confiable, el cual es crucial en el manejo de enfermedades. Actualmente, la utilización de herramientas moleculares, como los marcadores moleculares TEF (factor de elongación de la traducción), permite la identificación y clasificación de especies de *Fusarium*. Este gen altamente polimórfico y fiable para distinguir entre especies estrechamente relacionadas. Es el código de barras secundario estándar en la identificación de hongos, complementando a la región ITS cuando se quiere una precisión alta a nivel de especie (Acevedo, 2014).

El objetivo es demostrar de manera morfológica y molecular que el causante del síndrome de la muerte repentina en soja es *Fusarium solani* en la provincia de Misiones, Argentina.

Los aislamientos de los esporodoquios de raíz se realizaron en el Laboratorio de Fitopatología de la Universidad Nacional del Noroeste de la Provincia de Buenos Aires, Pergamino, Argentina, provenientes de la localidad de Cerro Azul, Misiones, Argentina, durante el período 2022. Para el crecimiento y desarrollo del hongo, el tejido vegetal de raíz fue cortado en pequeños trozos de 3 milímetros (Sierra, 2022). Luego, fueron limpiados con agua estéril y se realizaron enjuagues: uno con agua de canilla, dos con NaClO al 2% y dos lavados con agua destilada aséptica, cada uno durante un minuto (Hernández, 2011).

Los cilindros de raíz, previamente desinfectados, fueron situados en placas de Petri con agar papa dextrosa (PDA) y se incubaron a 25 ± 2°C durante cinco días o hasta observar crecimiento del hongo. Del aislamiento fúngico se lograron cultivos monospóricos. Luego, se tomó con un asa de siembra cinco porciones de 0,5cm^2 del hongo en crecimiento en PDA, las cuales se introdujeron en 5ml de agua estéril y se agitaron durante un minuto para posteriormente realizar diluciones sucesivas de las esporas (10^{-1} a 10^{-6}) en placas con PDA. Luego, se incubaron a 25 ± 2°C hasta observar el crecimiento del hongo (Cañedo, 2004).

Al realizar el estudio molecular del aislado, se tomó una muestra de 50mg de micelio fresco en crecimiento activo. Se extrajo ADN, cuya calidad y concentración se estimaron en geles de agarosa al 0,8 %, teñidos con bromuro de etidio (5 µl/100 ml de TAE), y se compararon con muestras de concentración conocida.

Este ADN se utilizó posteriormente para amplificar una secuencia parcial de un gen conocido mediante la reacción en cadena de la polimerasa (PCR). La secuencia diana utilizada fue el factor de elongación de la traducción (TEF1-α), TEF_F1 (5'–CGGCAAGTCGACAACCACCG–3') y TEF_R1 (5'–TCACGGTGACCTGGGGCGTC–3') (Soares, 2015).

Para la amplificación mediante PCR, las muestras fueron colocadas en placas de 96 pocillos, en un volumen de reacción de 30µL. En cada reacción se utilizaron 6,93µL de ADN templado (10ng/µL), 7,8µL de mezcla de reacción, 0,36µL (1,8 U) de Taq ADN polimerasa Pegasus (PB-L, Argentina), 1,4µL (10uM) de cada cebador sentido y antisentido y 12,15µL de agua.

La mezcla de reacción en la mayoría de las secuencias blanco (ADN amplificado entre cebadores) fue realizada con 500µL de Buffer 10X, 150µL de $MgCl_2$ (50mM), 10µL de cada uno de los dNTPs (100mM) y se ajustó a un volumen final de 1300µL con agua. La temperatura de hibridación (Tm) se determinó en 60°C.

El programa de termociclado utilizado fue el siguiente: 5 min a 95°C; 45 ciclos de 45 segundos a 94°C, 45 segundos a la temperatura de hibridación (fusión) correspondiente a cada par de cebadores y 45 segundos a 72°C. Se realizó una etapa de extensión final de 10 min a 72°C (Lavilla, 2026).

Los productos de amplificación por PCR se almacenaron en un congelador a -20°C. Antes de enviar las muestras para secuenciación, se analizó la calidad y la cantidad del ADN amplificado en geles de agarosa, como se describió previamente, utilizando 3µl del producto de PCR, 10µl de xilenglicol como colorante y 5µl de un marcador de 100pb.

Los productos de PCR se enviaron a un proveedor de servicios de secuenciación externo utilizando la técnica Sanger (Macrogen, Corea).

Para efectuar los postulados de Koch, se utilizaron plántulas de soja en V1, las cuales se desinfectaron de acuerdo con lo descrito por Hernández (2011). Las plántulas se inocularon con *Fusarium*; para ello, se realizó un cultivo previo en medio PDA y, a los siete días de edad, se inocularon. Se hicieron daños superficiales con un bisturí estéril y se colocó un trozo de agar con el hongo (5mm) en la parte basal de la plántula.

La especie de *Fusarium* fue inoculada por triplicado y se utilizó un control sin inocular. A continuación, se colocaron en receptáculos de polietileno con toallas humedecidas con agua destilada aséptica, para crear una humedad relativa cercana al 80%, y se incubaron a 25 ± 2°C. Luego de la fase de desarrollo, se observó crecimiento, signos y síntomas característicos de los daños producidos por la especie de *Fusarium* a las 144h. Finalmente, se aisló el patógeno que apareció en los daños de los tratamientos de plántulas, con el fin de corroborar que las características morfológicas en medio PDA coincidieran con las del hongo.

El producto de PCR correspondiente al fragmento TEF encontrado fue el siguiente:

1tcgtcgtcat cggccacgtc gactctggca agtcgaccac cgtaagtcaa accctcatcg
61 cgatctgctt atctcgggtc gtggaacccc gcctggcatc tcgggcgggg tattcatcag
121 tcacttcatg ctgacaatca tctacagacc ggtcacttga tctaccagtg cggtggtatc
181 gacaagcgaa ccatcgagaa gttcgagaag gttggtgaca tctcccccga tcgcgccttg
241 ctatcccaca tcgaattccc cgtcgaattc cctccctcac gatccgcgct gcgcccgctt
301 ctcccgagtc ccaaaatttt tgcggtgcga ccgtgaattt tttggtgggg cattttacc
361 ccgccactcg ggcgacgttg gacaaagccc tgatccctgc acacaaaaaa caccaaaccc
421 tcttggcgcg catcatcacg tgattgacca caaacgctaa ccgactcgac aacaggaagc
481 cgctgagctc ggtaagggtt ccttcaagta cgcctgggtc cttgacaagc tcaaggccga
541 gcgtgagcgt ggtatcacca tcgacattgc cctctggaag ttcgagactc cccgctacta
601 tgtcaccgtc attggtatgt cgctgtcctc tcactcaatc atgtctcatc actaacaatc
661 aacagacgcc cccggccacc gtg

El análisis de secuenciación y la comparación con la base de datos de referencia revelaron un porcentaje de identidad del 100 % con la secuencia de referencia JX677563.1, lo que indica una coincidencia completa entre las secuencias comparadas y resulta compatible con la identificación del aislamiento dentro del género Fusarium. Este resultado molecular aporta evidencia sólida para la identificación taxonómica del microorganismo; no obstante, la confirmación a nivel de especie requiere considerar la especificidad del marcador molecular empleado y, cuando corresponda, complementar el análisis con otros marcadores genéticos.

En las pruebas de patogenicidad, la especie de *Fusarium solani* asociada al cultivo de soja indujo un crecimiento radial de forma circular y margen entero. El micelio era abundante, blanco y de textura algodonosa. El crecimiento fue uniforme y característico del género *Fusarium* (Figura 1), y se observó sintomatología de marchitez (Figura 2) en la parte inferior de la planta después de las primeras 48 h de incubación.

En comparación con el testigo, éste no presentó crecimiento de micelio. Con respecto al cultivo de *Fusarium solani*, a las 144 h se desarrolló pudrición húmeda en las plántulas.

Figura 1 - Micelio de *Fusarium solani*. Laboratorio de Fitopatología, UNNOBA. Período 2022



Fuente: imagem de Lavilla (2022).

Figura 2 - Marchitez por *Fusarium solani*. Laboratorio de Fitopatología, UNNOBA. Período 2022



Fuente: foto de Lavilla (2022).

En las pruebas de reproducción del hongo, se pudo extraer el ADN para luego amplificar la secuencia TEF y corroborar que, efectivamente, se trataba de *Fusarium solani*. En la prueba de patogenicidad, se pudo corroborar que las características fenotípicas del aislamiento fueron congruentes con las de la especie *Fusarium solani.* La identificación fenotípica se vio frecuentemente limitada por la falta de producción de estructuras fúngicas al cultivarse en medios convencionales y algunos medios mínimos.

El género *Fusarium* comprende hongos filamentosos ampliamente distribuidos en el suelo y asociados con plantas (Eichelmann, 2012). *Fusarium solani* causa el tizón y la marchitez en cítricos y el síndrome de muerte súbita (Burgess *et al.,* 1989).

La pudrición de raíces y tallos se presenta en diversas especies de leguminosas, cucurbitáceas, cítricos, solanáceas y madera. También afecta los tallos de las palmas aceiteras. Esta pudrición puede ser blanda y húmeda o seca. *Fusarium spp.* comprende diversas especies de hongos filamentosos que causan enfermedades graves en cultivos de interés agrícola y forestal. Estos fitopatógenos producen una amplia gama de moléculas con diversas estructuras químicas y actividades biológicas (Gutiérrez, 2023).

Éste es el primer reporte molecular de esta especie de *Fusarium* causante de pudrición radicular en soja en la provincia de Misiones, Argentina.

REFERENCIAS

ACEVEDO-GRANADOS, Y. F.; CANO, L. E.; RIVERA, A. M. G. Identificación de aislamientos clínicos de *Fusarium* spp. mediante técnicas moleculares en Colombia. **BISTUA Revista de la Facultad de Ciencias Básicas**, v. 12, n. 1, 2014. DOI: https://doi.org/10.24054/01204211.v1.n1.2014.1825

AGRIOS, G. N. **Agrios' Plant Pathology**. 6. ed. Amsterdam: Elsevier, 2024. Doi: https://doi.org/10.1016/C2019-0-04179-9

BURGESS, L. W.; NELSON, P. E.; SUMMERELL, B. A. Variability and stability of morphological characters of *Fusarium* oxysporum isolated from soils in Australia. **Mycologia**, v. 81, n. 5, p. 818–822, 1989. Doi: https://doi.org/10.2307/3759891

CAÑEDO, V.; AMES, T. **Manual de laboratorio para el manejo de hongos entomopatógenos.** Lima: Centro Internacional de la Papa (CIP), 2004. 62 p.

CARRERA, C. J. M. El género *Fusarium*: *Fusarium* spp. nuevos o críticos de la República Argentina y países limítrofes. **Revista de la Facultad de Agronomía y Veterinaria**, v. 13, n. 3, p. 474–490, 1954.

CLARANCE, P.; LUVANKAR, B.; SALES, J.; KHUSRO, A.; AGASTIAN, P.; TACK, J.; KHULAIFI, M. M. A.; AL-SHWAIMAN, H. A.; ELGORBAN, A. M.; SYED, A.; KIM, H. Green synthesis and characterization of gold nanoparticles using endophytic fungi *Fusarium solani* and its in vitro anticancer and biomedical applications. **Saudi Journal of Biological Sciences,** v. 27, n. 2, p. 706–712, 2020. Doi: https://doi.org/10.1016/j.sjbs.2019.12.026

EICHELMANN, K.; GONZÁLEZ, S. G.; SALAS-ALANIS, J.; OCAMPO-CANDIANI, J. Lepra: puesta al día. Definición, patogénesis, clasificación, diagnóstico y tratamiento. **Actas Dermo-Sifiliográficas**, v. 104, n. 7, p. 554–563, 2013. DOI: https://doi. org/10.1016/j.ad.2012.03.003

GUTIÉRREZ-SÁNCHEZ, A.; PLASENCIA, J.; MONRIBOT-VILLANUEVA, J. L.; RODRÍGUEZ-HAAS, B.; RUÍZ-MAY, E.; GUERRERO-ANALCO, J. A.; SÁNCHEZ-RANGEL, D. Virulence factors of the genus *Fusarium* with targets in plants. **Microbiological Research**, v. 277, art. 127506, 2023. DOI: https://doi.org/10.1016/j.micres.2023.127506

HERNÁNDEZ, M. A.; MUIÑO, B. L.; ROSON, A. C.; CAZOLA, G. C. Hongos y oomicetes fitopatógenos en viveros de piña (Ananas comosus (L.) Merr.) en Ciego de Ávila, Cuba. **Fitosanidad**, v. 15, n. 3, 2011, pp. 137-142.

SECRETARIA DE AGRICUTURA GANADERIA Y PESCA. **Tablero de cultivos**. Disponible en: https://www.magyp.gob.ar/sitio/areas/estimaciones/tableros/tablero-cultivo. Acesso en: 14 oct. 2026

INFORMACIONES ADICIONALES

Miguel Ángel Lavilla
Ingeniero agronomo. Master of Science in Vegetal Protection. Doctor en Ciencias Agrarias. Mestre em Produção Vegetal (UFAC). E-mail: miguellavillapergamino@gmail.com

Ana Edith Fernández
Licenciada en Genética graduada de la Universidad Nacional del Noroeste de la Provincia de Buenos Aires (UNNOBA). Gracias a mi vocación y formación en el área vegetal considero que me habilitan para participar en múltiples actividades asociadas al mejoramiento genético, caracterización genética de materiales y utilización de técnicas moleculares. Me considero una persona proactiva, responsable, emprendedora y organizada, que apuesta siempre al trabajo en equipo y en cada experiencia encuentro un aprendizaje. E-mail: aefernandez@comunidad.unnoba.edu.ar

Contribución de los autores - Credit

Miguel Ángel Lavilla: Conceptualización, metodología, análisis formal, investigación, redacción - revisión y edición.

Ana Edith Fernández: Investigación, redacción - revisión y edición.

Financiación: proyecto financiado por Fundación UNNOBA.

Conflictos de intereses: no existe ningún conflicto de intereses.

Licencia de uso: de acuerdo con las normas de la revista CCBY 4.0.

Preprint: no aplica.

Aprobación del comité de ética de la investigación: no aplica.

Consentimiento para el uso de imágenes: no aplica.

Disponibilidad de datos de investigación y otros materiales: los datos que respaldan los resultados de este estudio pueden ser facilitados por el autor correspondiente [MSM], previa solicitud directa.

Acuerdo de revisión abierta: no aplica.

Agradecimientos: Fundación UNNOBA.