



50 AÑOS
PENSANDO
EL FUTURO

XIII
CONGRESO
NACIONAL
DE MAÍZ

PATÓGENOS VIRALES Y *Spiroplasma kunkelii* DETECTADOS EN MUESTREOS SINTOMÁTICOS EN CULTIVOS DE MAÍZ DE ARGENTINA, CAMPAÑA 2025/2026.

Ferrer L. Mariana¹; Druetta M.²; Luna I.²; Cordes D.³; Bustamante M¹; Giménez M.P.¹; Torrico Ramallo A.K¹.

¹ Instituto de Patología Vegetal (IPAVE)- Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA). Av. 11 de septiembre 4755, CP (ICA5020X), Córdoba, Argentina.

² EEA INTA Quimilí, Santiago del Estero, Argentina.

³ AER INTA Jesús María, Córdoba, Argentina.

ferrer.mariana@inta.gob.ar

VIRAL PATHOGENS AND *Spiroplasma kunkelii* IN SYMPTOMATIC SAMPLES FROM MAIZE CROPS IN ARGENTINA, 2025/2026 SEASON.

Abstract

Analyses were conducted on maize plant samples exhibiting various symptoms associated with viruses and mollicutes, collected from different locations across the ten provinces from Argentina during the 2025/2026 growing season. The pathogens were diagnosed using DAS-ELISA and PTA ELISA. The presence of eleven out of twelve analyzed pathogens was detected. Of the samples analyzed for sugarcane mosaic virus SCMV 39% tested positive followed by barley yellow dwarf virus BYDV-MAV (F) (33%), *Spiroplasma kunkelii* (30%), sugarcane mosaic virus var Jesús María SCMV-JM (27%), maize dwarf mosaic virus MDMV (23%), johnsongrass mosaic virus JGMV (19%), wheat streak mosaic virus WSMV (17%), barley yellow dwarf virus BYDV-PAV (B) (11%), Mal de Río Cuarto virus MRCV (10%), and maize rayado fino virus MRFV (6%) and High Plains wheat mosaic virus HPWMOV (5%); maize chlorotic mottle virus MCMV and were not detected. Infection frequency was recorded as the percentage of positive plants out of the total number of samples analyzed for each pathogen. The percentage of mixed viral infections was also recorded. Overall, 43% of the samples were negative, 39% contained a single pathogen, and 18% showed mixed infections. *S. kunkelii*, SCMV-JM, and BYDV-MAV were the pathogens most frequently involved in coinfections. These findings highlight the diversity of pathogens associated with symptomatic maize plants and emphasize the importance of laboratory diagnosis for disease surveillance and management in Argentina.

Palabras clave - keywords: virus, mollicutes, *Dalbulus maidis*, enfermedades de maíz, viruses, mollicutes, *Dalbulus maidis*, corn disease.

Introducción

Las enfermedades en maíz causadas por virus y *Spiroplasma Kunkelii* (CSS) producen numerosas pérdidas económicas cada campaña.

Entre los virus de importancia para el cultivo se encuentran, High Plains wheat



mosaic virus (HPWMoV) y wheat streak mosaic virus (WSMV), transmitidos por ácaros; sugarcane mosaic virus (SCMV), barley yellow dwarf virus (BYDV MAV y PAV) y maize dwarf mosaic virus (MDMV), transmitidos por pulgones; y maize chlorotic mottle virus (MCMV), transmitido por trips (Giménez Pecci. et al., 2012).

El achaparramiento del maíz es causado por dos bacterias sin pared celular (*Spiroplasma kunkelii* (CSS) y maize bushy stunt phytoplasma (MBSP)) y dos virus (maize rayado fino virus (MRFV) y maize striate mosaic virus (MSMV)), todos transmitidos por el cicadélido *Dalbulus maidis*. Dentro de este complejo de patógenos, CSS es el detectado con mayor frecuencia en Argentina y el principal responsable de las pérdidas observadas durante la epifitía registrada en la campaña 2023/24 (Ferrer Lanfranchi. et al., 2024)

La identificación de los agentes causales a partir de los síntomas observados a campo resulta compleja, ya que la expresión sintomatológica depende del híbrido, del estado fenológico de la planta al momento de la infección y de las condiciones ambientales. Además, las infecciones mixtas por dos o más patógenos pueden modificar o intensificar los síntomas, dificultando aún más el diagnóstico visual. En este contexto, el diagnóstico de laboratorio constituye una herramienta indispensable para confirmar la etiología de las enfermedades y generar información relevante para la toma de decisiones sanitarias en las campañas siguientes.

El objetivo del presente trabajo fue determinar la presencia de CSS y de los principales virus que afectan al cultivo de maíz en plantas sintomáticas provenientes de distintos lotes de regiones productoras de Argentina, durante la campaña 2025/2026, así como detectar la existencia de infecciones mixtas.

Materiales y métodos

Se colectaron 132 muestras de plantas de maíz con diferente sintomatología asociada a virus y CSS en distintas localidades de las provincias de Buenos Aires, Catamarca, Chaco, Córdoba, Mendoza, Salta, San Luis, Santa Fe, Santiago del Estero y Tucumán durante la campaña 2025/2026 (Tabla 1).

Las muestras se analizaron para diversos patógenos, en función de la observación de uno o más de los siguientes grupos de síntomas:

1) Amarillamiento intenso o pigmentación rojiza/púrpura que inicia en las puntas y bordes de las hojas viejas, rayado clorótico fino intervenal, achaparramiento generalizado de la planta y formación de espigas reducidas o múltiples espigas estériles (asociado a CSS, MRFV, BYDV-MAV y BYDV-PAV).

2) Mosaico foliar suave a severo (patrón discontinuo de manchas verdes claras y oscuras), punteados y estriados cloróticos a lo largo de las nervaduras de las hojas jóvenes, acompañado en ocasiones de acortamiento leve de entrenudos (asociado a WSMV, SCMV, MDMV y JGMV).

3) Moteado clorótico severo y necrosis foliar (asociado a HPWMoV y MCMV). Cabe destacar que, en interacción con otros virus (como potyvirus), el MCMV puede desencadenar necrosis letal del maíz.

4) Enaciones en el envés de las hojas, acortamiento de entrenudos que confiere a la planta un aspecto de roseta, y malformaciones en las estructuras reproductivas

(asociado a MRCV).

Adicionalmente, la selección de los patógenos a analizar estuvo condicionada por la disponibilidad de antisueros. Las determinaciones se realizaron mediante las técnicas DAS-ELISA (Double Antibody Sandwich ELISA) y PTA-ELISA (Plate-Trapped Antigen ELISA). Para la detección de HPWMoV, WSMV, SCMV, MDMV, MCMV, JGMV, BYDV-MAV y BYDV-PAV se utilizaron antisueros adquiridos comercialmente (Bioreba y Agdia), mientras que para CSS, MRFV, MRCV y SCMV-JM se emplearon antisueros producidos en el Instituto de Patología Vegetal (Giménez Pecci, M. P., 2009).

Se registró la cantidad de muestras analizadas y positivas por provincia y localidad. Asimismo, se calculó la frecuencia de infección como el porcentaje de plantas positivas sobre el total de muestras procesadas para cada patógeno según su sintomatología, así como el porcentaje de ocurrencia de infecciones mixtas (dobles, triples o cuádruples) en relación con el total de muestras con infecciones múltiples.

Resultados

Se detectó la presencia de once de los doce patógenos analizados durante la campaña 2025/2026 en 132 muestras analizadas por serología (Tabla 1).

Tabla1: Patógenos detectados en las muestras de maíz analizadas en las diferentes localidades muestreadas durante la campaña 2025/26.

Provincia	Localidad	Nº muestras analizadas	Patógenos detectados (positivos / evaluados)
Salta	Orán	10	MDMV (10/10), SCMV (10/10), SCMV JM (10/10), CSS (2/10)
Salta	Pichanal	10	HPWMoV (3/10), SCMV (3/10), MDMV (2/10), CSS (1/10)
Córdoba	Jesús María	10	WSMV (9/10)
Santiago del Estero	Quimilí	4	CSS (4/4), BYDV-MAV (F) (3/4), BYDV-PAV (B) (1/4)
Santiago del Estero	Sachayoj	10	CSS (8/10)
Córdoba	Santa María	5	CSS (4/5), SCMV JM (1/2), BYDV-MAV (F) (1/2), BYDV-PAV (B) (1/2)
Córdoba	Manfredi	2	MDMV (2/2), SCMV (2/2), SCMV JM (2/2)
Buenos Aires	Coronel Suárez	5	MRCV (5/5)
Córdoba	Cañada de Luque	5	CSS (5/5)



50 AÑOS
PENSANDO
EL FUTURO

XIII
CONGRESO
NACIONAL
DE MAÍZ

Córdoba	Rayo Cortado	5	CSS (5/5)
Tucumán	Monteros	13	MRFV (3/13), CSS (3/13), MRCV (1/13)
Córdoba	General Paz	2	SCMV JM (2/2), JGMV (2/2)
Córdoba	Col. Vicente Agüero	1	WSMV (1/1), SCMV JM (1/1), MRFV (1/1), JGMV (1/1)
Catamarca	Los Altos	5	CSS (3/5)
Mendoza	San Rafael	10	BYDV-MAV (F) (2/10), JGMV (1/10)
Santiago del Estero	El Barrial	2	CSS (1/2), MRCV (1/2)
Chaco	9 de Julio	1	CSS (1/1)
Córdoba	Sampacho	1	MRCV (1/1)
San Luis	Villa Mercedes	10	<i>Sin positivos registrados</i>
Santa Fe	Venado Tuerto	9	<i>Sin positivos registrados</i>
Córdoba	Alta Córdoba	5	<i>Sin positivos registrados</i>
Córdoba	Villa del Totoral	4	<i>Sin positivos registrados</i>
Chaco	Pinedo	3	<i>Sin positivos registrados</i>

El SCMV, transmitido por pulgones, se detectó en un 39% de las muestras evaluadas para ese patógeno, seguido por BYDV-MAV (F) (33%), CSS (30%), SCMV-JM (27%), MDMV (23%), JGMV (19%), WSMV (17%), BYDV-PAV (B) (11%), y MRCV (10%), MRFV (6%), HPVMOV (5%) y MCMV (0%) (Tabla 2).

Tabla 2: Virus y CSS detectados en las muestras de maíz analizadas en la campaña 2025/26.

	CSS	MRCV	MDMV	MCMV	HPVMOV	WSMV	SCMV	SCMV JM	BYDV-MAV (F)	BYDV-PAV (B)	MRFV	JGMV
Nº muestras positivas	36	8	14	0	3	10	15	16	6	2	4	4
Nº muestras negativas	84	71	46	60	58	50	23	44	12	16	65	17



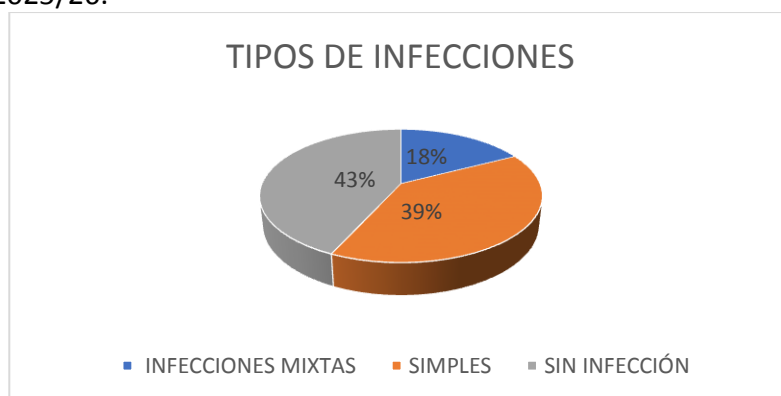
50 AÑOS
PENSANDO
EL FUTURO

XIII
CONGRESO
NACIONAL
DE MAÍZ

Nº muestras analizadas por patógeno	120	79	60	60	61	60	38	60	18	18	69	21
Frecuencia	30%	10%	23%	0%	5%	17%	39%	27%	33%	11%	6%	19%

A su vez se observó la presencia de infecciones simples (un patógeno) y mixtas (dos o más patógenos). El 43% de las muestras resultaron negativas para los patógenos analizados, el 39% de las muestras resultaron con infección simple y el 18% con infecciones mixtas (Gráfico 1).

Gráfico 1: Porcentaje de muestras negativas, con infecciones simples y mixtas de patógenos, observadas en las muestras de plantas de maíz analizadas por serología en la campaña 2025/26.



De las 22 muestras que presentaron infección mixta la más frecuente fue la infección triple con 12 muestras, luego la doble con 6 muestras y por último la cuádruple con 4 muestras (Tabla 3). Entre las infecciones mixtas, CSS, SCMV-JM y BYDV-MAV (F) participaron en cuatro combinaciones cada uno, constituyendo los patógenos más frecuentemente asociados a coinfecciones.

Tabla 3: Detalle de las combinaciones de patógenos y el número de plantas en las infecciones mixtas de muestras sintomáticas de maíz analizadas, campaña 2025/26.

Tipo de infección	Combinaciones de patógenos	Nº de plantas
Infecciones dobles	CSS + MRCV	1
	BYDV-MAV (F) + JGMV	1
	SCMV-JM + JGMV	2
	CSS +BYDV-MAV (F)	2
Infecciones triples	CSS + BYDV-MAV (F) + BYDV-PAV (B)	1
	MDMV +SCMV+ SCMV-JM	10
	MDMV+ HPMWoM +SCMV	1
Infecciones cuádruples	WSMV + SCMV-JM + MRfV + JGMV	1
	CSS + SCMV-JM + BYDV-MAV (F) + BYDV-PAV (B)	1



50 AÑOS
PENSANDO
EL FUTURO

XIII
CONGRESO
NACIONAL
DE MAÍZ

	CSS+ MDMV+ SCMV+ SCMV-JM	2
Total		22

Conclusiones

Los resultados evidencian la presencia de 11 patógenos de 12 analizados en este estudio. Estuvieron presentes CSS, SCMV, SCMV-JM, MDMV, WSMV, BYDV-MAV (F), BYDV-PAV (B), MRFV, MRCV y JGMV.

Entre las infecciones mixtas, CSS al igual que SCMV-JM y BYDV-MAV (F) participaron en cuatro combinaciones cada uno, constituyendo los patógenos más frecuentemente asociados a coinfecciones.

Los resultados de la campaña 2025/26 demuestran que la sintomatología observada en el cultivo de maíz no constituye un criterio suficiente para una identificación precisa de los fitopatógenos, debido a la compleja interacción entre el híbrido, el estado fenológico y el entorno ambiental. El hecho de que el 43% de las muestras sintomáticas resultaran negativas para los patógenos evaluados, ratifica la importancia crítica de emplear técnicas serológicas como herramienta objetiva para validar las observaciones a campo y evitar diagnósticos erróneos. Adicionalmente, las infecciones mixtas por dos o más patógenos pueden enmascarar, modificar o intensificar la sintomatología, dificultando aún más el diagnóstico visual.

En este contexto, el diagnóstico de laboratorio es indispensable para confirmar la etiología de las enfermedades y generar información precisa para la toma de decisiones sanitarias en futuras campañas. A fin de fortalecer el rigor de futuras determinaciones, resulta conveniente protocolizar el muestreo y ampliar el análisis sistemático hacia la totalidad de los patógenos para los cuales se dispone de antisueros validados. Esta estandarización metodológica es necesaria no solo para asegurar la integridad de la información, sino también para facilitar el análisis comparativo robusto entre los diferentes sitios de estudio.

Apoyo financiero

Proyectos INTA PD I084, PE I056, PE I073, PE I120; PUE CONICET 2018 22920180100064CO01, Fundación ArgenINTA.

Referencias bibliográficas

- Ferrer Lanfranchi, M.; Druetta, M. A.; Colella, E.; Ruiz Posse, A. M.; Barontini, J. M.; Luna, I. M.; Schlie, G.; Alberione, E. J.; Cantero, N.; Favere, V. M.; Brandimarte, M. S.; Rivero Bustamante, M.; Giménez Pecci, M. P.; & Torrico Ramallo, A. K. (2024, 18–20 de septiembre). Epifitia del achaparramiento del maíz en Argentina, campaña 2023/2024: Prevalencia e incidencia de *Spiroplasma kunkelii*. 6.º Congreso Argentino de Fitopatología, Cipolletti, Río Negro, Argentina.
- Giménez Pecci, M. P.; Carpane, P.; Carloni, E.; Nome, C.; Fiorona, M.; & Laguna, I. G. (2009). Técnicas empleadas en la identificación y caracterización de *Spiroplasma kunkelii* Whitcomb et al., 1986 (reino Eubacteria, clase Mollicutes). En I. G. Laguna, V. Conci, P. Rodríguez Pardina, G. Truol, M. Fiorona, & L. Di Feo (Eds.), *Procedimientos empleados en la identificación de organismos fitopatógenos* (Cap. 10, pp. 53–65).
- Giménez Pecci, M. P.; Laguna, I. G.; & Lenardón, S. L. (Eds.). (2012). *Enfermedades del maíz producidas por virus y mollicutes en Argentina*. Ediciones INTA.

