

ENFERMEDADES BACTERIANAS DEL MAÍZ EN ARGENTINA: EVOLUCIÓN, ESTADO ACTUAL Y PERSPECTIVAS

Plazas, M.C.^{1,2}; Guerra, G.D.^{1,3}; Guerra, F.¹; Valentinis, F.¹; Zin, F.¹ & De Rossi, R.L.¹

¹Universidad Católica de Córdoba, ²Bayer Agro, ³GDM Argentina.
Contacto: mariacristina.plazas@bayer.com

BACTERIAL DISEASES OF MAIZE IN ARGENTINA: EVOLUTION, CURRENT STATUS, AND PERSPECTIVES

ABSTRACT. Bacterial diseases of maize have become increasingly important in Argentina over the last two decades, driven by changes in cropping systems, the expansion of late planting, agricultural intensification, and greater retention of crop residues on the soil surface. At the same time, advances in diagnostic methodologies have demonstrated that many foliar symptoms previously attributed to a single disease are actually associated with a complex of bacterial pathogens, frequently involving mixed infections. This review summarizes the current knowledge of the major bacterial diseases affecting maize in Argentina, deliberately excluding the corn stunt disease complex. The review examines the epidemiology, distribution, and significance of *Pantoea ananatis*, *Pantoea stewartii* subsp. *stewartii*, *Xanthomonas vasculorum* pv. *vasculorum*, *Robbsia andropogonis*, *Acidovorax* spp., and other associated bacterial pathogens, integrating information from field surveys, diagnostic studies, and scientific reports conducted in Argentina. In addition, recent advances in bacterial isolation, biochemical characterization, molecular diagnostics, DNA sequencing, and genomic tools are discussed, highlighting their contribution to improving diagnostic accuracy and understanding of these pathosystems. Finally, the main challenges for disease surveillance, epidemiological research, and integrated disease management are identified, emphasizing the need to strengthen phytosanitary monitoring and expand studies on bacterial diversity, pathogenicity, and host–pathogen interactions.

Keywords: phytopathogenic bacteria, epidemiology, diagnosis, bacterial diversity

Palabras claves: fitobacterias, epidemiología, diagnóstico, diversidad bacteriana

Introducción y contexto sanitario

El cultivo de maíz en Argentina se desarrolla en una amplia diversidad de ambientes, fechas de siembra y sistemas productivos. La expansión de la siembra directa, la mayor permanencia de residuos en superficie, la intensificación de las secuencias agrícolas y el aumento de la participación de maíces tardíos modificaron la disponibilidad de inóculo y el período durante el cual los cultivos quedan expuestos a

condiciones predisponentes. En las siembras tardías, el cultivo puede recibir inóculo producido en maíces tempranos de la misma campaña y, simultáneamente, quedar expuesto durante más tiempo a rastros colonizados de campañas anteriores. (Giménez Pecci et al., 2016).

Las bacterias fitopatógenas suelen verse favorecidas por períodos de elevada humedad, agua libre y temperaturas moderadas a cálidas. Sin embargo, en maíz, la ocurrencia de tormentas con viento, granizo o arena es particularmente importante porque las heridas y el roce foliar facilitan la penetración. En varios registros argentinos, los síntomas se intensificaron pocos días después de lluvias fuertes y temporales, lo que refuerza la necesidad de interpretar las bacteriosis dentro del patosistema: hospedante, patógeno, ambiente y manejo (Giménez Pecci et al., 2016; Plazas et al., 2018).

El reconocimiento visual de cada bacteriosis es complejo. Muchas bacteriosis producen lesiones intercostales, acuosas en sus primeras etapas y posteriormente necróticas, que pueden confundirse con enfermedades fúngicas, daño físico, fitotoxicidad o senescencia. Además, una misma muestra puede contener más de una bacteria potencialmente patógena junto con microorganismos endófitos. Por esta razón, la presencia de una bacteria en una lesión no equivale por sí sola a demostrar causalidad (Schaad et al., 2001).

Evolución del conocimiento en Argentina

Etapas inicial: síntomas foliares y primeros aislamientos

Antes de la década de 2010, las bacteriosis del maíz recibían una atención comparativamente menor que las enfermedades fúngicas y virales. La situación comenzó a cambiar con la detección reiterada de manchas acuosas y estrías foliares en lotes comerciales. Los relevamientos efectuados en el centro-norte de Córdoba mostraron un aumento rápido de la frecuencia de híbridos afectados y señalaron que el problema no se restringía a un material genético ni a una localidad (Plazas et al., 2014).

Los primeros trabajos sistemáticos combinaron descripción sintomatológica, aislamiento en medios de cultivo y caracterización fisiológica y bioquímica. Esta etapa permitió reconocer que las lesiones albergaban una comunidad bacteriana diversa y que existían infecciones mixtas en una proporción importante de muestras (Plazas et al., 2014; Giménez Pecci et al., 2016).

Confirmación de *Pantoea ananatis*

En 2010 se publicó el primer reporte de una enfermedad foliar del maíz causada por *Pantoea ananatis* en Argentina. La identificación se sustentó en pruebas fisiológicas, secuenciación del gen 16S rRNA y comparación con cepas de referencia. La patogenidad se verificó mediante infiltración de suspensiones bacterianas en plantas de maíz, reproducción de lesiones, re aislamiento y comparación de perfiles rep-PCR, completando los postulados de Koch. Este trabajo estableció tempranamente que *P. ananatis* debía ser considerada un patógeno primario del maíz en el país y no únicamente una bacteria epífita o acompañante (Alippi & López, 2010).

Primer reporte de la marchitez de Stewart

Durante las campañas 2010/11 y 2011/12 se observaron en el centro de Argentina estrías longitudinales de márgenes irregulares u ondulados, paralelas a las nervaduras, que evolucionaban desde tonalidades verde-amarillentas hacia necrosis y tizón foliar. La identificación de *Pantoea stewartii* subsp. *stewartii* se apoyó en aislamiento, características culturales y bioquímicas, una PCR específica con los cebadores PST3581/PST3909c y pruebas de patogenicidad en plantas jóvenes. Los síntomas se reprodujeron entre 7 y 10 días después de la inoculación, no se observaron síntomas en los controles y el patógeno fue re aislado, constituyendo el primer reporte de la bacteria en maíz enfermo en Argentina (Albarracín Orio et al., 2012).

Reconocimiento de un complejo bacteriano

Los estudios posteriores ampliaron el espectro de bacterias fitopatógenas asociadas con maíz. En el centro-norte de Córdoba se comunicó la detección de *Acidovorax avenae* y, en otros relevamientos, de *Robbsia andropogonis* asociada con rayado foliar. También se recuperaron *A. temperans*, *Pseudomonas syringae* y bacterias del género *Xanthomonas*. Este conjunto de evidencias modificó la interpretación inicial: las “bacteriosis del maíz” debían entenderse como un síndrome producido por varios agentes, con síntomas parcialmente superpuestos y frecuentes coinfecciones (Plazas et al., 2014, 2015a, 2015b; Giménez Pecci et al., 2016).

Identificación de *Xanthomonas vasicola* pv. *vasculorum*

Desde 2010 se observaron síntomas compatibles con bacterial leaf streak en el norte de Córdoba. Con el transcurso de las campañas, la enfermedad expandió su distribución y pasó de afectar principalmente híbridos susceptibles a observarse en la totalidad de los híbridos comerciales evaluados en la región. En casos severos se informó hasta 60% del área foliar afectada. Para 2017 se habían confirmado síntomas y exudado bacteriano en Córdoba, Buenos Aires, Santa Fe, San Luis, Entre Ríos, Santiago del Estero, Corrientes, Chaco, Tucumán y Salta (Plazas et al., 2018).

La identificación de *Xanthomonas vasicola* pv. *vasculorum* incorporó herramientas de mayor resolución: aislamiento de colonias amarillas y mucoides, reproducción experimental de síntomas y reisolamiento, identificación por MALDI-TOF y secuenciación del genoma de un aislamiento argentino. La filogenia basada en SNP de genoma completo separó claramente al aislamiento de *X. vasicola* pv. *holcicola* y lo agrupó con aislamientos de maíz de Sudáfrica y Estados Unidos. El reporte publicado en 2018 fue el primero de bacterial leaf streak por este patovar en Argentina y el primero en Sudamérica (Plazas et al., 2018).

Principales bacterias fitopatógenas asociadas con maíz en Argentina

Agente	Síntoma predominante	Evidencia en Argentina	Diagnóstico de mayor valor	Situación actual
--------	----------------------	------------------------	----------------------------	------------------



50 AÑOS
PENSANDO
EL FUTURO

XIII
CONGRESO
NACIONAL
DE MAÍZ

<i>Pantoea stewartii</i> subsp. <i>Stewartia</i> Fig 1.	Estrías foliares y marchitez de Stewart	Primer reporte en 2012; incidencia elevada de síntomas en Córdoba	PCR específica, fenotipo, patogenicidad y comparación con cepa de referencia	Confirmada; su distribución, supervivencia y relevancia económica requieren actualización
<i>Xanthomonas</i> <i>vasicola</i> pv. <i>Vasculorum</i> Fig 2.	Bacterial leaf streak o estría bacteriana	Primer reporte sudamericano en 2018; amplia distribución documentada hasta 2017	MALDI-TOF, patogenicidad y genómica comparativa	Patógeno establecido; debe diferenciarse de otros rayados y de <i>X.</i> <i>vasicola</i> pv. <i>Holcicola</i>
<i>Pantoea ananatis</i> Fig 3.	Manchas foliares; asociación discutida con mancha blanca	Primer reporte en 2010 con causalidad demostrada	Secuenciación, PCR/rep-PCR y patogenicidad con reisolamiento	Patógeno confirmado; falta cuantificar su contribución relativa en distintos complejos sintomáticos
<i>Acidovorax avenae</i> Fig 4.	Rayado o estriado foliar	Detectada en trabajos nacionales y comunicaciones científicas	Aislamiento, pruebas fisiológicas, secuenciación y patogenicidad	Presencia demostrada; epidemiología y pérdidas poco cuantificadas
<i>Robbsia</i> <i>andropogonis</i> Fig 5.	Rayado foliar	Detectada en muestras argentinas de maíz	Caracterización fenotípica y molecular; patogenicidad	Importancia regional y rango de hospedantes requieren estudio



Fig 1. *Pantoea stewartii* subsp. *Stewartia*



Fig2. *Xanthomonas vasicola* pv. *vasculorum*



Fig 3. *Pantoea ananatis*



Fig 4. *Acidovorax avenae*

Fig 5. *Robbsia andropogonis*

Avances en los trabajos de diagnóstico

Diagnóstico de campo y selección de muestras

La primera etapa continúa siendo crítica. Deben seleccionarse lesiones activas, preferentemente en el límite entre tejido sano y enfermo, evitando hojas completamente necrosadas o contaminadas con suelo. La presencia de aspecto acuoso, translucidez a contraluz, exudado bacteriano y progresión paralela a las nervaduras orienta el diagnóstico, pero no permite asignar especie. El registro debe incluir híbrido, fecha de siembra, estadio, distribución de plantas afectadas, incidencia, severidad, eventos recientes de lluvia, granizo o viento y presencia del síntoma en otros hospedantes (Schaad et al., 2001; Plazas et al., 2018).

Aislamiento y caracterización fenotípica

El aislamiento sigue siendo indispensable para disponer de cultivos puros, realizar pruebas de patogenicidad y conservar cepas. Las características de colonia, pigmentación, producción de mucosidad, fluorescencia, reacción de Gram, oxidasa, catalasa, motilidad y metabolismo constituyen una primera aproximación. No obstante, la plasticidad fenotípica y la semejanza entre especies limitan su valor cuando se utilizan de forma aislada (Schaad et al., 2001; Wensing et al., 2010).

Diagnóstico molecular dirigido

Las PCR específicas permitieron confirmar agentes de difícil diferenciación fenotípica. En el reporte argentino de *P. stewartii* subsp. *stewartii*, la amplificación de un fragmento de 300 pb con PST3581/PST3909c fue un elemento central. Para *P. ananatis*, la secuenciación de 16S rRNA y el análisis de huellas genómicas por rep-PCR complementaron las pruebas fisiológicas. Estos enfoques son adecuados para confirmaciones dirigidas, pero dependen de la especificidad de los cebadores y pueden perder capacidad discriminativa frente a linajes cercanos o recombinantes (Albarracín Orio et al., 2012; Wensing et al., 2010; Alippi & López, 2010).

MALDI-TOF, secuenciación y genómica

La incorporación de MALDI-TOF permitió acelerar la identificación preliminar de aislamientos cultivables, siempre que la base de datos contenga espectros de referencia adecuados. En *X. vasicola* pv. *vasculorum*, la identificación por MALDI-TOF fue seguida por secuenciación genómica y filogenia de SNP de genoma completo. Esta estrategia permitió resolver el nivel de patovar y diferenciar el aislamiento argentino de *X. vasicola* pv. *holcicola*, una distinción que no podía establecerse con seguridad mediante síntomas o pruebas bioquímicas convencionales (Plazas et al., 2018).

Ninguna metodología, considerada aisladamente, resulta suficiente para confirmar la etiología de las bacteriosis del maíz. La integración entre observaciones de campo, aislamiento, caracterización fenotípica, herramientas moleculares y pruebas de patogenicidad constituye actualmente el enfoque diagnóstico más robusto para diferenciar patógenos primarios, oportunistas y microorganismos acompañantes.

Patogenicidad y causalidad

La prueba de patogenicidad continúa siendo el componente decisivo del diagnóstico etiológico. Debe incluir controles negativos, condiciones ambientales definidas, un método de inoculación reproducible y un número adecuado de plantas. La reproducción del síntoma, el re aislamiento y la reconfirmación de identidad son especialmente importantes cuando la bacteria también puede comportarse como epífita o endófita. En complejos como la mancha blanca, la reproducción parcial o variable del fenotipo de campo debe interpretarse con cautela, considerando que el síntoma final puede depender del genotipo, el ambiente, la vía de ingreso, la densidad bacteriana y la participación de otros microorganismos (Plazas et al., 2014; Giménez Pecci et al., 2016).

Epidemiología y factores predisponentes

La epidemiología de las bacteriosis del maíz en Argentina no está completamente caracterizada y probablemente difiere entre agentes. No obstante, la evidencia reunida permite reconocer varios factores comunes: supervivencia en rastrojos, posible transmisión por semilla, colonización de hospedantes alternativos, dispersión por salpicaduras y tormentas, y penetración favorecida por heridas. La siembra directa puede prolongar la supervivencia del inóculo asociado con residuos, mientras que las fechas tardías incrementan el tiempo de exposición y pueden recibir inóculo procedente de cultivos tempranos.

La asociación temporal con eventos de lluvia y viento es particularmente consistente para *X. vasicola* pv. *vasculorum*. La enfermedad puede hacerse visible pocos días después de tormentas, cuando las lesiones acuosas se expanden longitudinalmente. Sin embargo, la presencia del patógeno y de síntomas no implica necesariamente pérdidas proporcionales: la magnitud del daño depende del momento de aparición, la tasa de expansión, el estrato foliar comprometido y la susceptibilidad del híbrido (Plazas et al., 2018).

Manejo: situación actual y limitaciones

El manejo es fundamentalmente preventivo. No existen bactericidas foliares con eficacia consistente y ampliamente validada para resolver epidemias establecidas en maíz. Las medidas prioritarias son la utilización de semilla de sanidad conocida, la elección de híbridos con mejor comportamiento, la rotación, el manejo de maíz voluntario y gramíneas hospedantes, y la reducción de residuos infectados cuando sea agronómica y ambientalmente justificable (Vidaver & Lambrecht, 2004; Munkvold & White, 2016).

La susceptibilidad varietal es uno de los componentes con mayor potencial de manejo, pero la información debe generarse para agentes confirmados y bajo presión suficiente. Una clasificación basada solo en síntomas puede mezclar respuestas frente a distintos patógenos. Por ello, los ensayos de comportamiento deberían complementarse con diagnóstico de laboratorio de una submuestra representativa y, cuando sea posible, con inoculación controlada de aislamientos caracterizados (Robaina et al., 2020; Schaad et al., 2001).

Las aplicaciones de productos cúpricos, antibióticos u otros compuestos no deberían recomendarse sin evidencia local robusta de eficacia, residualidad, fitotoxicidad y relación costo-beneficio. Además, el uso de antibióticos plantea riesgos de selección de resistencia y restricciones regulatorias. En el estado actual del conocimiento, la prevención y la reducción de riesgo son más realistas que el control curativo (Vidaver & Lambrecht, 2004).

Debido a la ausencia de medidas curativas consistentes, el manejo de las bacteriosis del maíz depende principalmente del diagnóstico temprano y de la implementación integrada de estrategias preventivas.

Vacíos de conocimiento y prioridades

- Construir una red nacional de vigilancia con protocolos comunes de muestreo, aislamiento, conservación y carga de metadatos.
- Actualizar la distribución geográfica y prevalencia de *P. stewartii* subsp. *stewartii* y *X. vasicola* pv. *vasculorum* después de sus primeros reportes.
- Determinar la contribución relativa de *P. ananatis* en la mancha blanca y en otros síndromes foliares mediante diseños que integren diagnóstico, inoculación y reisolamiento.
- Caracterizar genómicamente colecciones argentinas para resolver diversidad, rutas de introducción, evolución y genes de virulencia.
- Cuantificar pérdidas de rendimiento y definir umbrales epidemiológicos según momento de infección y estrato foliar afectado.
- Evaluar transmisión por semilla y supervivencia en rastrojo y hospedantes alternativos bajo condiciones argentinas.
- Estudiar las infecciones mixtas y distinguir interacciones sinérgicas, aditivas o meramente coincidentes.
- Generar escalas de severidad, materiales fotográficos y herramientas de diagnóstico diferencial para técnicos y laboratorios.
- Validar técnicas rápidas, incluidas PCR multiplex, qPCR, LAMP y secuenciación directa, con controles de calidad interlaboratorio.
- Integrar información meteorológica, teledetección y modelos de riesgo para anticipar ambientes predisponentes.

Consideraciones finales

Las enfermedades bacterianas forman parte estable del complejo sanitario del maíz argentino. Su reconocimiento aumentó desde comienzos de la década de 2010, en

paralelo con una mejora sustancial de las capacidades diagnósticas. Los primeros reportes de *Pantoea ananatis*, *Pantoea stewartii* subsp. *stewartii* y *Xanthomonas vasicola* pv. *vasculorum* representan hitos que consolidaron la importancia del problema.

La situación actual se caracteriza por una elevada diversidad de agentes, síntomas superpuestos e infecciones mixtas. En consecuencia, el diagnóstico debe integrar observación de campo, aislamiento, técnicas moleculares y demostración experimental de causalidad. La identificación basada exclusivamente en síntomas o en la recuperación de una bacteria desde una lesión es insuficiente.

El manejo disponible es principalmente preventivo y depende de la sanidad de semilla, el comportamiento del híbrido, la rotación, el manejo de residuos y hospedantes, y la reducción de condiciones que favorecen heridas y dispersión. La falta de estimaciones de pérdidas, información varietal comparable y estudios epidemiológicos prolongados constituye la principal limitación para transformar el conocimiento diagnóstico en recomendaciones de manejo de precisión.

La próxima etapa debería centrarse en una vigilancia coordinada a escala nacional, colecciones de referencia bien caracterizadas, diagnóstico molecular estandarizado, genómica poblacional y estudios de patogenicidad que permitan separar patógenos primarios, oportunistas y microorganismos acompañantes. Esta integración es necesaria para anticipar cambios en distribución, reconocer agentes emergentes y diseñar estrategias sostenibles de manejo sanitario.

La evolución del conocimiento durante los últimos quince años modificó profundamente la percepción de las bacteriosis del maíz en Argentina. Lo que inicialmente se interpretaba como enfermedades esporádicas hoy se reconoce como un complejo de patógenos con amplia distribución, elevada diversidad y creciente importancia sanitaria. En este contexto, la integración entre vigilancia epidemiológica, diagnóstico de alta resolución y estudios de patogenicidad será determinante para comprender la verdadera relevancia de cada agente y desarrollar estrategias de manejo sustentables.

Referencias bibliográficas

- Alippi, A. M., & López, A. C. (2010). First report of leaf spot disease of maize caused by *Pantoea ananatis* in Argentina. *Plant Disease*, 94(4), 487. <https://doi.org/10.1094/PDIS-94-4-0487A>
- Albarracín Orio, A. G., Brücher, E., Plazas, M. C., Sayago, P., Guerra, F., De Rossi, R., Ducasse, D. A., & Guerra, G. D. (2012). First report of Stewart's wilt of maize in Argentina caused by *Pantoea stewartii*. *Plant Disease*, 96, 1819. <https://doi.org/10.1094/PDIS-07-12-0668-PDN>
- Giménez Pecci, M. P., De Rossi, R. L., Maurino, M. F., Barontini, J., Druetta, M., Torrico, A. K., Ferrer, M., Oleszczuc, D., Plazas, M. C., Guerra, F. A., Brücher, E., Guerra, G. D., & Laguna, I. G. (2016). Enfermedades del maíz de siembra tardía causadas por virus, mollicutes y bacterias. En El mismo maíz, un nuevo desafío: Compendio del Primer Congreso de Maíz Tardío (Cap. 10).
- Plazas, M. C., De Rossi, R. L., Brücher, E., Guerra, F. A., Vilaró, M., Guerra, G. D., Wu, G., Ortiz-Castro, M. C., & Broders, K. (2018). First report of *Xanthomonas vasicola* pv. *vasculorum* causing bacterial leaf streak of maize (*Zea mays*) in Argentina. *Plant Disease*, 102, 1026. <https://doi.org/10.1094/PDIS-10-17-1578-PDN>
- Robaina, R. R., Longhi, T. V., Zeffa, D. M., Gonçalves, L. S. A., & Leite, R. P., Jr. (2020). Development of a protocol and a diagrammatic scale for quantification of bacterial leaf streak disease on young



50 AÑOS
PENSANDO
EL FUTURO

XIII
CONGRESO
NACIONAL
DE MAÍZ

plants of maize. Plant Disease, 104(11), 2978–2984. <https://doi.org/10.1094/PDIS-01-20-0041-RE>

- Plazas, M. C., De Rossi, R. L., Guerra, F. A., & Guerra, G. D. (2014). Identificación de bacterias que afectan el cultivo de maíz en el centro norte de Córdoba. III Congreso Argentino de Fitopatología, Tucumán.
- Plazas, M. C., Parisi, L., Couretot, L., Guerra, F. A., De Rossi, R. L., & Guerra, G. D. (2015). Detección de *Burkholderia andropogonis* en maíz (*Zea mays* L.): “rayado foliar”. XV Jornadas Fitosanitarias Argentinas, Santa Fe.
- Plazas, M. C., Vilaró, M., De Rossi, R. L., Guerra, F. A., & Guerra, G. D. (2015). Detección de *Acidovorax avenae* en maíz (*Zea mays* L.). XV Jornadas Fitosanitarias Argentinas, Santa Fe.
- Schaad, N. W., Jones, J. B., & Chun, W. (Eds.). (2001). Laboratory guide for identification of plant pathogenic bacteria (3rd ed.). APS Press.
- Vidaver, A. K., & Lambrecht, P. A. (2004). Las bacterias como patógenos vegetales. The Plant Health Instructor. <https://doi.org/10.1094/PHI-I-2006-0601-01>
- Wensing, A., Zimmermann, S., & Geider, K. (2010). Identification of the corn pathogen *Pantoea stewartii* by mass spectrometry of whole-cell extracts and its detection with novel PCR primers. Applied and Environmental Microbiology, 76, 6248–6256.