

DINÁMICA TEMPORAL DE *DALBULUS MAIDIS* Y SU ASOCIACIÓN CON ESPIROPLASMA (CSS) Y VIRUS DEL RAYADO FINO (MRFV) EN MAÍZ EN EL NORTE DE SANTA FE

Roeschlin R.A.^{1,2}; Cereijo A.E.²; Almada M.S.²; Britez P.²; Acosta M.²; Espindola C.²; Solis F.²; Scarel J.²; Parodi M.I.²; Regonat A.²; Vitti D.E.²; Szwarc D.E.²

¹ Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas CONICET.

² Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria INTA – Estación Experimental Agropecuaria INTA Reconquista, Ruta 11 km 773, Reconquista, Santa Fe, Argentina, roeschlin.roxana@inta.gov.ar

TEMPORAL DYNAMICS OF *DALBULUS MAIDIS* AND ITS ASSOCIATION WITH SPIROPLASMA (CSS) AND RAZADO FINO VIRUS (MRFV) IN MAIZE IN NORTHERN SANTA FE

Abstract

Maize production in northern Santa Fe is increasingly affected by the corn stunt disease complex, mainly associated with *Spiroplasma kunkelii* (CSS) and Maize rayado fino virus (MRFV), both transmitted by *Dalbulus maidis*. Understanding vector dynamics and pathogen detection in relation to crop phenology is essential for improving disease management.

This study analyzed the temporal dynamics of *D. maidis* and its association with CSS and MRFV from January-April 2026. Biweekly samplings were conducted across seven locations covering a wide range of crop phenological stages. Vector abundance was assessed using yellow sticky traps, while pathogen detection was performed by PCR in five sentinel sites. Ten PCR reactions per site were carried out using pools of three insects, and results were expressed as estimated prevalence.

Vector abundance increased from February, peaking in March, with high spatial variability among sites. In contrast, pathogen prevalence showed a more complex temporal pattern, including higher variability at low vector abundance and more stable estimates during population peaks. No direct relationship between vector abundance and pathogen prevalence was observed.

These findings suggest a temporal decoupling between vector dynamics and pathogen detection, highlighting the importance of integrated monitoring approaches that combine vector activity, pathogen detection and crop phenology.

Palabras clave – Keywords

trampas amarillas – chicharrita – maíz - diagnóstico molecular – epidemiología
yellow traps – leafhopper – maize – molecular diagnosis - epidemiology

Introducción

El cultivo de maíz en el norte de la provincia de Santa Fe se encuentra crecientemente afectado por el complejo de achaparramiento, cuya etiología involucra, entre otros agentes, a espiroplasma (*Spiroplasma kunkelii*, CSS) y al virus del rayado fino

del maíz (MRFV). La transmisión de estos patógenos depende exclusivamente de la chicharrita del maíz, *Dalbulus maidis*, especie cuya dinámica poblacional y comportamiento migratorio determinan en gran medida el riesgo epidemiológico del cultivo. El entendimiento de los factores que regulan la abundancia del vector y la prevalencia de los patógenos es fundamental para el diseño de estrategias de manejo. En este sentido, la fenología del cultivo juega un rol clave, ya que define la disponibilidad y calidad del hospedante, condicionando tanto la reproducción del vector como la eficiencia de transmisión de los patógenos (Moya-Raygoza, 2026; Toloy et al., 2024).

A pesar de la importancia de estos procesos, existe aún escasa información a escala regional que integre simultáneamente la dinámica temporal del vector, la fenología del cultivo y la detección de patógenos en condiciones productivas reales. Dichos estudios permitirán predecir momentos de mayor riesgo y optimizar la implementación de prácticas de manejo.

El objetivo del presente trabajo fue analizar la dinámica temporal de *Dalbulus maidis* y su relación con la detección de CSS y MRFV en diferentes localidades del norte de Santa Fe en el período comprendido entre enero y abril de 2026.

Materiales y métodos

El estudio se llevó a cabo en siete localidades representativas del norte de la provincia de Santa Fe: Reconquista, La Sarita, Villa Ocampo, Calchaquí, San Javier, Logroño y Villa Minetti. En cada sitio se seleccionaron lotes de maíz bajo condiciones de manejo características de la región. Se realizaron muestreos quincenales entre los meses de enero y abril, abarcando un gradiente de situaciones fenológicas que incluyó desde períodos sin cultivo hasta estados vegetativos y reproductivos avanzados. La fenología del cultivo se registró en cada sitio y fecha, permitiendo reconstruir su dinámica temporal.

La abundancia de *D. maidis* se estimó mediante el uso de trampas amarillas adhesivas, registrándose el número de individuos capturados por período de muestreo. Para el análisis se utilizaron medidas de tendencia central, en particular la mediana, junto con el rango intercuartílico como descriptor de la variabilidad. La fenología del cultivo se determinó mediante la clasificación de los lotes según su estado de desarrollo en cada fecha de relevamiento. La distribución espacial y temporal de los estadios fenológicos se analizó para describir la dinámica del cultivo y la disponibilidad del hospedante durante el período de estudio.

La detección de patógenos se realizó mediante técnicas de reacción en cadena de la polimerasa (PCR) a partir de adultos de *D. maidis* procedentes de los sitios definidos como centinelas: Reconquista, Villa Ocampo, Calchaquí, Logroño y Villa Minetti. Para cada fecha y localidad se procesaron un total de diez reacciones de PCR, utilizando como unidad de análisis en cada una de ellas, muestras compuestas (*pools*) de tres individuos capturados en las trampas, siguiendo la metodología de extracción de ácidos nucleicos y PCR descrita por Gorayeb et al., (2023). De este modo, cada punto de muestreo estuvo representado por un conjunto estandarizado de muestras compuestas.

A partir de estos análisis se determinó la presencia de CSS y MRFV. La prevalencia de individuos infectivos se estimó por máxima verosimilitud a partir de la proporción de *pools* positivos mediante un modelo binomial para datos agrupados. Los datos de abundancia y detección de patógenos se resumieron mediante estadísticos descriptivos,

utilizando la mediana como medida de tendencia central y el rango intercuartílico como estimador de la variabilidad, lo que permitió describir la dinámica temporal y comparar el comportamiento entre localidades.

Resultados

La dinámica fenológica del cultivo evidenció una marcada heterogeneidad espacial a lo largo del período de estudio (Figura 1). Durante enero coexistieron situaciones de cultivo en estadios vegetativos tempranos con lotes en barbecho, mientras que a partir de febrero se observó una mayor homogeneidad, con predominio de estadios vegetativos. Hacia marzo y abril, la mayoría de los lotes transitó estadios reproductivos, aunque persistieron diferencias en el grado de avance entre localidades. Esta asincronía configuró un mosaico temporal y espacial en la disponibilidad del hospedante.

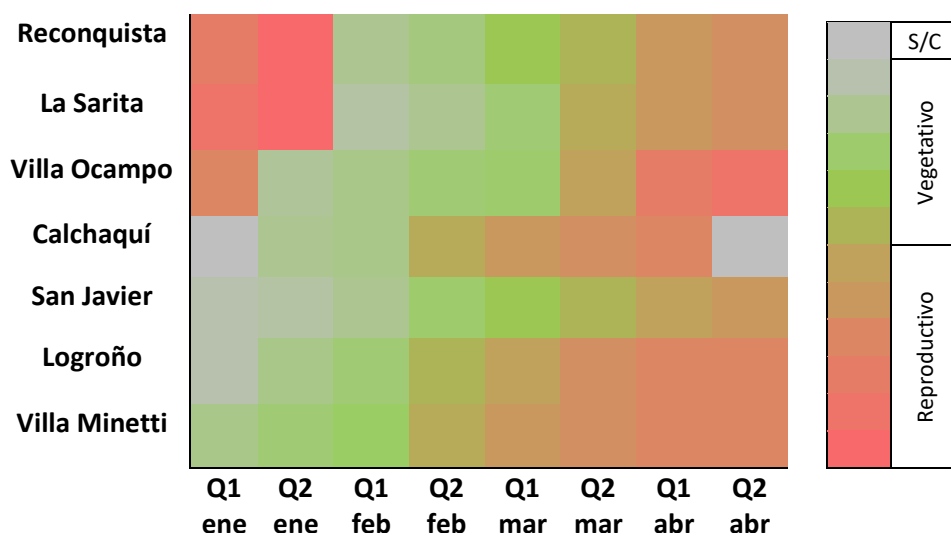


Figura 1. Dinámica fenológica del cultivo de maíz en las distintas localidades durante el período enero-abril de 2026, expresada mediante escala de color. Los tonos verdes corresponden a estados vegetativos, mientras que los tonos amarillos a rojos indican la transición y estadios reproductivos avanzados. Los espacios en gris representan períodos sin cultivo (S/C, barbecho).

La abundancia de *D. maidis*, estimada a partir de capturas en trampas amarillas, presentó una tendencia creciente bien definida (Figura 2). Durante enero los valores fueron bajos o nulos, seguidos por un incremento sostenido a partir de la primera quincena de febrero. El pico de capturas se registró en marzo, con valores máximos de la mediana cercanos a 399 individuos por trampa, seguido por una leve disminución hacia abril, aunque manteniéndose en valores de captura elevados. La variabilidad entre localidades fue alta, con sitios en los que se registraron incrementos particularmente marcados (Villa Minetti con 932 individuos y Villa Ocampo con 861 individuos en la primera y segunda quincena de marzo, respectivamente) lo que refleja una fuerte influencia de factores locales, como fechas de siembra, estado fenológico y condiciones ambientales sobre la dinámica del vector.



50 AÑOS
PENSANDO
EL FUTURO

XIII
CONGRESO
NACIONAL
DE MAÍZ

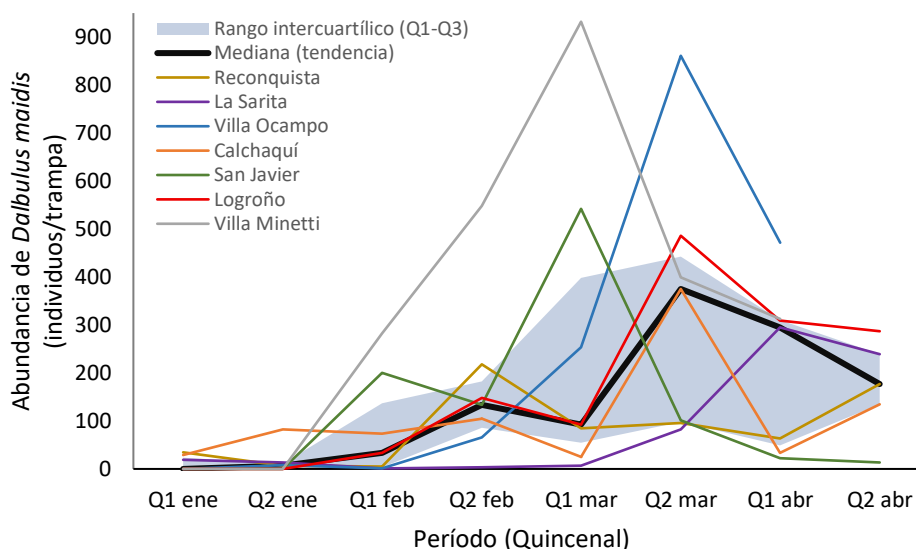


Figura 2. Dinámica temporal de la abundancia de *Dalbulus maidis* registrada en trampas amarillas adhesivas. Individuos recolectados quincenalmente en el período enero-abril 2026. Las líneas grises representan los valores registrados en las localidades evaluadas. La línea negra indica la mediana como estimador de la tendencia central. El área sombreada corresponde al rango intercuartílico (Q1–Q3).

La detección de patógenos en los cinco sitios centinelas seleccionados permitió estimar la prevalencia de infección por PCR en la población del vector (Figura 3). En este contexto, la prevalencia estimada de CSS mostró valores variables al inicio del período, con registros puntualmente elevados en la localidad de Villa Ocampo y asociados a un número reducido de individuos recolectados, como se observó previamente. A medida que avanzó la campaña y aumentó la abundancia del vector, la prevalencia estimada tendió a estabilizarse en valores más bajos durante marzo, con un marcado incremento hacia la segunda quincena de abril. Por su parte, MRFV presentó una dinámica más estable a lo largo del período estudiado, con variaciones moderadas entre fechas y localidades (Figura 3).



50 AÑOS
PENSANDO
EL FUTURO

XIII
CONGRESO
NACIONAL
DE MAÍZ

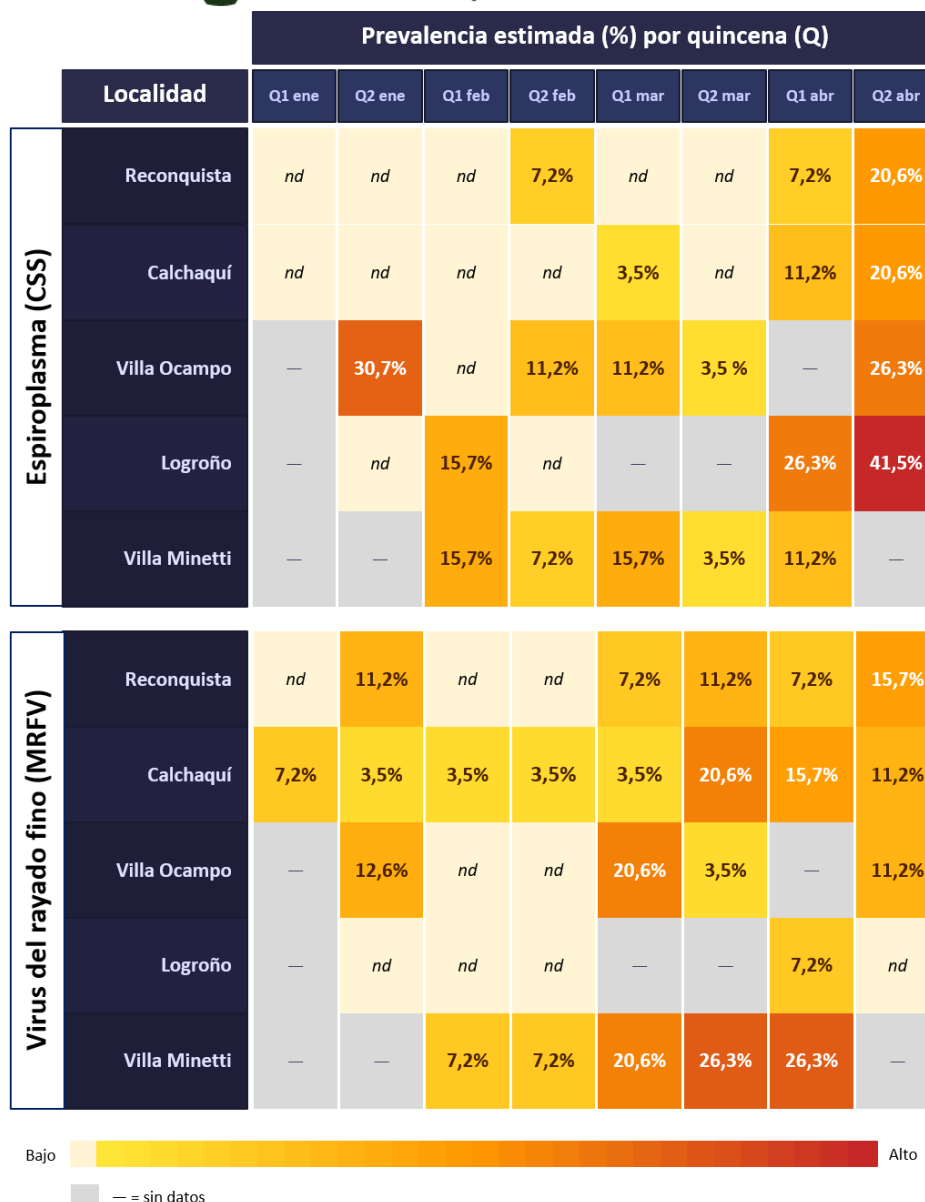


Figura 3. Prevalencia estimada de espiroplasma (CSS) y virus del rayado fino del maíz (MRFV) en poblaciones de *Dalbulus maidis* durante el período enero–abril de 2026 en cinco localidades del norte de Santa Fe. La prevalencia se estimó mediante PCR a partir de *pools* de tres individuos, realizando diez reacciones por sitio y fecha de muestreo. Los valores se expresan en porcentaje de prevalencia estimada a nivel poblacional a partir de la proporción de *pools* positivos. Los casos “nd” corresponden a muestras analizadas sin detección del patógeno, mientras que los símbolos “—” indican ausencia de capturas del vector.

Al analizar conjuntamente la abundancia del vector y la prevalencia estimada de patógenos, no se observó una relación directa entre ambas variables (Figura 4). En particular, los períodos iniciales con baja abundancia y presencia discontinua del vector mostraron una mayor variabilidad en las estimaciones de prevalencia, mientras que durante los picos poblacionales las estimaciones resultaron más estables. Este patrón evidencia una relación positiva entre la abundancia del vector y la precisión de las

estimaciones epidemiológicas, las cuales mejoran conforme aumenta el tamaño poblacional de *D. maidis*. Asimismo, la ausencia de correspondencia entre los máximos de abundancia y los valores de prevalencia indica un desacople temporal entre la actividad del vector y su condición infectiva, lo que podría estar asociado tanto a procesos de dilución poblacional como a los tiempos biológicos requeridos para la adquisición y transmisión de los patógenos. En conjunto, estos resultados evidencian la necesidad de interpretar la dinámica de infección en un marco integrador que contemple simultáneamente la disponibilidad del vector, su estructura poblacional y las limitaciones propias del esquema de muestreo.

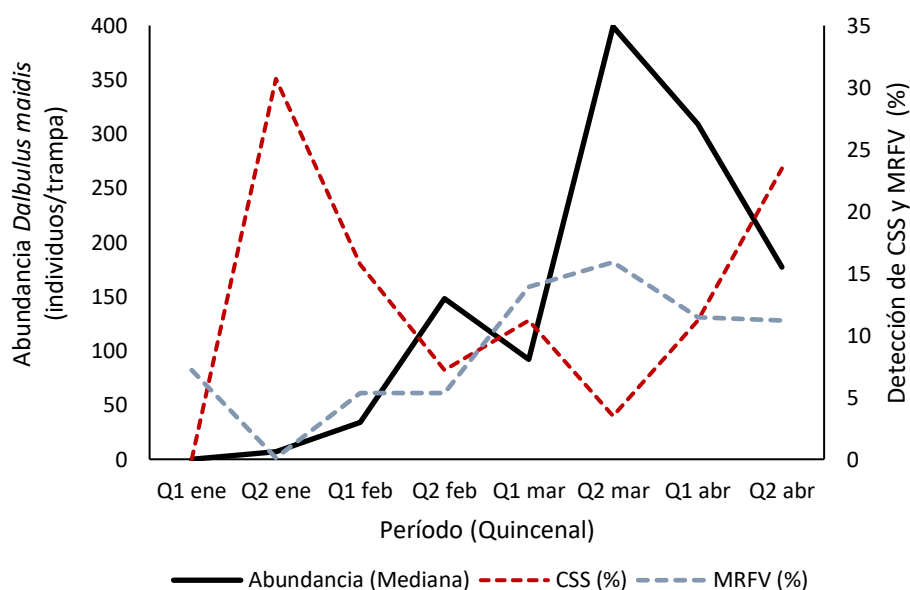


Figura 4. Relación entre la abundancia de *Dalbulus maidis* y la detección de patógenos durante el período enero–abril de 2026. La abundancia se expresa como la mediana de individuos capturados por trampa en cada período quincenal, mientras que la detección de Espiroplasma (CSS) y Virus del Rayado Fino (MRFV) se presenta como la mediana de la prevalencia estimada en porcentaje de *pools* positivos entre las localidades analizadas. El eje izquierdo corresponde a la abundancia (individuos por trampa) y el eje derecho a la detección de patógenos (%).

Discusión

Los resultados obtenidos evidencian que la dinámica de *Dalbulus maidis* en el norte de Santa Fe está fuertemente condicionada por la fenología del cultivo, mostrando un incremento sostenido de la actividad del vector a medida que aumenta la disponibilidad de hospedantes en estadios vegetativos avanzados y reproductivos (Moya-Raygoza, 2026; Oliveira et al., 2022). En este sentido, el uso de trampas amarillas permitió capturar de manera consistente los cambios en la presión vectorial, integrando no solo la abundancia sino también la movilidad de los individuos en el agroecosistema.

La marcada asincronía fenológica observada entre localidades constituye un elemento clave para interpretar la dinámica poblacional del vector. La coexistencia de lotes en distintos estadios de desarrollo genera un mosaico espacial que favorece la

persistencia y dispersión de *D. maidis* a escala regional, particularmente en sistemas con fechas de siembra escalonadas (Silva et al., 2026). Este patrón refuerza la idea de que el vector no responde únicamente a condiciones locales, sino también a la estructura del paisaje agrícola en su conjunto (Jones et al., 2020).

En contraste con la dinámica de abundancia, la prevalencia estimada de patógenos mostró un comportamiento más complejo y variable en el tiempo. La mayor dispersión observada en los períodos iniciales responde en gran medida a la baja abundancia o ausencia del vector. A medida que la población de *D. maidis* aumenta, estas estimaciones se vuelven más robustas, permitiendo una interpretación más consistente de la dinámica de infección.

El desacople observado entre los picos de abundancia del vector y la prevalencia estimada de patógenos constituye uno de los resultados más relevantes del estudio. Este patrón sugiere que la dinámica epidemiológica no depende exclusivamente de la densidad poblacional del vector, sino también de su condición infectiva y de los procesos biológicos asociados a la transmisión, tales como los períodos de adquisición y latencia. Asimismo, durante fases de crecimiento poblacional acelerado, podría producirse un efecto de dilución, en el que el ingreso de individuos no infectados reduce la proporción relativa de vectores portadores.

Las diferencias observadas entre CSS y MRFV refuerzan la idea de que cada patógeno presenta una dinámica propia dentro del complejo, posiblemente asociada a variaciones en su eficiencia de transmisión, persistencia en el vector o patrones de circulación en el sistema productivo (Jones et al., 2020; Oliveira et al., 2023). Este aspecto resalta la necesidad de abordar el estudio epidemiológico de manera diferenciada para cada agente causal. Desde el punto de vista aplicado, los resultados indican que el monitoreo basado exclusivamente en la abundancia del vector puede resultar insuficiente para caracterizar el riesgo sanitario. Estudios recientes de infectividad natural muestran que el riesgo epidemiológico no siempre coincide con la abundancia del vector (Oliveira et al., 2023). La incorporación de herramientas de diagnóstico molecular, como la PCR en *pools*, junto con el seguimiento de la fenología del cultivo, permite una aproximación más integral al sistema, aunque requiere una interpretación cuidadosa en función del diseño muestral.

En conjunto, este trabajo pone de manifiesto que el riesgo epidemiológico del complejo de achaparramiento emerge de la interacción no lineal entre la actividad del vector, su condición infectiva y la fenología del cultivo. Como perspectiva, resulta prioritario avanzar en el desarrollo de sistemas de monitoreo integrados y modelos predictivos que permitan anticipar períodos críticos de riesgo en escenarios productivos reales. Asimismo, profundizar en la estimación de prevalencia a partir de datos agrupados y en los patrones de movimiento del vector a escala regional permitirá mejorar la precisión de las evaluaciones epidemiológicas y fortalecer las estrategias de manejo del cultivo.

Referencias

Gayeb E.S.; Albuquerque M.R.M.; Ferreira J.; Campos do Nascimento S.; da Silva T.; Savaris D.M.; Prado Ribeiro L.; Canale M.C.; da Silva F.N., 2023, Nucleic acid extraction and multiplex analysis for simultaneous detection of the corn stunt complex pathogens in plant and insect tissues. Trop. plant pathol. 48, 97–103.



50 AÑOS
PENSANDO
EL FUTURO

XIII
CONGRESO
NACIONAL
DE MAÍZ

- Jones T.L., Medina R.F., 2020. Corn Stunt Disease: An Ideal Insect–Microbial–Plant Pathosystem for Comprehensive Studies of Vector-Borne Plant Diseases of Corn. *Plants*, 9(6), 747.
- Moya-Raygoza G., 2026, Current review of *Dalbulus maidis* (Hemiptera: Cicadellidae): an important leafhopper pest on maize throughout the Americas. *Ann. Entomol. Soc. Am.* 119, 13–24.
- Oliveira C.M.; de Oliveira Sabato E.; Barros B.A., 2023, Natural infectivity of *Dalbulus maidis* populations and incidence of corn stunt and virus diseases in maize over time. *Trop. plant pathol.* 48, 575–580.
- Oliveira C.M.; Frizzas M.R., 2022, Eight Decades of *Dalbulus maidis* (DeLong & Wolcott) (Hemiptera, Cicadellidae) in Brazil: What We Know and What We Need to Know. *Neotrop Entomol*, 51, 1–17.
- Silva A.N.; Possebon S.B.; Soares E.F.; Veiga J.D.; Kramer B.F.; Wagner T.; Andrade J.D.; Floriano R.D., 2026, Corn leafhopper (*Dalbulus maidis*): phytosanitary importance, epidemiology and management. *Artefactum - revista de estudos interdisciplinares*, 25 (1), 1-14.
- Toloy R.S.; Nose N.P.; Giongo M.V.; Cangussu A.S.R.; Campos F.S.; Ootani M.A.; Ribeiro J.M.; Aguiar R.W.S.; Viteri Jumbo L.O.; Oliveira E.E.; Santos G.R., 2024, Exploring Natural Infection in Alternative Hosts of Corn Stunt Spiroplasma and Tracking the Temporal Dynamics of Corn Stunt Disease in the Brazilian Cerrado Biome. *Agronomy*, 14(10), 2341.

Apoyo financiero

-Proyecto Estructural INTA: Manejo Integrado de Plagas. Código: 2023-PE-L04-I019 – Tecnología producción y Valor Agregado cadenas origen vegetal Santa Fe