

Diagnóstico y variabilidad genética del virus de la hoja blanca en arroceras de la provincia del Guayas

PROBLEMA

La expansión del virus de la hoja blanca del arroz (RHBV), representa una amenaza creciente para la producción arroceras en las provincias de Guayas y Los Ríos, generando pérdidas productivas y riesgo para la seguridad alimentaria nacional.

PROPUESTA

Área de estudio

Se muestrearon 17 fincas distribuidas en Guayas y Los Ríos.

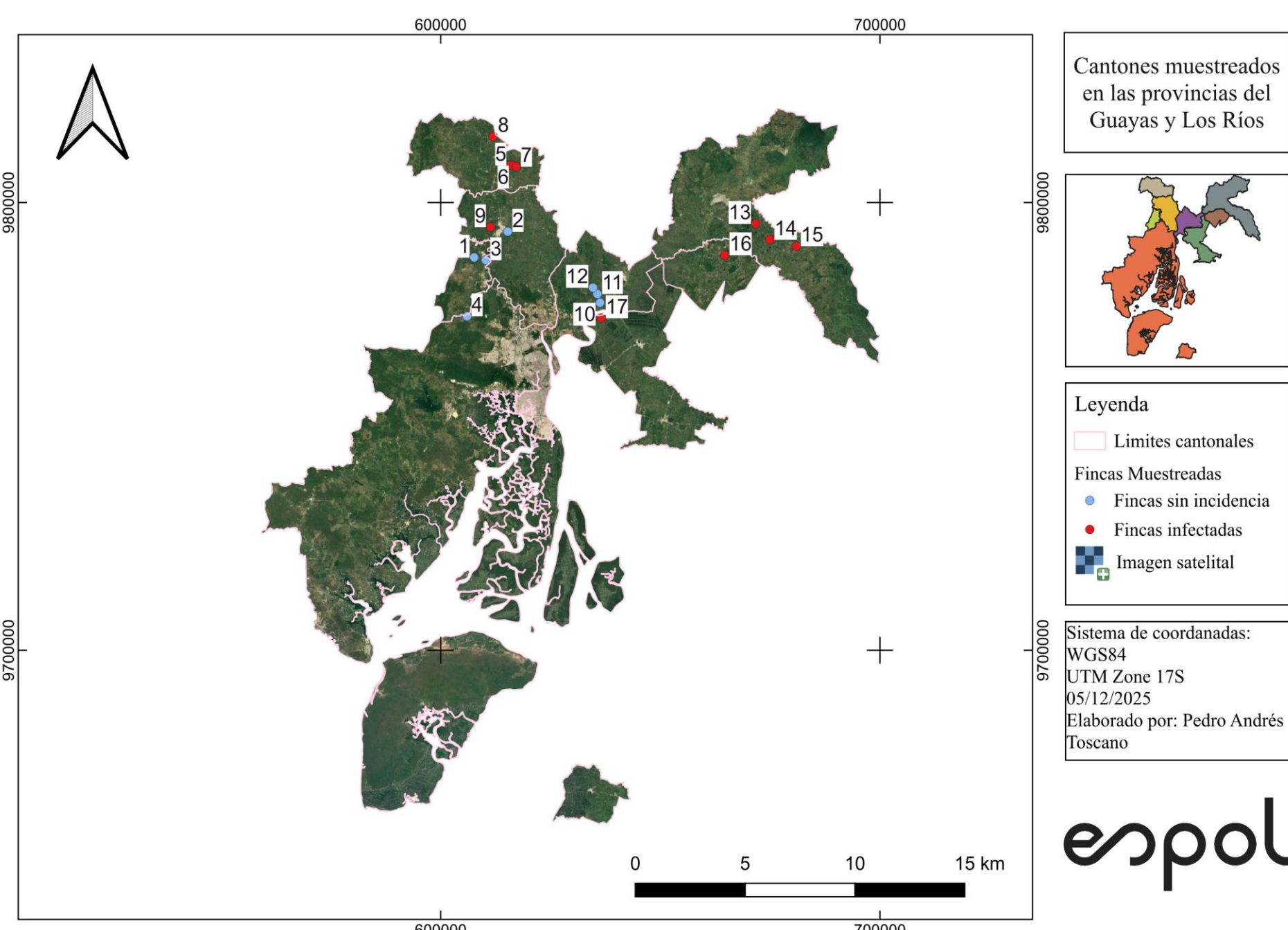
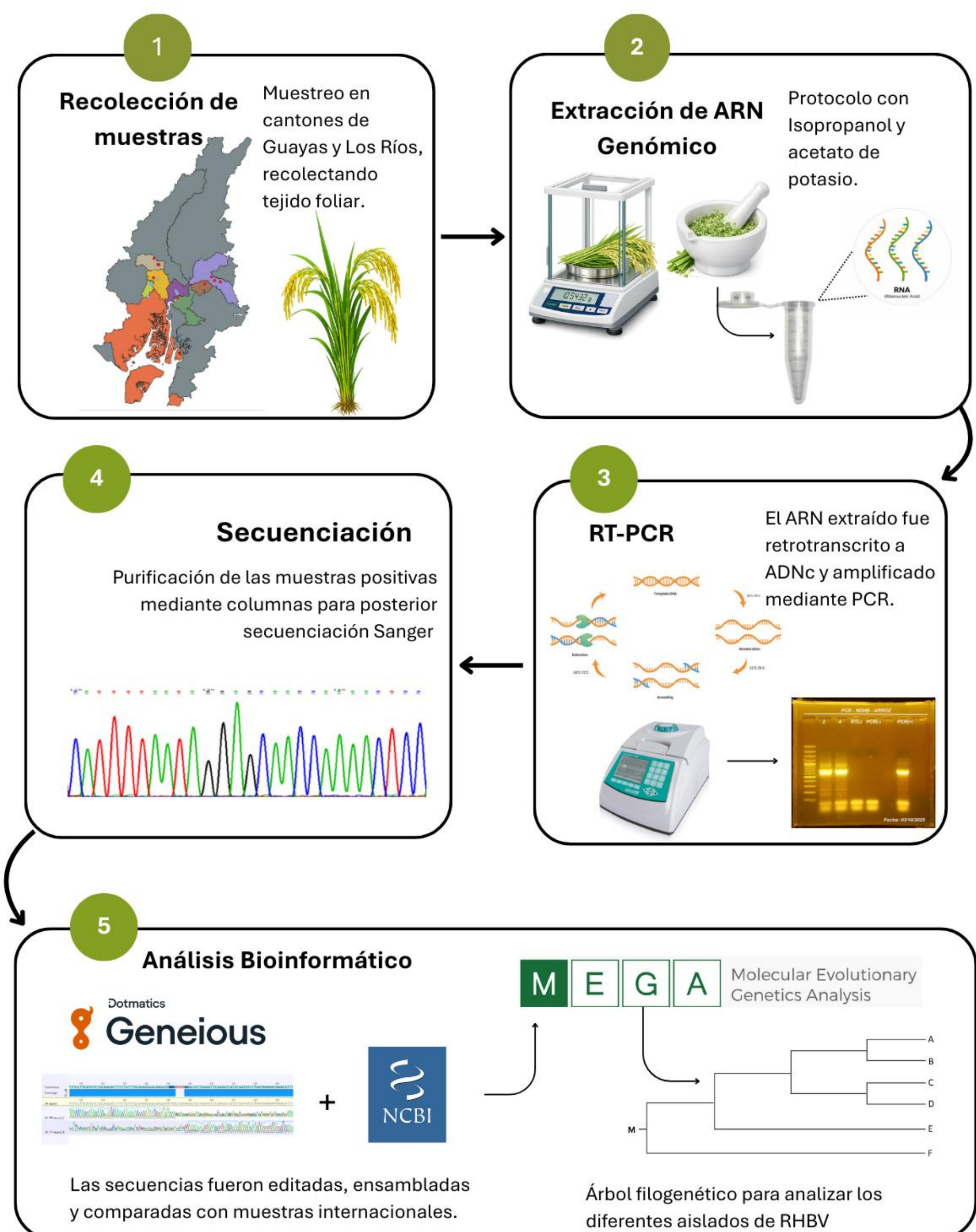


Figura 1. Mapa de fincas muestreadas.



CONCLUSIONES

- La evidencia filogenética demuestra que el RHBV presenta una estructura genética estable a nivel nacional.
- El RHBV mostró una distribución geográfica heterogénea, con mayor detección en Babahoyo, Alfredo Baquerizo Moreno y Santa Lucía, sin depender de la proximidad cantonal, sugiriendo otros factores como el movimiento del vector o de material infectado.
- El protocolo de detección se realizó de manera eficiente, constituyendo un método de diagnóstico rápido y confiable para la identificación del virus.

OBJETIVO GENERAL

Determinar la presencia del virus de la hoja blanca a partir de muestras foliares de arroz mediante la aplicación de técnicas moleculares.

RESULTADOS

El RHBV está compuesto por cuatro segmentos de ARN:

ARN1, replicación viral; **ARN2**, glucoproteína de membrana; **ARN3**, supresor del silenciamiento de ARN; y **ARN4**, proteína no estructural (NS4).

Segmento 3

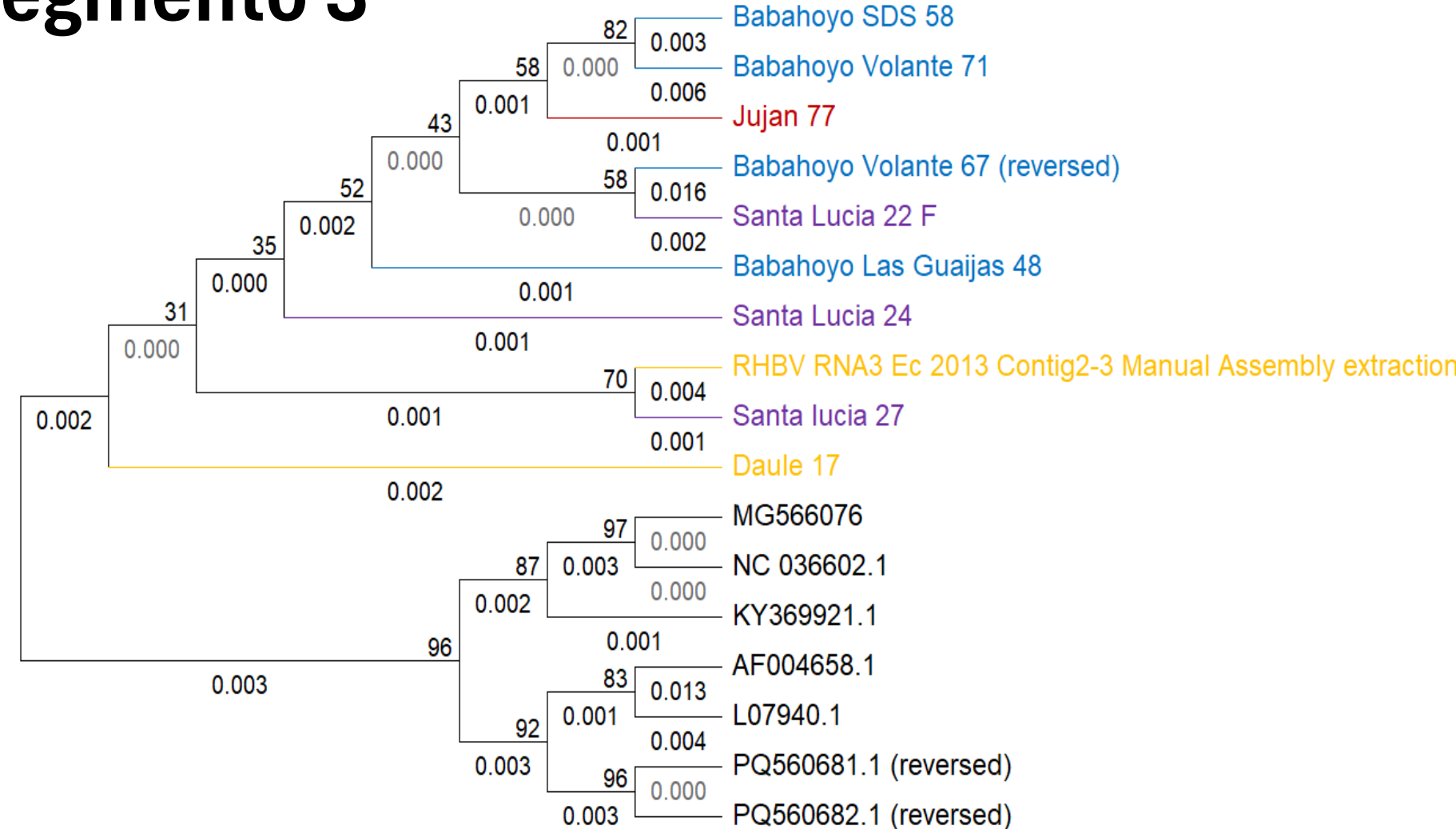


Figura 2. Árbol filogenético de secuencia 3 de RHBV.

Los aislamientos nacionales se agrupan en su mayoría en un clado principal con ramas cortas mostrando una alta similitud genética.

Segmento 4

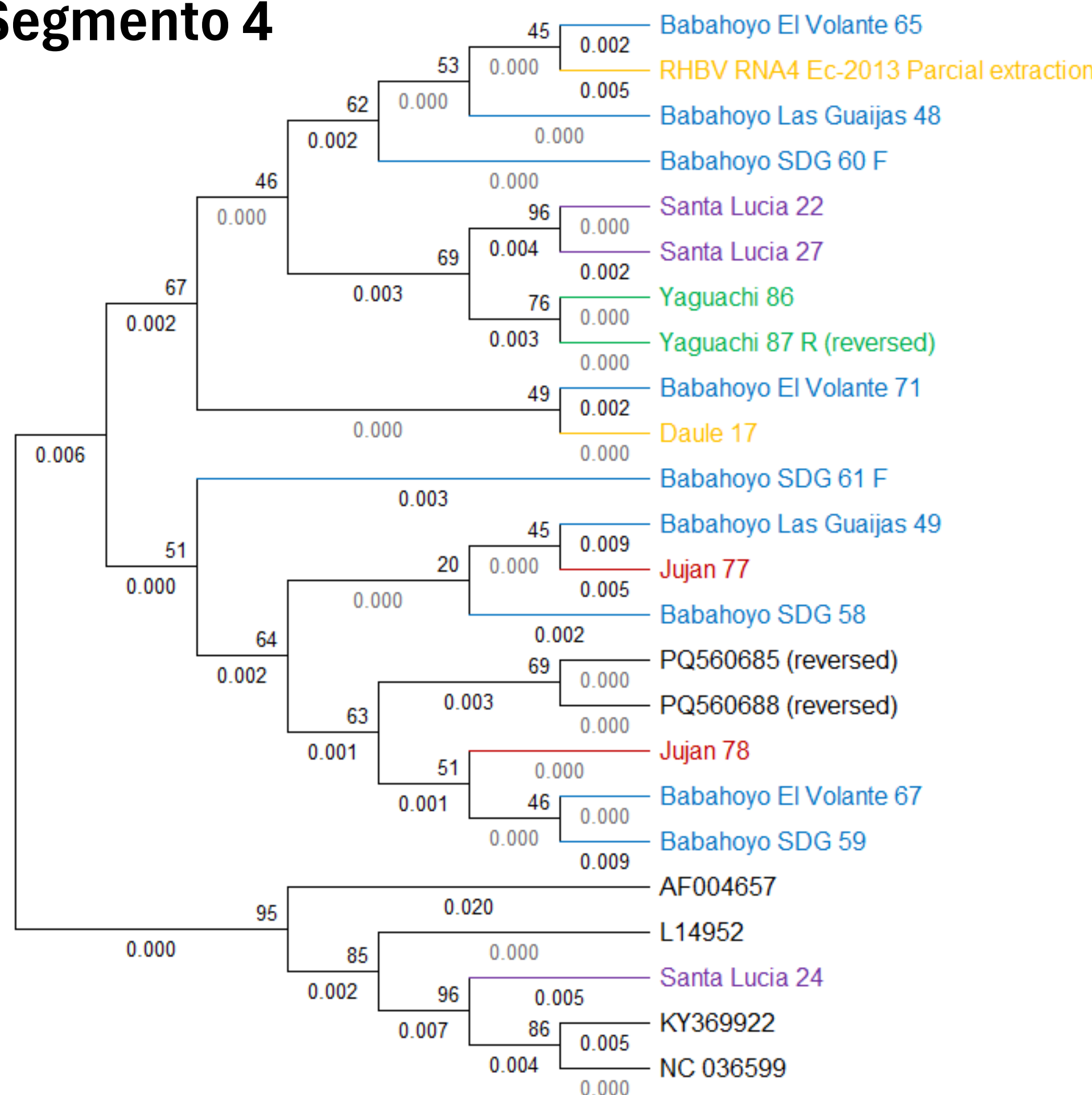


Figura 3. Árbol filogenético de secuencia 4 de RHBV.

Las muestras nacionales mostraron una estructura filogenética heterogénea, con subclados bien definidos y longitudes de ramas variables.