# FENOTIPADO DE UNA POBLACIÓN RILS PARA LA RESISTENCIA A FUSARIUM OXYSPORUM F.SP. MELONIS RAZA 1,2 EN MELÓN (CUCUMIS MELO L.)

### R. Botet, J.M. Álvarez, A. Garcés-Claver

Unidad de Hortofruticultura. Centro de Investigación y Tecnología Agroalimentaria de Aragón. Avda Montañana 930, 50059, Zaragoza.

Palabras clave: fusariosis, patotipo Y, patotipo W, RIL

## INTRODUCCIÓN

El melón (Cucumis melo L.) es una planta herbácea anual propia de climas tropicales secos y de áreas templadas. Pertenece a la familia de las cucurbitáceas y tiene una gran importancia económica a nivel mundial. La fusariosis vascular del melón, causada por el hongo Fusarium oxysporum f. sp. melonis (Fom), es una de las enfermedades más importantes que afectan a este cultivo y está ampliamente extendida a nivel mundial. Un control efectivo sólo puede proporcionarlo la resistencia genética. Actualmente, hay descritas cuatro razas fisiológicas de Fom: 0, 1, 2, y 1,2. La resistencia a las razas 1 y 2 está conferida respectivamente por los genes dominantes Fom-2 y Fom-1; ambos genes también controlan la resistencia a la raza 0, mientras que la resistencia a la raza 1,2 parece tener un control poligénico (Chikh-Rouhou et al., 2011). En la raza 1,2 se distinguen, según el tipo de síntomas que causan en el melón, el patotipo Y (que causa amarilleamiento) y el patotipo W (que causa marchitez sin previo amarilleamiento). Trabajos previos han detectado un cultivar portugués del tipo cantalupensis (BG-5384) que muestra un alto nivel de resistencia a la raza 1,2 de Fom (Chikh-Rouhou et al., 2010) La utilización de este genotipo BG-5384 como parental de una población sería de gran interés para estudiar a nivel molecular la resistencia a esta raza. El objetivo de este trabajo fue realizar el fenotipado de una población de RILs, construida a partir del cruce BG-5384 x Piel de Sapo, para la resistencia a la raza 1.2 de Fom.

### MATERIAL Y MÉTODOS

Se ha obtenido una población de 117 RILs (F7) a partir del parental de interés 'BG-5384' (con resistencia a la raza 1,2) y la variedad 'Piel de Sapo' (susceptible).

Para el fenotipado de esta población se han utilizado dos aislados de *Fusarium oxysporum* f. sp. *melonis*, uno perteneciente al patotipo Y y otro al W, y dos ambientes distintos, cámara climática con una temperatura constante de 26 °C, 16 horas de luz y 8 de oscuridad, e invernadero durante los meses de junio y julio. Para cada ambiente y con cada patotipo se analizaron 10 plantas por RIL.

Las inoculaciones artificiales se realizaron mediante inmersión de las bandejas con las plantas a inocular (Oumouloud et al., 2012), en el estado de 2 cotiledones extendidos, en una solución de 3 x 10<sup>6</sup> conidios / mL. La severidad de los síntomas se evaluó semanalmente, durante cuatro semanas de acuerdo con una escala de 1 (ausencia de síntomas) a 5 (planta muerta). A partir de estos datos se calculó el valor del Área Bajo la Curva de Progreso de la Enfermedad (AUDPC), que combina la gravedad de síntomas con el tiempo de aparición de los mismos (Perchepied y Pitrat, 2004).

Los datos fueron analizados estadísticamente con el software GenStat 10th Edition (VSN International Ltd).

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En relación al fenotipado se determinó un rango de valores para el AUDPC para el patotipo Y de 1,1 a 36,7 en cámara climática y de 0,0 a 42,0 en invernadero. Para el patotipo W los rangos determinados fueron de 0,6 a 44,0 en cámara y de 0,0 a 43,4 en invernadero.

Los valores fenotípicos no presentaron una distribución normal por lo que fueron analizados según estadísticos no paramétricos. Los resultados obtenidos pusieron de manifiesto que mientras para el ambiente (cámara/invernadero) existían diferencias significativas, para el patotipo (Y/W) la diferencia no era significativa. Existe una interacción patotipo x ambiente, lo que confirma los resultados presentados por Oumouloud et al. (2013).

Los resultados obtenidos servirán, junto a los que se obtengan del genotipado de dicha población para la construcción de un mapa genético y la posterior identificación de QTL asociados a este carácter. La identificación de marcadores ligados a los genes de resistencia supondrá un avance en los programas de mejora para la resistencia a esta enfermedad.

## **AGRADECIMIENTOS**

Esta investigación ha sido financiada por el proyecto AGL2011-29516-C02-01 y por el Grupo de Investigación A16 del Gobierno de Aragón.

## REFERENCIAS

- Chikh-Rouhou, H., González-Torres, R., Alvarez, J. M., Oumouloud, A. 2010. Screening and morphological characterization of melons for resistance to Fusarium oxysporum f. sp. melonis race 1.2. HortScience, 45(7): 1021-1025.
- Chikh-Rouhou, H., Gonzalez Torres, R., Oumouloud, A., Alvarez, J.M., 2011. Inheritance of race 1.2 Fusarium wilt resistance in four melon cultivars. Euphytica 182: 177-186.
- Oumouloud, A., González Torres, R., Garcés-Claver A., Chikh-Rouhou, H., Alvarez, J.M. 2013. Differential response of *Cucumis melo* to *Fusarium oxysporum* f. sp. *melonis* race 1.2 isolates. Crop Protection 44: 91-94.
- Perchepied, L. y Pitrat, M. 2004. Polygenic inheritance of partial resistance to *Fusarium oxysporum* f. sp. *melonis* race 1.2 in melon. Phytopathology 94 (12):1331-1336.