

Incidencia de especies de hongos de suelo patógenos en distintas áreas productoras de melón y sandía en España

Ana Garcés-Claver¹, Ana Pérez-de-Castro², María López-Martín², Belén Picó², María Luisa Gómez-Guillamón³, Vicente González¹

¹ Centro de Investigación y Tecnología Agroalimentaria de Aragón, Instituto Agroalimentario de Aragón IA2 (CITA-Universidad de Zaragoza), Zaragoza

² Instituto de Conservación y Mejora de la Agrodiversidad (COMAV), Universitat Politècnica de València, Valencia

³ Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea La Mayora (UMA-CSIC), Algarrobo-Costa, Málaga

Autor para correspondencia: agarc@cita-aragon.es

Palabras Clave:

Hongos de suelo, melón, patógenos, sandía

RESUMEN:

El rendimiento de los cultivos de sandía (*Citrullus lanatus* (Thunb.) Matsum. & Nakai) y melón (*Cucumis melo* L.) se ve afectado por importantes enfermedades causadas por hongos de suelo. El desarrollo de estrategias eficaces para el control de estas enfermedades empieza por la identificación de los patógenos asociados a estos cultivos, de manera que podamos tener una imagen actual de la incidencia real de estas enfermedades en nuestro país y, en base a ella, abordar los programas de mejora y el control integrado. En este trabajo presentamos los resultados obtenidos en muestreos de plantas sintomáticas realizados en 2018 y 2019 en las principales zonas productoras españolas de melón y sandía. El aislamiento, cultivo y posterior caracterización morfológica y molecular de los aislados fúngicos nos permitió identificar hasta un total de 570 aislados. Como se esperaba, *Fusarium oxysporum*, uno de los principales agentes causales de la fusariosis vascular, fue identificado en un gran porcentaje. También se obtuvieron altas incidencias de las especies del complejo *F. solani*, especialmente *Neocosmospora falciforme*, seguida por *N. keratoplastica*, descritos recientemente en España. Otra especie aislada con gran incidencia fue *Macrophomina phaseolina*, causante de la podredumbre carbonosa, con presencia masiva en casi todas las zonas muestreadas y en menor medida táxones como *Monosporascus cannonballus*, *Plectosphaerella cucumerina*, *Rhizoctonia solani* o *Geotrichum candidum*. La gran colección de aislados nacionales de *N. falciforme* y *M. phaseolina* generada nos permitirá evaluar la diversidad de estos patógenos en cuanto a sus perfiles de virulencia y estructura genética.

FINANCIACIÓN:

Este trabajo se financió con AGL2017-85563-C2-1/2 y PID2020-116055RB-C22/C21 y en parte por el FEDER.