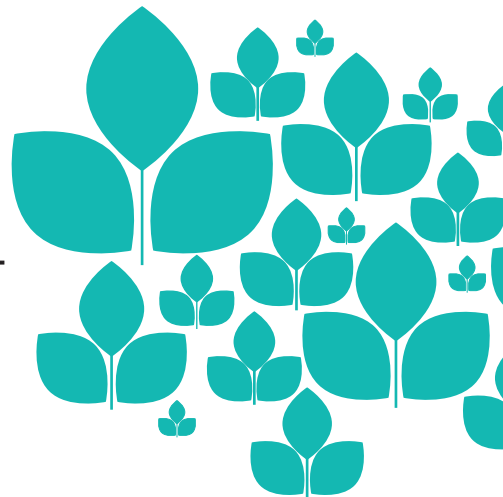




CONGRESO NACIONAL de MEJORA de GENÉTICA de PLANTAS

2022

pontevedra
19 - 22 set | pazo da cultura



Libro de Resúmenes

organizan



colaboran



patrocina



Aislamiento e identificación de bacterias endófitas para el control biológico de hongos fitopatógenos del melón.

Ana Garcés-Claver^{1*}, Carmen Julián¹, Belén Picó², Clara Pérez Moro², Gorka Perpiñá Martín², Vicente González¹

¹Centro de Investigación y Tecnología Agroalimentaria de Aragón, Instituto Agroalimentario de Aragón—IA2 (CITA-Universidad de Zaragoza), 50059 Zaragoza, España

²Instituto de Conservación y Mejora de la Agrodiversidad (COMAV), Universitat Politècnica de València, Camino de Vera, 46022 Valencia, España

*Autor para correspondencia: agarces@cita-aragon.es

Palabras Clave: bacterias antagonistas, *Cucumis melo*, *Fusarium*, *Macrophomina*.

Resumen. Los hongos fitopatógenos del suelo, como los pertenecientes al complejo *Fusarium* o *Macrophomina phaseolina* (Tassi) Goid., son una amenaza real para la producción del cultivo del melón (*Cucumis melo* L.). En las actuales condiciones de emergencia de enfermedades o aumento de su incidencia, posiblemente debido a la mejora en la identificación de las enfermedades, al cambio de los sistemas de cultivo tradicionales o al cambio climático, la implementación de sinergias en el control de estas enfermedades permite enfrentarse más eficientemente a estas adversidades. En este contexto, la combinación del control biológico con el uso de cultivares resistentes es una alternativa altamente eficiente y sostenible. Esta aproximación ha llevado a la búsqueda de nuevos microorganismos antagonistas que sean efectivos en el control de estas enfermedades. En este trabajo se presenta el aislamiento e identificación de bacterias endófitas de tejidos de raíz y tallo de plantas de melón procedentes de dos zonas productoras en España. La selección de las zonas de muestreo se orientó para que las bacterias fueran nativas, es decir, que puedan actuar bajo las condiciones ambientales de cada región. Para el aislamiento, la parte inferior del tallo y la raíz fueron troceadas y desinfectadas en superficie. Posteriormente, los fragmentos fueron sembrados en pacas con medio PDA a 25 °C. Las colonias emergentes se purificaron y codificaron. Posteriormente, se extrajo el ADN de cada una de las cepas bacterianas que se utilizó para amplificar por PCR un fragmento de gen 16S del ARNr, el cual fue posteriormente secuenciado. Las secuencias obtenidas fueron comparadas con secuencias homólogas en la base de datos GenBank utilizando la herramienta BLASTn. De un total de 95 aislados bacterianos identificados molecularmente hasta el momento, se han caracterizado cepas pertenecientes a los géneros *Terribacillus* y *Paenibacillus*, junto con distintas especies del género *Bacillus* spp. Los resultados preliminares obtenidos son esperanzadores dado que se ha demostrado que estos géneros bacterianos contienen especies con un gran potencial para su empleo como antagonistas.

Agradecimientos: al proyecto PID2020-116055RB-C22 I+D+I financiado por MCIN/AEI/10.13039/501100011003 y al proyecto A11-20R financiado por el Gobierno de Aragón.