

Imen Mtar^{1,2}, Oreto Fayos^{1,2}, Carmen Julian¹, Vicente González³, Ana Garcés-Claver^{1,2}

¹ Centro de Investigación y Tecnología Agroalimentaria de Aragón (CITA), Avenida Montaña 930, 50059, Zaragoza.
² Instituto Mixto Agroalimentario de Aragón - IA2. CITA-Universidad de Zaragoza. C. de Miguel Servet, 177. 50013, Zaragoza.
³ Instituto de Ciencias Agrarias (ICA-CSIC), C. Serrano, 115 b, Chamartín, 28006 Madrid.

Las **cucurbitáceas** son una extensa familia de plantas que incluye cultivos de **gran importancia económica**, como el **melón** y la **sandía**. España es líder en la exportación de estos productos en la UE.



Su **producción** se ve gravemente **amenazada** por enfermedades causadas por **hongos del suelo**, y factores como el cambio climático y las prácticas agrícolas intensivas están aumentando su incidencia y severidad.

Identificar con precisión los agentes patogénicos y estudiar su diversidad es esencial para avanzar en la mejora genética de la resistencia a enfermedades en estos cultivos y en una producción más sostenible. A continuación, se explica el procedimiento.

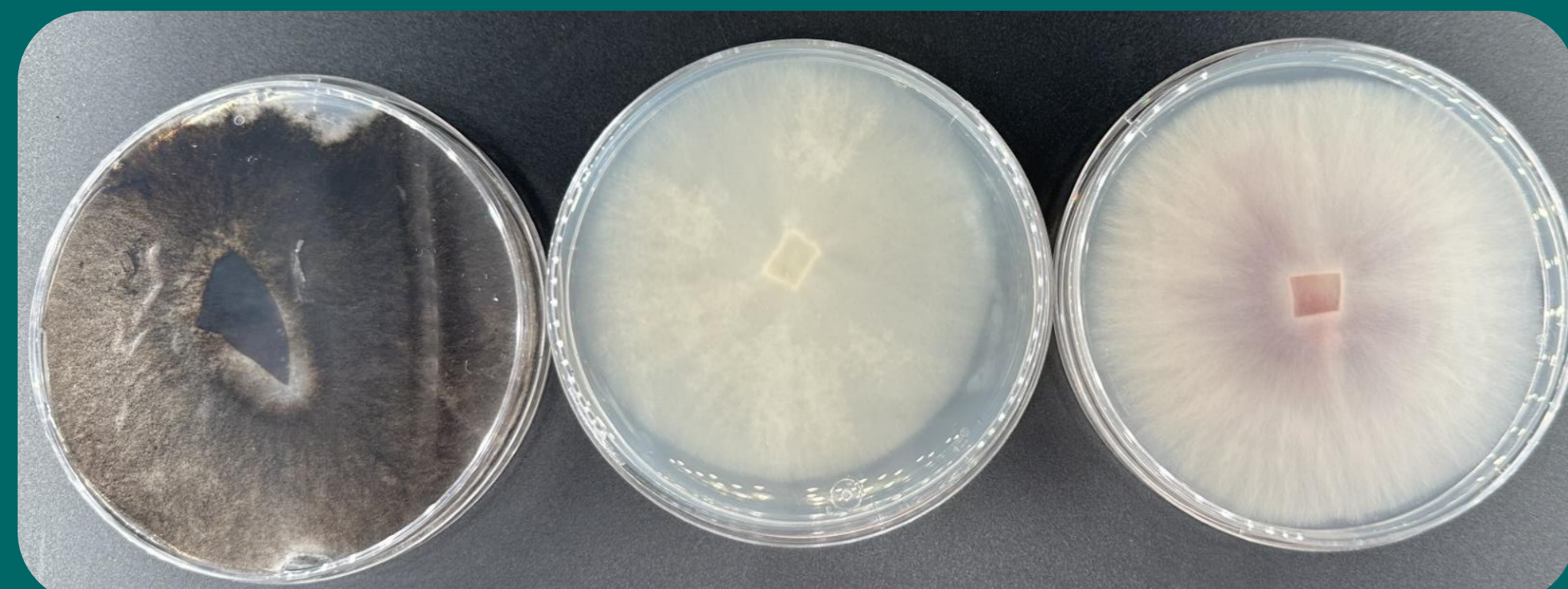
1 AISLAMIENTO AGENTES FÚNGICOS



Aislamiento de hongos a partir de tejidos infectados de plantas sintomáticas procedentes de 6 zonas de producción en España.

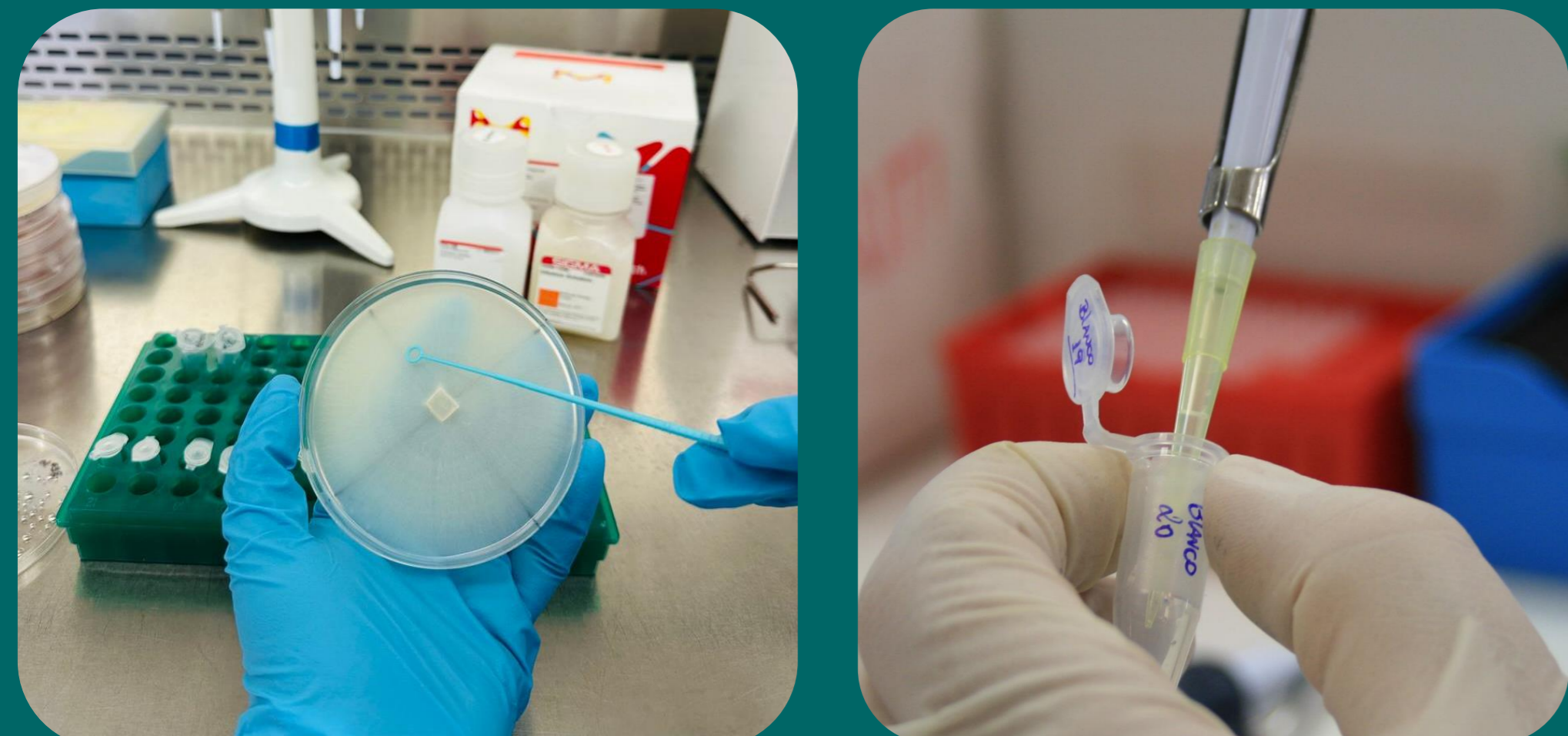


Desinfección de los tejidos vegetales y cultivo en medio PDA. Crecimientos fúngicos.

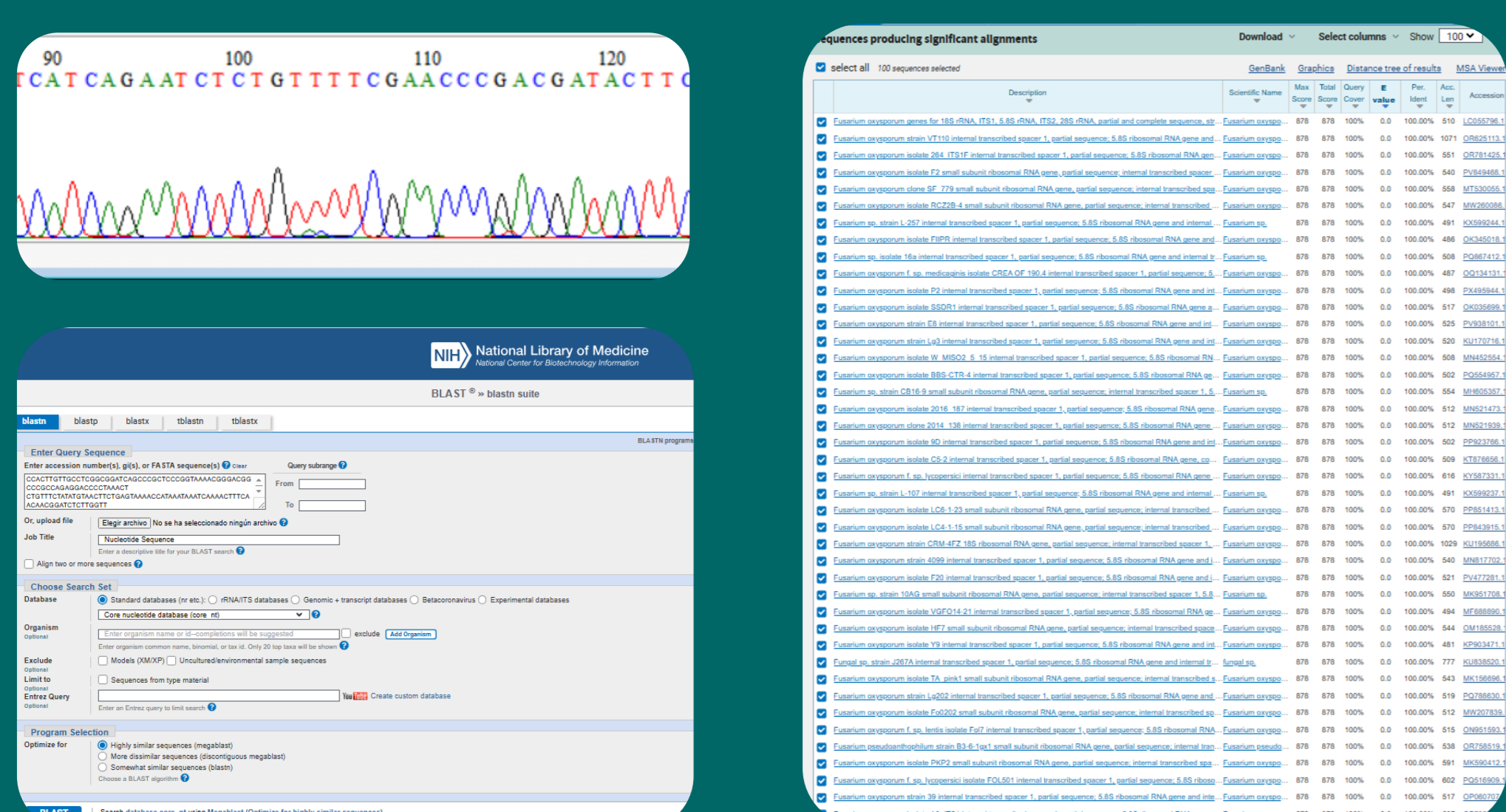


Subcultivo de colonias individuales hasta obtener un aislado fúngico puro.

2 IDENTIFICACIÓN MOLECULAR DEL GÉNERO / ESPECIE

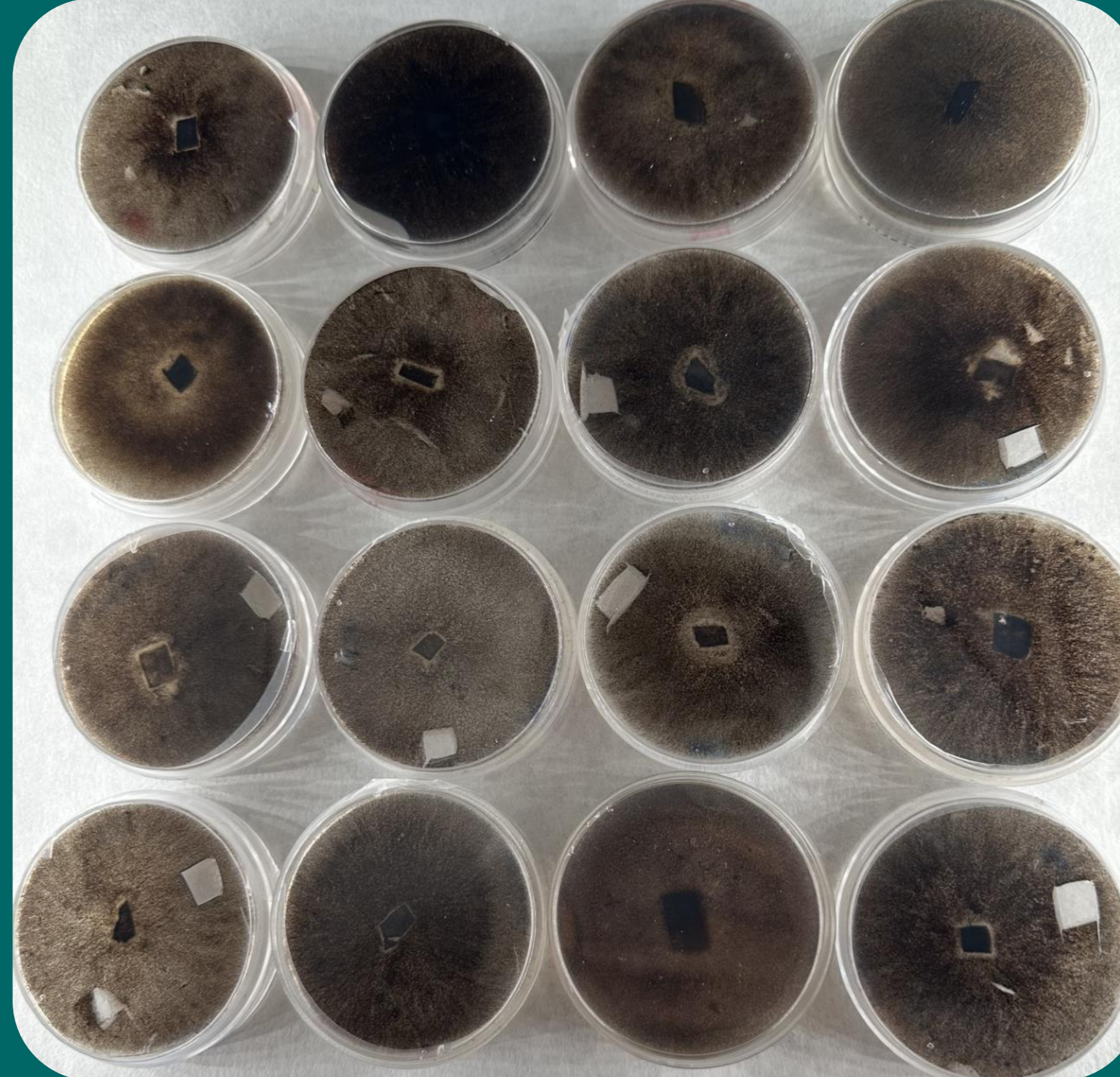


Extracción del ADN fúngico y amplificación del fragmento ITS1/ITS4 por PCR.

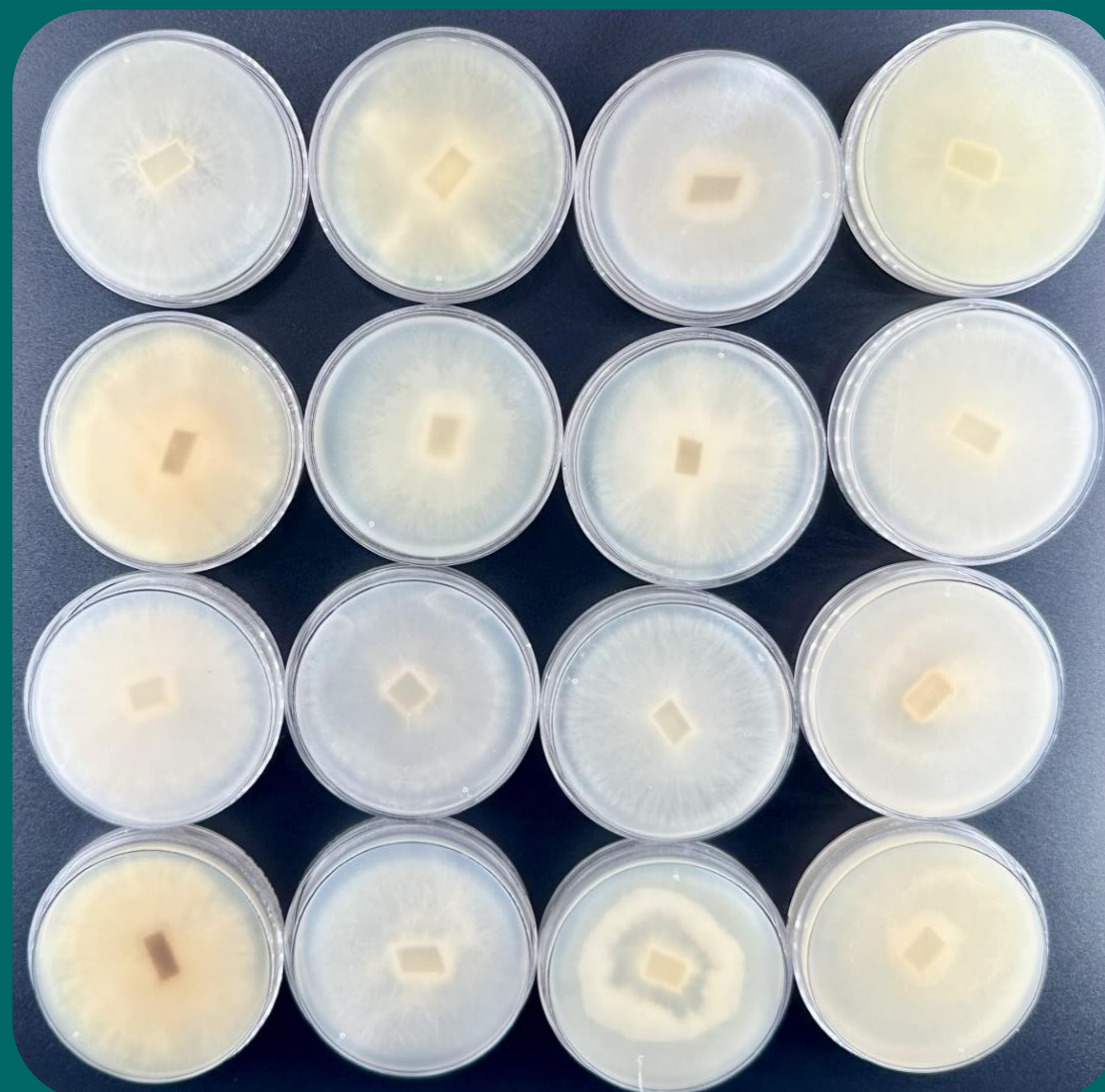


Obtención de la secuencia ITS mediante secuenciación Sanger. Identificación molecular del género o especie por homología (>98%) mediante análisis de alineamiento Blastn/NCBI.

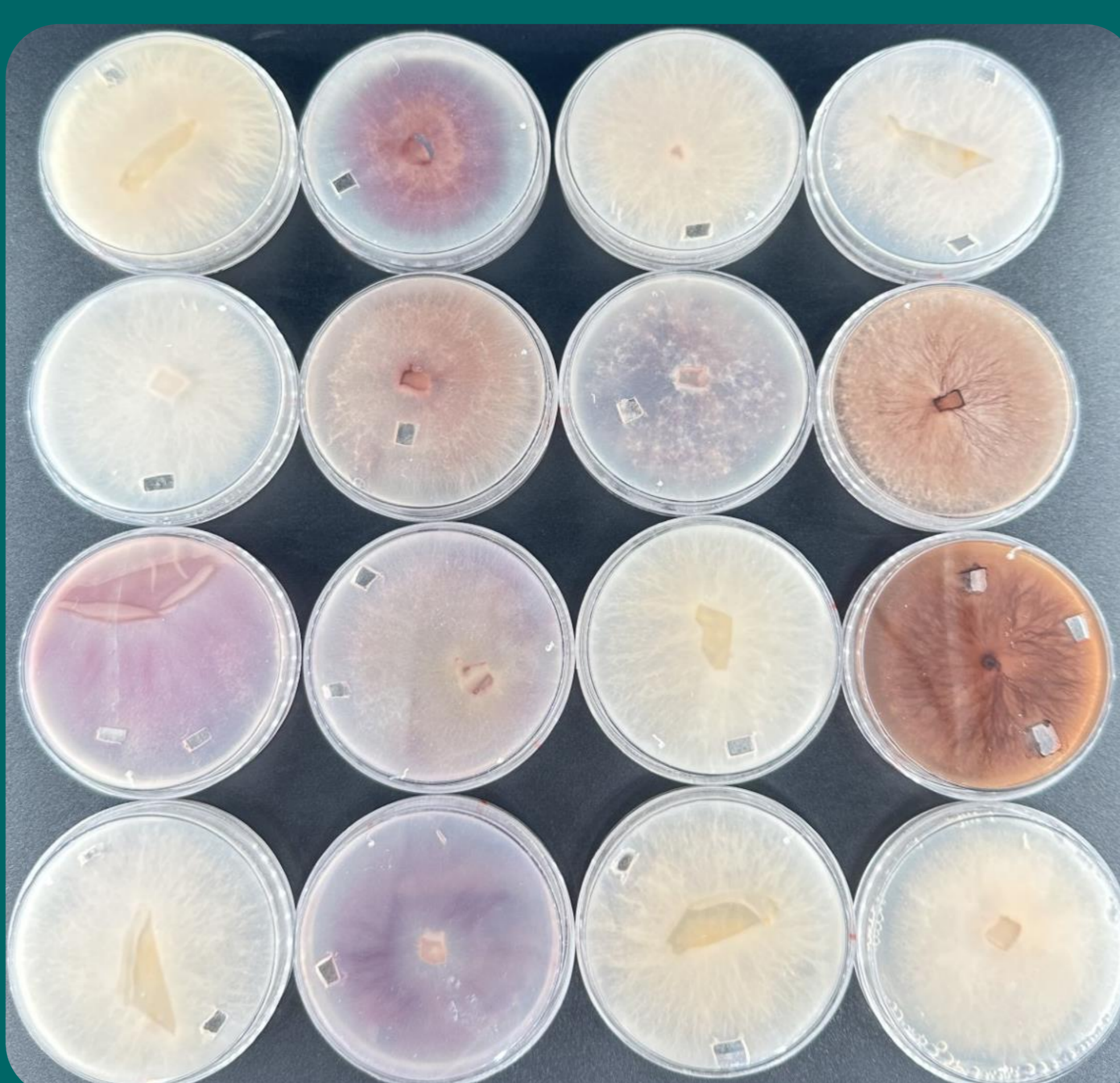
3 OBTENCIÓN DE COLECCIONES DE ESPECIES



Recopilación de una colección de **115** aislados de *Macrophomina phaseolina*. Conservación en micoteca. Depósito de secuencias en base de datos públicas como GenBank/NCBI.



Recopilación de una colección de **39** aislados de *Neocosmospora falciformis*. Conservación de aislados en micoteca. Depósito de secuencias en base de datos públicas como GenBank/NCBI.



Recopilación de una colección de **83** aislados de *Fusarium oxysporum*. Conservación de aislados en micoteca. Depósito de secuencias en base de datos públicas como GenBank/NCBI.

4 CARACTERIZACIÓN DE LA PATOGENICIDAD

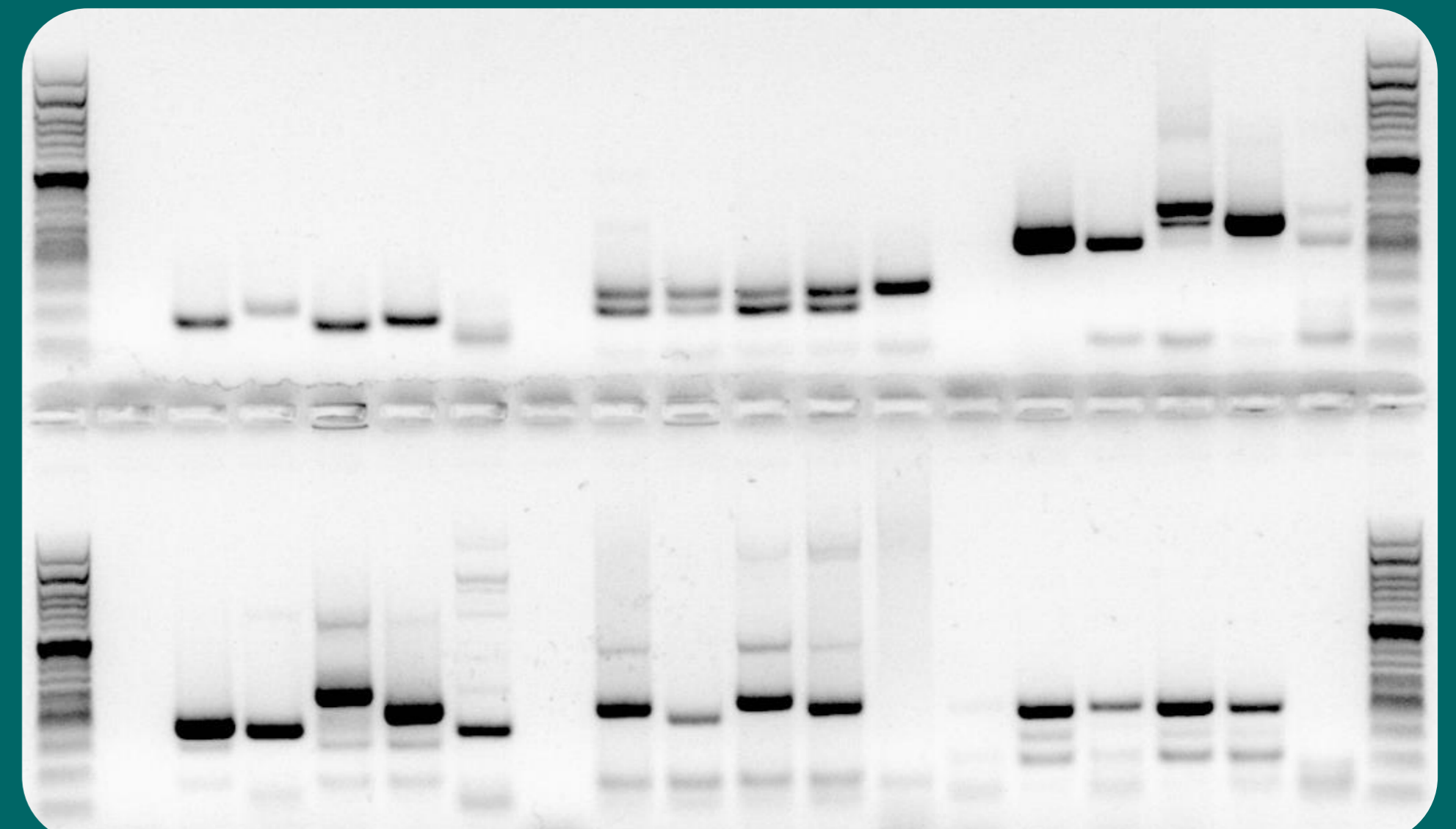


Inoculación de cultivares sensibles con los aislados recopilados mediante inmersión radicular.

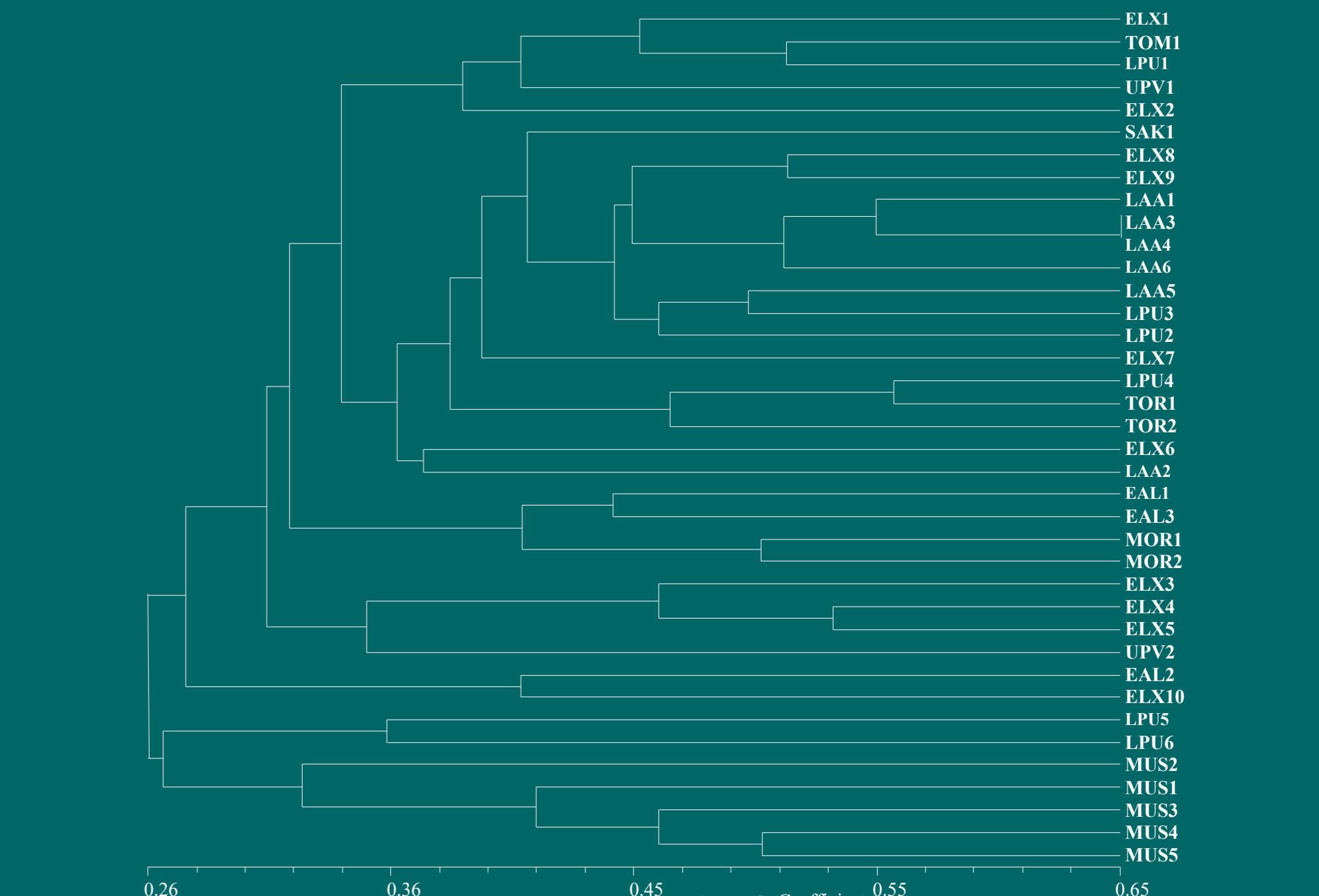


Determinación de la patogenicidad de cada aislado a través de una escala de sintomatología.

5 DIVERSIDAD GENÉTICA



Selección de marcadores moleculares polimórficos según especie y amplificación de fragmentos.



Análisis de la diversidad genética de las colecciones de aislados.