DETECCIÓN DE HONGOS FITOPATÓGENOS MEDIANTE TÉCNICAS MOLECULARES EN INVERNADEROS DE CULTIVO DE JITOMATE (Solanum lycopersicum L.) EN TLAXCALA, MÉXICO

Laura J. García-Barrera1,2\*, Stefani A. Meza-Zamora2, Raúl J. Delgado-Macuil2, Juan C. Noa-Carrazana 1\*\*.

1 Instituto de Biotecnología y Ecología Aplicada (INBIOTECA), Universidad Veracruzana,

Avenida de Las Culturas Veracruzanas 101, Xalapa CP 91090, Veracruz, Mexico.

2 Instituto Politécnico Nacional – Centro de Investigación en Biotecnología Aplicada. Ex-

Hacienda San Juan Molino Carretera Estatal Tecuexcomac-Tepetitla Km 1.5, Tlaxcala C.P.

90700, México.

\* laurajeannette@gmail.com; \*\*jnoa@uv.mx

La detección inequívoca de fitopatógenos presentes en el suelo es difícil de realizar con los

métodos convencionales. En contraste, con las tecnologías basadas en ADN es posible realizar una detección rápida y precisa de microorganismos presentes en el suelo, incluyendo patógenos de cultivos. El objetivo de este trabajo fue realizar un análisis metataxonómico de suelo de cultivo de jitomate (Solanum lycopersicum L.) bajo condiciones de invernadero para identificar la estructura poblacional de los hongos en el suelo. Las muestras se colectaron en dos invernaderos (A y B) en Tlaxcala, México, donde se han cultivado jitomates por al menos 5 años. Para el análisis de diversidad fúngica, se amplificó la región ITS1-2. La secuenciación masiva se realizó en un equipo PGM Ion Torrent y los datos se procesaron usando una línea de comando propias. El análisis metataxonómico1 identificó 194 y 395 especies en los invernaderos A y B respectivamente, entre las más abundantes se encuentran los fitopatógenos Fusarium oxysporum con abundancias relativas de 17.8 y 21.1 y Fusarium sp. con abundancias de 3.3 y 23.1 en los invernaderos A y B respectivamente. Esto sugiere que existe un alto potencial de infección para las plantas y que se requiere de un manejo adecuado para prevenir posibles enfermedades ocasionadas por hongos fitopatógenos del suelo. El uso de técnicas moleculares como herramienta de identificación molecular de patógenos de cultivos es una estrategia medular para el control y manejo de enfermedades que afectan el rendimiento y calidad de los cultivos.

**Palabras claves**: Diversidad fúngica, fitopatogenos del suelo, análisis metataxonómico.

**Referencias:** 1 Cox, J.W., Ballweg, R.A., Taft, D.H., Velayutham, P., Haslam, D.V., and Porollo, A. 2017. A fast and robust protocol for metataxonomic analysis using RNAseq data. Microbiome, 5, 7. https://doi.org/10.1186/s40168-016-0219-5.