

## OS-2

### ANÁLISIS RAPD EN POBLACIONES DE MILDIO DE GIRASOL (*Plasmopara halstedii*) RESISTENTES A MEFENOXAM

CORDÓN-TORRES, M.M.<sup>1</sup>, MELERO-VARA, J.M.<sup>1</sup>, MOLINERO-RUIZ, M.L.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Instituto de Agricultura Sostenible (IAS), CSIC, Apdo. 4084, 14080 Córdoba. E-mail: ag2morum@uco.es

El mildiu del girasol, causado por el oomiceto *Plasmopara halstedii*, puede afectar a más del 50% de las plantas si las condiciones para el desarrollo de la enfermedad son favorables (primaveras lluviosas con temperaturas frescas, humedad elevada en el suelo durante la nascencia). Los métodos habituales de lucha contra la enfermedad son la incorporación de genes de resistencia en el huésped, obteniéndose así híbridos genéticamente resistentes, y el tratamiento de semillas con fenilamidas. En España es obligatorio el tratamiento de todo el girasol que no sea resistente a mildiu con mefenoxam. No obstante, nuestro grupo ha identificado poblaciones del patógeno procedentes de distintas zonas de cultivo que presentan resistencia a la dosis comercial del fungicida (0.2 g m.a./100 g semilla). Además, los niveles de resistencia varían entre las poblaciones, y alguna de ellas presenta dosis efectivas al 50% (DE50) de 0.7. Sin embargo, como la resistencia a un fungicida es un carácter cualitativo, diferentes niveles de dicha resistencia deben de estar asociados a una diversidad genética intrapoblacional. Con el objetivo de demostrar dicha diversidad, se seleccionaron tres poblaciones con distintas DE50 y, en cada una de ellas, se obtuvieron tres subpoblaciones resistentes a tres dosis de mefenoxam. Las nueve muestras se amplificaron con 100 cebadores RAPD, de los que se seleccionaron 43 para una segunda amplificación. En función de la consistencia y nitidez de polimorfismos, se seleccionaron tres cebadores que se utilizaron para generar una matriz binaria combinada. Las similitudes genéticas entre muestras se calcularon con el coeficiente de similitud de Jaccard y se elaboró un dendograma de distancias matriciales con el método UPGMA. La fuerza de cada nodo del dendograma se calculó generando 100 repeticiones *bootstrap* de los datos. Los cebadores seleccionados amplificaron un total de 37 bandas polimórficas intensas y reproducibles. El dendograma resultado del análisis UPGMA diferenció dos grupos de muestras con un 20% de similitud entre ellos. En uno de ellos se agruparon todas las muestras obtenidas en plantas de girasol tratadas con las dos dosis más bajas de mefenoxam.