

DETECCIÓN MOLECULAR DEL VIRUS MARCHITEZ MANCHADA DEL TOMATE (TSWV) EN EL CULTIVO DE JITOMATE EN EL SUR DEL ESTADO DE MÉXICO

Guadalupe Ríos Domínguez¹, Martha Lidya Salgado Siclán¹, Carlos Aguilar Ortigoza¹, y Jesús G. Aquino Martínez².

¹Universidad Autónoma del Estado de México, ²Instituto de Investigación y Capacitación Agropecuaria, Acuícola y Forestal del Estado de México.

casiopea42@hotmail.com

En el Estado de México el cultivo de jitomate (*Solanum lycopersicum*) ha incrementado su potencial de producción en los últimos años. Sin embargo, la producción estatal ha tenido pérdidas económicas hasta del 70% por la presencia de enfermedades causadas por virus, entre los que se encuentran los pertenecientes al género *Tospovirus*. El Tomato Spotted Wilt Virus (TSWV), es un virus que pertenece a este grupo y ocasiona la enfermedad conocida como virus marchitez manchada del tomate. La incidencia y severidad de este virus se ha visto incrementada por la rápida y eficiente dispersión del vector así como por su amplia gama de hospederos. Es por ello que el objetivo de esta investigación fue el de identificar genotípicamente a TSWV y conocer mejor a la enfermedad en el sur del Estado de México. Se llevaron a cabo muestreos de cultivo de follaje de jitomate con síntomas referentes a virosis en los municipios de Ixtapan de la Sal y Villa Guerrero entre los meses de agosto y octubre de 2016. Se realizaron pruebas de ELISA para la identificación del virus, se extrajo el RNA de 23 muestras para llevar a cabo la síntesis de cDNA y su correspondiente PCR, usando los primers TSWV 709/TOS R15 sugeridos por Uga y Tsuda (2005), con un amplicon de 709 pb. Los productos de PCR fueron visualizados en un gel de agarosa al 1.5%, secuenciados, editados y comparados en la base de datos del NCBI. Los árboles filogenéticos fueron creados con los programas bioinformáticos BIOEDIT y PAST s múltiples con Clustal W, utilizando una búsqueda filogenética de manera parsimoniosa, heurística y con 100% de bootstrap. La comparación de las secuencias obtenidas mediante BLAST presentó 98% de identidad.

Palabras clave: tospovirus, TSWV, PCR.