

RESUMEN

Se han reportado grandes pérdidas de cultivos de importancia agrícola como cebolla, maíz y otros, ocasionados por patógenos fúngicos pertenecientes al género *Fusarium*, de ahí que la caracterización molecular de este tipo de hongos representa un paso previo fundamental en el desarrollo de estrategias de control menos invasivas. Se evaluaron 155 muestras de *Fusarium sp.*, aislados a partir de cebolla blanca (*Allium cepa*) y distribuidos en dos grupos: A (12) y B (143), provenientes de Estados Unidos de Norteamérica e Israel, respectivamente. Mediante el empleo de los primers de detección (PRO1-PRO2 y ProlIF/TEF1R) para *F. proliferatum*, así como evaluación en árbol filogenético en base a la secuencias del gen TEF1 α (soporte Bootstrap de 1000 repeticiones), se determinó la presencia de *F. oxysporum*, *F. proliferatum* y *F. pseudonygami* en los aislados del grupo A. En el caso del grupo B, las muestras fueron identificadas como *F. proliferatum* a través de detección del gen CAM. Posteriormente, se evaluó la variabilidad genética de esta especie mediante seis pares de microsatélites fluorescentes SSR, hallándose una varianza genética ($\Phi_{PT}=0.044$, $p<0.003$), dentro de las poblaciones (capas de cebolla) de 96% y entre ellas de un 4%. Además, empleando estrategias de agrupamiento como UPGMA, NJ y PCoA se pudo dilucidar la presencia de cinco genotipos. Finalmente, se evaluó la potencialidad de generación de fumonisinas mediante detección de los genes Fum1, Fum7 y Fum8, encontrándose que *F. proliferatum* y *F. pseudonygami* podrían tener esta habilidad metabólica, lo cual contrasta con *F. oxysporum* (Group A). Además en el grupo B, se dedujo que condiciones ambientales podrían afectar la síntesis metabólica de micotoxina.

Palabras clave:

CAM (calmodulin), TEF α (translation elongation factor), Bootstrap, SSR (secuencias de repetición simple), fumonisinas.