

Aplicación de técnicas moleculares en la identificación y en estudios poblacionales de insectos plagas.

El cambio climático y el intercambio comercial de productos agrícolas provocan la aparición de nuevas plagas, crean nuevas restricciones de cuarentena, daños graves en los cultivos y pérdidas económicas. Como consecuencia, se ha fomentado el desarrollo de Programas de Control Integrado en los que es necesario disponer de una mayor información biológica y especialmente genética acerca de las especies implicadas. Hemos desarrollado y caracterizado marcadores moleculares para generar nuevas claves taxonómicas que facilitan una identificación rápida y fiable de biotipos o especies de insectos que constituyen plagas en la agricultura, hemos analizado la estructura y dinámica de sus poblaciones, las relaciones filogenéticas y hemos estudiado algunos aspectos de las relaciones huésped-parásito. Todo ello de utilidad tanto para los laboratorios de cuarentena como para los programas de control integrado.

En concreto, hemos trabajado con varias especies de mosca blanca como *Bemisia tabaci*, *Lecanoideus floccisimus* o *Aleurodicus dispersus* y numerosas especies de la familia Tephritidae, con especial dedicación a *Ceratitis capitata* y *Bactrocera oleae*.

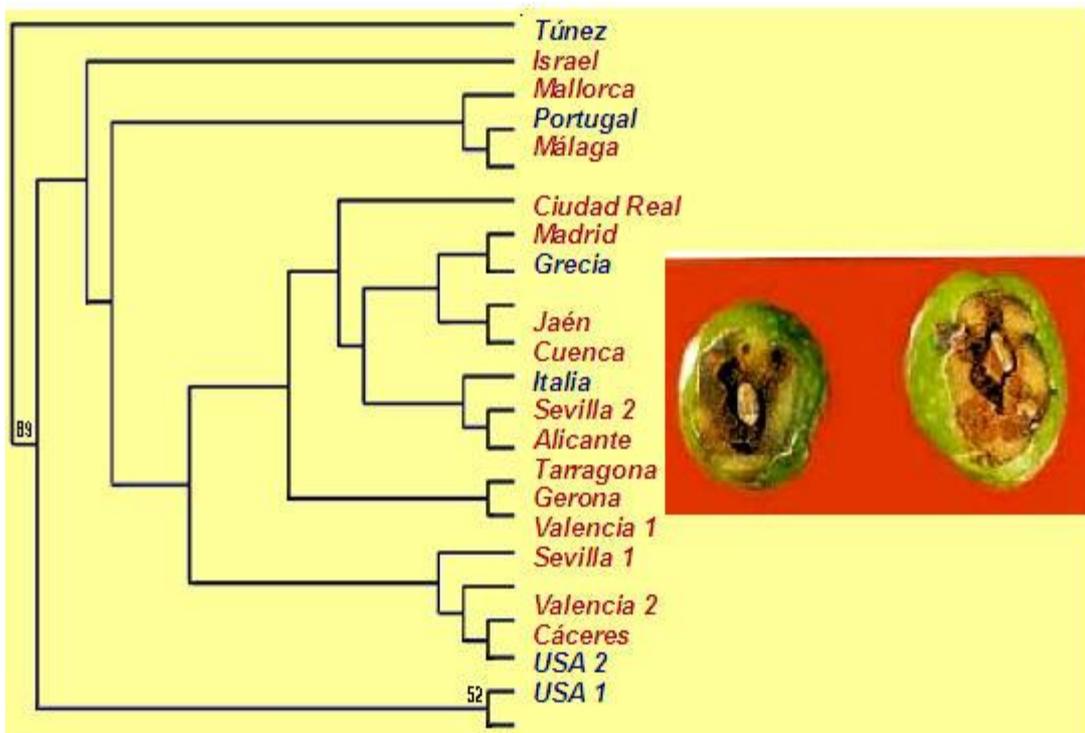


Fig. 1. Estructura genética de poblaciones geográficas de *Bactrocera oleae*.

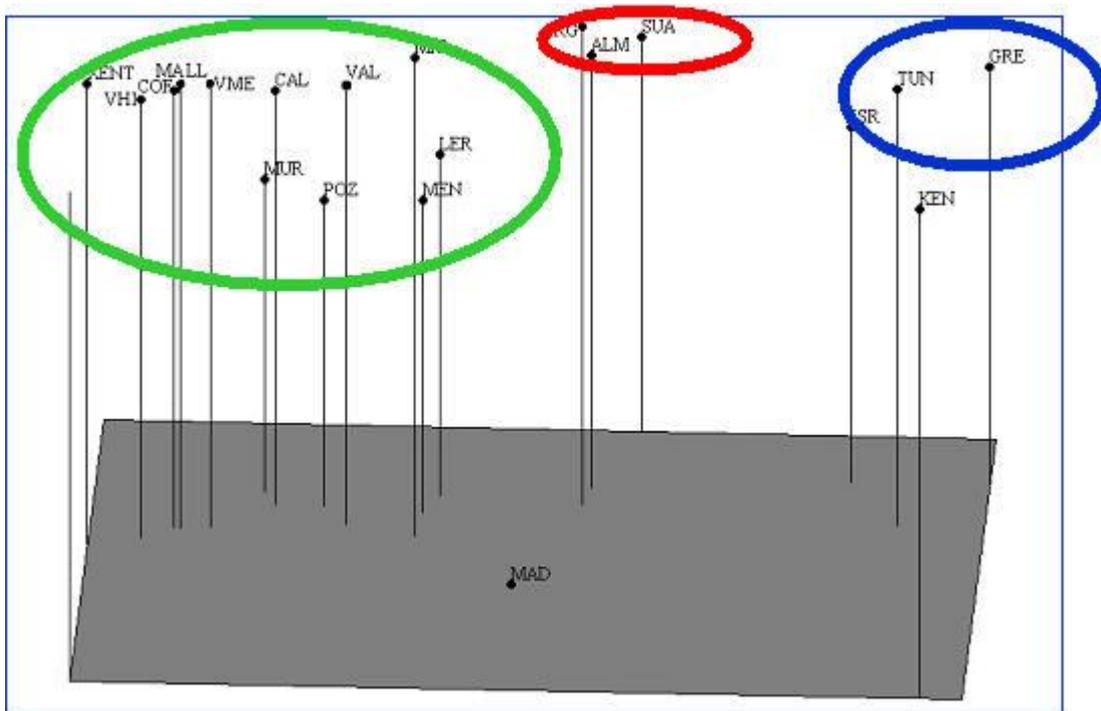


Fig. 2. Relaciones interpoblacionales en especies de interés agrícola: análisis de componentes principales en poblaciones de *Ceratit*s *capitata*

Fig. 3. Perfil de amplificación obtenido mediante ISSR utilizando el cebador 886 en distintas muestras de *Bemisia tabaci*, biotipos B y Q.

