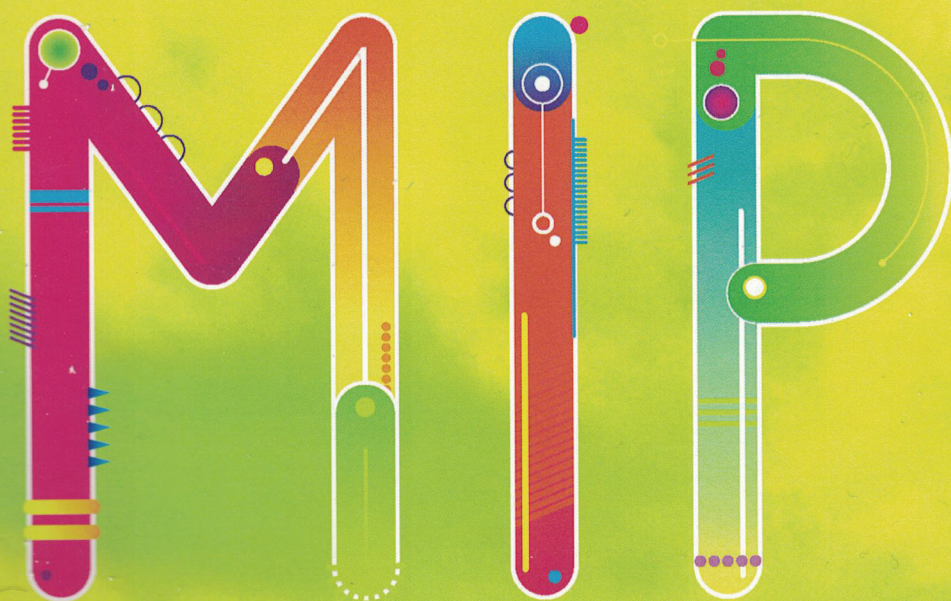


2019



VIII REUNIÓN DEL
GRUPO ESPECIALIZADO
DE MICROBIOLOGÍA
DE PLANTAS

23·24·25 ENERO

ESCUELA UNIVERSITARIA DE OSUNA [SEVILLA]



SEM

c.viral

Búsqueda de diana en *Podosphaera xanthii* para el desarrollo de nuevas fitoterapias antifúngicas.

Ruiz-Jiménez, L.^{*}, Fernández-Ortuño, D., de Vicente, A., Pérez-García, A.

¹Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias, Universidad de Málaga e Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea "La Mayora"-Universidad de Málaga-Consejo Superior de Investigaciones Científicas (IHSM-UMA-CSIC). Bulevar Louis Pasteur 31, 29010 Málaga.

*laura110493@uma.es

La resistencia a fungicidas es uno de los principales problemas a los que se enfrenta la agricultura del siglo XXI, y esto es especialmente patente en el caso de los oídios, hongos fitopatógenos biotrofos obligados que requieren células vivas para completar su ciclo de vida. Infectan hojas, tallos, flores y frutos de plantas económicamente importantes llegando a ser uno de los grupos de fitopatógenos de mayor relevancia en el sector agrícola. En España y en las principales áreas productoras del mundo, el oídio de las cucurbitáceas es una amenaza muy grave, y *Podosphaera xanthii* es considerado como el principal agente causante de la enfermedad. Hasta la fecha, la aplicación de fungicidas y el uso de variedades resistentes son las principales herramientas para el control de la enfermedad. Otras herramientas como el control biológico todavía están lejos de su implantación práctica. En cualquier caso, el oídio sigue imponiendo serias limitaciones en la producción agrícola, siendo necesario el desarrollo de nuevas estrategias de control. En este estudio se pretende proporcionar información sobre las bases moleculares de *P. xanthii* que pueda ser de utilidad para el desarrollo de nuevas herramientas de fitoprotección. Para lograr este objetivo, estamos centrando nuestra atención en un conjunto de proteínas fúngicas carentes de función, determinado en un estudio anterior. Ante la falta de homología con proteínas funcionalmente anotadas, para conocer la posible función de dichas proteínas, en primer lugar, llevamos a cabo un análisis *in silico* detallado de las proteínas que incluye modelado 3D, predicción de posibles ligandos e identificación de dominios funcionales. En segundo lugar, para la identificación de proteínas clave para la patogénesis de *P. xanthii*, silenciaremos proteínas del hongo con función predicha bioinformáticamente mediante silenciamiento génico inducido por hospedador (HIGS) empleando *Agrobacterium tumefaciens* como vector para la expresión transitoria de construcciones de silenciamiento en células de melón, y desde ellas, al hongo diana. Finalmente, las proteínas con un fenotipo claro de silenciamiento serán seleccionadas para la caracterización de su actividad biológica. En este congreso se mostrarán los resultados más relevantes obtenidos hasta la fecha, relativos a la asimilación de azufre.

AGRADECIMIENTOS

Este trabajo ha sido financiado por una ayuda del Programa Estatal de I+D+i Orientada a los Retos de la Sociedad (AGL2016-76216-C2-1-R), cofinanciada con fondos FEDER (UE).