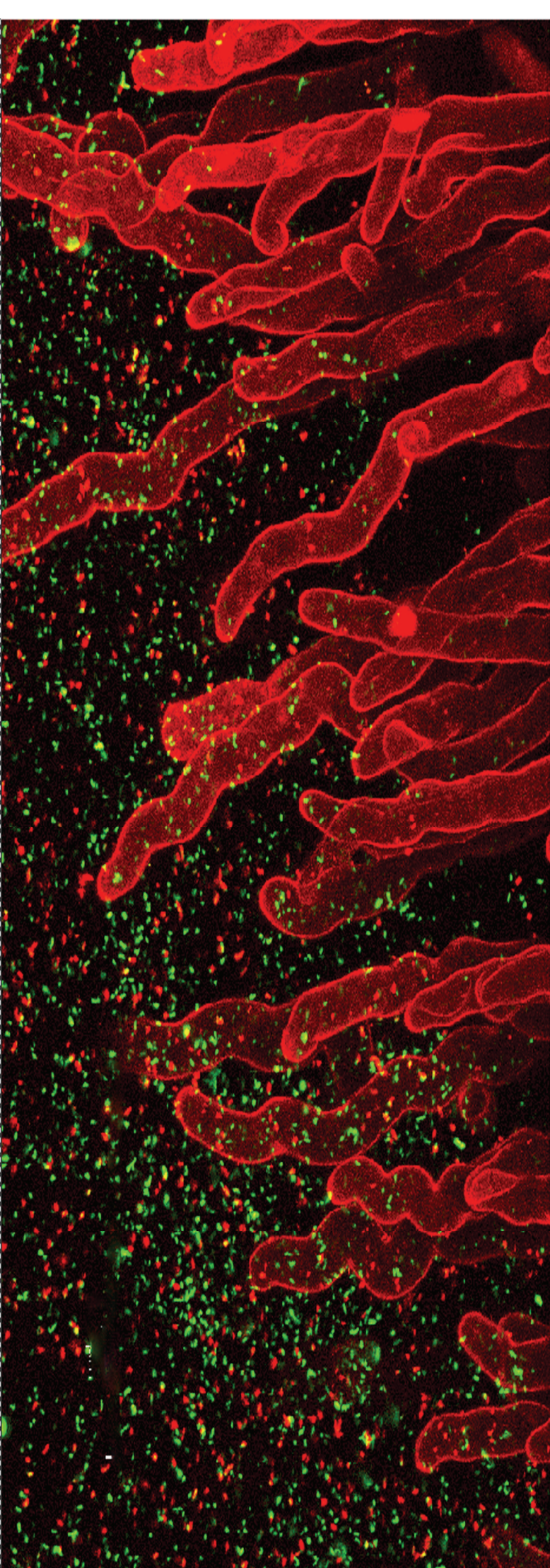




Microbiología de Plantas

VII REUNIÓN
DEL GRUPO ESPECIALIZADO EN
MICROBIOLOGÍA DE PLANTAS
DE LA
SOCIEDAD ESPAÑOLA DE MICROBIOLOGÍA

LIBRO DE RESÚMENES

El modelado proteico como herramienta para el análisis funcional de efectores haustoriales de *Podosphaera xanthii*

J. García-Sánchez, A. Polonio, A. de Vicente, A. Pérez-García

*Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea “La Mayora” (IHSM–UMA–CSIC).
Departamento de Microbiología. Universidad de Málaga. Málaga.*

E-mail: jags4595@uma.es

Los oídios son patógenos biotrofos obligados que requieren células vegetales vivas para completar su ciclo de vida asexual. *Podosphaera xanthii*, principal agente causal del oídio de las cucurbitáceas, es uno de los patógenos más destacados que limitan la productividad de estos cultivos en España. Este hongo desarrolla unas estructuras especializadas de parasitismo denominadas haustorios que prosperan dentro de las células epidérmicas y son responsables de la relación directa entre el patógeno y el huésped, participando en la absorción de nutrientes de la planta y en la liberación de efectores en las células del huésped.

Con el objetivo de identificar genes clave para la patogénesis de *Podosphaera xanthii* y, partiendo del transcriptoma haustorial y del correspondiente secretoma analizados previamente en nuestro laboratorio, se ha realizado el modelado de las proteínas asociadas a diferentes contigs que carecen de anotación funcional y que pudieran corresponder a proteínas efectoras secretadas candidatas, con la intención de dilucidar su posible función en la interacción patógeno-planta mediante similaridad estructural con proteínas cristalografiadas disponibles en bases de datos.

Aunque esta aproximación no es definitiva, nos aporta una valiosa información para realizar el posterior análisis funcional *in vivo* e identificar aquellos genes clave en la patogénesis de *P. xanthii*.

Los resultados obtenidos arrojan una serie de proteínas cuyas funciones, según los modelos predichos y su comparación posterior con proteínas cristalografiadas, parecen estar directamente relacionadas con distintos aspectos de la patogénesis. Por ello, hemos establecido el modelado proteico como el primer paso del proceso de análisis funcional de proteínas secretadas efectoras candidatas sin función conocida de *P. xanthii*.

Agradecimientos.

Este trabajo ha sido financiado por el Plan Estatal de Investigación, Desarrollo e Innovación orientada a los retos de la sociedad, del Ministerio de Economía y Competitividad. Proyecto I+D+I AGL 2013-41939-R cofinanciado con fondos FEDER (UE). Juan Antonio García Sánchez es beneficiario de una ayuda del Plan Propio de Investigación de la Universidad de Málaga.