



16,17,18 y 19 Sept. 2024

XXI CONGRESO DE LA SEF

Palacio
de Congresos
de Córdoba

www.sefcordoba2024.com





de deficiencia de Fe y mecanismos de resistencia sistémica en las plantas, lo que lo posiciona como un candidato prometedor para su uso como biofertilizante férrico e inductor de resistencia en plantas.

Financiado por: Ministerio de Ciencia e Innovación (proyecto PID2021-123645OA-I00 BIOLIVE), cofinanciado por Fondos FEDER de la UE. Agencia Estatal de Investigación, Programa Severo Ochoa y María de Maeztu para Centros y Unidades de Excelencia en I+D (Ref. CEX2019-000968-M).

O.66. Estudio De Nuevas Dianas De La Pared Celular Fúngica En La Interacción De *Podosphaera Xanthii*-Melon

Isabel Padilla Roji¹, Dolores Fernández Ortuño¹, Alejandro Pérez García¹

1 Dpto. de Microbiología, Facultad de Ciencias, Universidad de Málaga

2 Dpto. de Microbiología y Protección de Cultivos, Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea (IHSM-UMA-CSIC) “La Mayora”.

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: *Podosphaera xanthii*, oídio, ARN interferente, pared celular fúngica, proteína GPI, ramnosa.

Resumen:

Una de las principales limitaciones en la producción de cultivos de cucurbitáceas es la enfermedad del oídio, causada por el hongo biotrofo *Podosphaera xanthii*. Para controlarla, se recomienda utilizar estrategias de manejo integrado, siendo la aplicación de fungicidas la más efectiva. Sin embargo, *P. xanthii* es capaz de desarrollar rápidamente resistencia a estos compuestos. Este hecho, unido a las nuevas restricciones a nivel europeo en cuanto a la diversidad de productos fitosanitarios disponibles en un futuro cercano, hacen necesario el desarrollo de nuevas herramientas para un manejo eficaz de la enfermedad. La pared celular de los hongos es una estructura única y esencial, que la convierten en una diana ideal para el desarrollo de nuevos productos fitosanitarios. Gracias a la información genómica y transcriptómica de la que disponemos, habíamos identificado varios genes muy interesantes relacionados con la pared celular de *P. xanthii* que, además, están muy conservados y presentes en otros hongos fitopatógenos de relevancia en agricultura. Entre estos genes, se seleccionaron los que codifican para una proteína anclada a GPI y los dos genes responsables de la síntesis de ramnosa, que ya habían sido relacionados previamente con la virulencia fúngica en otros patógenos. Para investigar en profundidad la implicación de estos genes en el desarrollo y patogénesis de *P. xanthii*, se empleó la tecnología del ARN interferente (ARNi). Tras la síntesis de los ARNdc, se realizaron ensayos de infiltración en cotiledones de melón, obteniéndose un notable silenciamiento de la expresión génica y una reducción significativa de la biomasa fúngica. Por otro lado, los estudios de microscopía óptica dieron como resultado una disminución significativa en los puntos de penetración del patógeno. Además, en el caso de la proteína GPI, mediante microscopía electrónica de transmisión (TEM), se observaron aberraciones morfológicas en el



ensamblaje de la pared celular. Por último, se realizaron ensayos de silenciamiento génico inducido por pulverización (SIGS) para determinar el potencial de estos genes como dianas para el control de *P. xanthii*, dando como resultado reducciones de hasta un 68 % en el desarrollo de síntomas en plantas de melón. Todo ello sugiere que estos genes podrían usarse como dianas para el diseño de nuevas generaciones de antifúngicos que se puedan integrar en los programas de control de la enfermedad, ayudando a manejar las resistencias y a mantener un control eficaz de la enfermedad.

Financiado por: Este trabajo forma parte de los proyectos R+D+i PID2019-107464RB-C21 y PID2022-136240OB-C21, financiados por MCIN/AEI/10.13039/501100011033/FEDER, UE. I.P.-R., agradece el contrato predoctoral PRE2020-093156 de la AEI.

O.67. Reguladores globales de diferenciación y patogenicidad en *Botrytis cinerea*

Ernesto Pérez Benito¹, Virginia Casado del Castillo¹, Vlad Paul Mihaila¹, Alessandro Gabrielli García¹, Nuria Cabrera Gómez², Paulo Canessa³, Gabriel Pérez Lara³, Isidro González Collado², Josefina Aleu Castaneja², José María Díaz Mínguez¹

1 Departamento de Microbiología y Genética, Instituto de Investigación en Agrobiotecnología (CIALE), Universidad de Salamanca (Salamanca, España).

2 Departamento de Química Orgánica, Facultad de Ciencias, Universidad de Cádiz, 11510 Puerto Real (Cádiz, España).

3 "Centro de Biotecnología Vegetal, Facultad de Ciencias de la Vida, Universidad Andrés Bello, ANID-Iniciativa Científica Milenio, Instituto Milenio de Biología Integrativa iBIO, Santiago, Chile"

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: *Botrytis cinerea*, Podredumbre gris, transcriptómica, metabolómica, factor de transcripción

Resumen:

Las poblaciones naturales se organizan sobre la variabilidad genética que comparten los individuos que las integran. El estudio de la variación informa sobre la biología de la especie y sobre los factores que operan modelando la estructura genética de las poblaciones. *Botrytis cinerea* es un patógeno ubicuo con un estilo de vida necrotrofo y que presenta un rango de huéspedes muy amplio. Es el agente causal de la podredumbre gris en numerosas especies vegetales, en particular sobre la vid. Es un patógeno muy versátil que está presente de forma permanente en el viñedo. Las esporas asexuales, producidas profusamente sobre los tejidos infectados o sobre restos vegetales, constituyen la principal fuente de inóculo durante el ciclo productivo de la vid. Los esclerocios facilitan su persistencia en condiciones adversas.

Es característica la plasticidad genética del patógeno y la diversidad fisiológica de sus poblaciones naturales. El seguimiento de la podredumbre gris en los viñedos de Castilla y León ha permitido identificar una serie de aislados de *B. cinerea* no agresivos. La caracterización genética y fisiológica de estos "mutantes naturales" proporciona información básica sobre factores