



16,17,18 y 19 Sept. 2024

XXI CONGRESO DE LA SEF

Palacio
de Congresos
de Córdoba

www.sefcordoba2024.com





la fecha no se ha detectado ningún micovirus en aislados de *F. phialophorum*. Varios de los micovirus identificados han sido asignados según sus patrones de bandas de dsRNA a las familias: *Hypoviridae*, *Partitiviridae*, y *Mitoviridae*. Entre ellos, son de particular interés los miembros de la familia *Hypoviridae*, asociada a la inducción de hipovirulencia. Actualmente, se continúa con la caracterización utilizando tecnología RNA-seq para la secuenciación de los micovirus.

Financiado por: Instituto Canario de Investigaciones Agrarias

P.160. La expresión haustorial de una bilirrubina oxidasa promueve la patogénesis de *Podosphaera xanthii*

Laura Ruiz-Jiménez¹, Álvaro Polonio¹, Alejandro Pérez-García¹, Dolores Fernández-Ortuño¹

¹ Universidad de Málaga, Málaga, España

² Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea “La Mayora”, Málaga, España

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: Cucurbitáceas, *Podosphaera xanthii*, patogénesis, RNA-seq dual, señalización retrógrada, bilirrubina oxidasa.

Resumen:

La productividad de los cultivos de cucurbitáceas se ve muy limitada por *Podosphaera xanthii*, identificado como el principal agente causal de la enfermedad del oídio en estos cultivos. Hasta la fecha, nuestro conocimiento sobre las bases moleculares que sustentan la patogénesis fúngica es muy limitado en este patógeno; por ello, en este estudio proporcionaremos nuevas perspectivas que pueden contribuir, en gran medida, al esclarecimiento del diálogo molecular entre *P. xanthii*-melón. En este sentido, la realización de un análisis RNA-seq dual durante las primeras etapas de la infección en melón, uno de sus huéspedes más susceptibles, permitió identificar grupos de genes estrechamente relacionados entre sí, entre los que destacaron los expresados exclusivamente en el haustorio. Estos genes haustoriales estaban implicados en numerosas rutas metabólicas de la planta huésped, como las rutas de señalización de fitohormonas y de biosíntesis de fenilpropanoides, entre otras. En concreto, resultó de gran interés la conexión entre un gen de *P. xanthii* que codifica una bilirrubina oxidasa de expresión haustorial con un grupo de genes de la planta relacionados con la homeostasis redox celular y el equilibrio hormonal. A este respecto, los datos resultantes de la caracterización a nivel molecular de este efector candidato, mediante la realización de análisis tanto *in silico* como *in vivo*, nos llevaron a concluir que la expresión de esta bilirrubina oxidasa específica del haustorio podría promover la patogénesis de *P. xanthii* al interferir en la señalización retrógrada entre los cloroplastos y el núcleo y suprimir la activación de las respuestas de defensa de la planta.

Financiado por: Este trabajo forma parte de proyectos R+D+i PID2019-107464RB-C21 y PID2022-136240OB-C21, financiados por MCIN/AEI/10.13039/501100011033/FEDER, EU.