FITOPATOLOGÍA

Publicación oficial de la Sociedad Española de Fitopatología

Año 2018

Número 2

Libro de Resúmenes

XIX CONGRESO DE LA SOCIEDAD ESPAÑOLA DE FITOPATOLOGÍA

TOLEDO 2018

8 al 10 de octubre

Libro de Resúmenes

XIX Congreso de la Sociedad Española de Fitopatología

Toledo
8-10 de octubre de 2018
Universidad de Castilla- La Mancha / Hotel Beatriz

Estructura del Libro:

- Carta de bienvenida. 5

- Entidades organizadoras, colaboradoras y patrocinadoras. 7

- Comité organizador, Comité científico y Secretaría técnica. 8

- Programa abreviado. 10

- Programa extendido. 11

- Resúmenes de Ponencias Plenarias, Ponencias Invitadas y Ponencia Extraordinaria. 25
- Resúmenes de Comunicaciones Orales por Sesiones. 39

- Resúmenes de Pósteres por Área temática. 108

- Resúmenes de Comunicaciones en Sesión de Empresas y Transferencia. 347
- Índice de autores. 351
- Adenda. 372

Carta de bienvenida.

Queridos compañeros:

Es para el Comité Organizador una inmensa satisfacción acogeros en Toledo como sede del XIX Congreso de la Sociedad Española de Fitopatología (SEF), que se celebrará los días 8-10 de octubre de 2018.

Este congreso bienal de la SEF es una ocasión única para reunir a los expertos dedicados al estudio de las enfermedades de las plantas en España. El congreso se estructurará en sesiones que abarcarán los ámbitos fundamentales de la Fitopatología (Control, Resistencia a enfermedades, Manejo integrado, Detección y diagnóstico, Epidemiología, Interacción planta-patógeno, Manejo de enfermedades en la era genómica, Enfermedades emergentes, etc.) desde un punto de vista multidisciplinar, incluyendo abordajes agronómicos, moleculares, celulares, y bioquímicos, entre otros. La idea subyacente es conocer y asegurar la salud de nuestras plantas en un contexto que integre parámetros de globalización económica.

Invitaremos a ponentes de reconocido prestigio, tanto internacionales como nacionales expertos en las diferentes temáticas que se van a tratar. Pero por encima de todo nuestro propósito es promover la “fascinación por la Patología Vegetal” en los más jóvenes. Para ello está prevista la convocatoria de premios para los mejores posters, comunicaciones orales y cautivadoras fotografías científicas. Deseamos que éste sea “El congreso de la Interacción” donde los científicos emergentes y consolidados compartan experiencias y donde entre empresas, universidades y OPIS se encuentren marcos de colaboración para el avance científico y tecnológico en nuestro campo de estudio.

La ciudad de Toledo, declarada por la UNESCO Patrimonio de la Humanidad, no necesita presentación en relación a su legado arquitectónico, o como capital gastronómica de una rica región. Desde los Comités Organizador y Científico haremos lo necesario para que os sintáis cómodos y para ello hemos seleccionado como sedes el Hotel Beatriz, un hotel de convenciones con sobrada experiencia, y la Facultad de Ciencias Ambientales y Bioquímica de la Universidad de Castilla La Mancha, ambas de acceso fácil.

Por todo ello queremos animar a los investigadores dedicados al estudio de la Patología Vegetal, a participar, en este contexto histórico-cultural concentrado que es Toledo, casi como un “perfume”, en el que convivieron culturas como la musulmana, la judía y la

cristiana, que mucho tuvieron que ver en el legado actual para el manejo de nuestras plantas. Nos gustaría que en Toledo se hiciese algo parecido, que interactúen, intercambien, difundan, conozcan, refuercen su espíritu crítico y no dejen nunca de hechizarse por el conocimiento.

Solo con el esfuerzo de todos es posible que nuestra sociedad tome conciencia de la importancia presente y futura del trabajo en FITOPATOLOGIA.

El Comité Organizador del XIX Congreso SEF.

Carolina Escobar.

Presidenta del Comité Organizador del XIX Congreso SEF.

Entidades organizadoras, colaboradoras y patrocinadoras.

Entidades Organizadoras:

- Sociedad Española de Fitopatología (SEF).
- Universidad de Castilla- La Mancha (UCLM).
- Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas (CBGP).
- Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria (INIA).

Entidades Colaboradoras y patrocinadoras:

Comité organizador:

Presidenta: Carolina Escobar

Vicepresidente: Jaime Cubero

Secretario: César Llave

Tesorera: María Ángeles Ayllón

Vocales:

Maria Fe Andrés

Rosa Raposo

Javier Cabrera

Carmen Fenoll

Comité científico:

Miembros del Comité organizador y miembros de la Junta directiva de la SEF:

Vicente Pallás

Jaime Cubero

Francisco Cazorla

Carolina Escobar

Antonio Vicent

Juan Antonio Navas

Inmaculada Viñas

Jesús Ángel Sánchez

Nieves Capote

Jóvenes Investigadores colaboradores en el evento:

Marta Barcala, Fernando E. Díaz-Manzano, Ángela Martínez, Rocío Olmo, Ana Claudia Silva (Grupo Interacción Planta- Nemátodo; UCLM) y Ana Ruiz Padilla (CBGP)

Secretaría técnica:

Lamar de Eventos. Tfno.: 952 003 669

XIX CONGRESO DE LA SOCIEDAD ESPAÑOLA DE FITOPATOLOGÍA

	LUNES 8	MARTES 9	MIERCOLES 10
	Hotel Beatriz y Campus UCLM	Hotel Beatriz	Hotel Beatriz
9:00-10:00	III Simposio GEDDI-SEF	PONENCIA PLENARIA II (Marie-Laure Desprez-Loustau, INRA, Francia)	PONENCIA PLENARIA III (Nian Wang, IFAS, USA)
10:00-11:00		Ponencia invitada I (Jonás Oliva) Ponencia invitada II (Raquel Campos)	Sesión plenaria III
11:00-12:00		Sesión de pósters y café	Sesión de pósters y café
12:00-13:00		Ponencia invitada III (Diego Olmo) Sesiones simultáneas I	Ponencia invitada IV (Virginia Ruíz)
13:00-14:00	Traslado a UCLM Recepción y Cocktail de bienvenida en UCLM	Gestión de enfermedades Epidemiología Interacción planta-patógeno	Ponencia invitada V (Diego Romero) Empresas y transferencia
14:00-15:00		Almuerzo	Almuerzo
15:00-16:00	Inauguración del Congreso	Sesión de pósters y café	Ponencia invitada VI (Carmen Simón)
16:00-17:00	PONENCIA PLENARIA I (Diana Fernández, IRD, Francia)	Sesiones simultáneas II	Sesiones simultáneas III
17:00-18:00	Sesión plenaria I Café	Detección y diagnóstico Gestión de enfermedades Interacción planta-patógeno	Interacción planta-patógeno Epidemiología y detección Interacción planta-patógeno Café
18:00-19:00	Sesión plenaria II	Asamblea General de Socios de la SEF	PONENCIA PLENARIA IV (Stephen Parnell, Univ. Salford, USA)
19:00-20:00	Visita turísica		PONENCIA EXTRAORDINARIA (María Milagros López, IVIA, Valencia) Cena

XIX CONGRESO DE LA SOCIEDAD ESPAÑOLA DE FITOPATOLOGÍA (SEF)
HOTEL BEATRIZ TOLEDO AUDITORIUM
8-10 OCTUBRE 2018

PROGRAMA EXTENDIDO

LUNES (8-Octubre-2018)

9:00-13:00 **III SIMPOSIO GEDDI-SEF**

Coordinador: José Luis Palomo Gómez

Conservación de organismos fitopatógenos: aspectos prácticos relacionados con el mantenimiento y recuperación en laboratorio

13:00-13:30 **TRASLADO EN AUTOBÚS AL CAMPUS DE LA UNIVERSIDAD DE CASTILLA-LA MANCHA. SALIDA DESDE EL HOTEL BEATRIZ**

13:30-15:15 **RECEPCIÓN Y COCKTAIL DE BIENVENIDA** – Edificio 1

15:15-16:00 **INAUGURACIÓN DEL CONGRESO -** Auditorio "Envases de Cartón"

16:00-16:45 **PONENCIA PLENARIA I -** Auditorio "Envases de Cartón"

Moderador: Carolina Escobar

Insights into plant- root-knot nematode interactions for developing new control strategies in crops

Ponente: Diana Fernández. Institut de Recherche pour le Développement (IRD). France.

16:45-17:45 **SESIÓN PLENARIA I -** Auditorio "Envases de Cartón"

Moderadores: Miguel Aranda y Ana Bonaterra

16:45-17:00 La infección viral y su impacto sobre un carácter de desarrollo de la planta infectada, la producción y elongación del tallo floral (Oral 01)

Silvia López-González[1], José Antonio Navarro-Bohigues[2], Luis F. Pacios[1], Papaiah Sardaru[1], Vicente Pallás[2], Flora Sánchez[1], Fernando Ponz[1]*
[1]Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas (UPM-INIA). Madrid. [2]Instituto de Biología Molecular y Celular de Plantas (UPV-CSIC). Valencia.

17:00-17:15 La heteroplasmia mitocondrial explica la resistencia a fungicidas QoI en *Podosphaera xanthii*, agente causal de oídio de cucurbitáceas (Oral 02)

Alejandra Vielba-Fernández[1], Davinia Bellón-Gómez[1], Juan A. Torés[1], Antonio de Vicente[2], Alejandro Pérez-García[2], Dolores Fernández-Ortuño[2]*.
[1]Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea "La Mayora", Universidad de Málaga –Consejo Superior de Investigaciones Científicas (IHSM-UMA-CSIC). Estación Experimental "La Mayora", Málaga. [2]IHSM-UMA-CSIC "La Mayora". Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias, Universidad de Málaga, Málaga.

17:15-17:30 The evolution of host-range: genetic mechanisms associated to the acquisition of a new host by a plant virus (Oral 03)

Sayanta Bera, Aurora Fraile, Fernando García-Arenal*
Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas UPM-INIA & Escuela Técnica Superior de Ingeniería Agronómica, Alimentaria y de Biosistemas, Universidad Politécnica de Madrid, Campus de Montegancedo, Madrid.

17:30-17:45 Etiología del decaimiento del almendro en plantaciones jóvenes. Una nueva enfermedad en Andalucía (Oral 04)

C. Agustí-Brisach[1]*, L.F. Roca-Castillo[1], B.I. Antón-Domínguez[1], A. López-Moral[1], M.C. Raya-Ortega[1], M. Lovera[2], O. Arquero[2], A. Trapero[1]
[1]Departamento de Agronomía, ETSIAM, Universidad de Córdoba, Campus de Rabanales, Córdoba. [2]Departamento de Fruticultura Mediterránea, IFAPA, Córdoba.

17:45-18:15 CAFÉ

18:15-19:15 **SESIÓN PLENARIA II** - Auditorio "Envases de Cartón"

Moderadores: Blanca Landa y José Antonio Darós

18:15-18:30 El endófito Rhodotorula-P5 produce un efecto tipo "priming" sobre *Ulmus minor* que puede ser clave para la tolerancia a *Ophisotoma novo-ulmi* (Oral 05)

Juan Sobrino-Plata[1]*, Sara M. Ormeño[1], Iván Fernández[2], Carmen Collada[1], Juan A. Martín[1], Corné M.J. Pieterse[2], Luis Gil[1]
[1]Genética, Fisiología e Historia Forestal. Escuela Técnica Superior de Ingeniería de Montes, Forestal y del Medio Natural. Universidad Politécnica de Madrid, Madrid. [2]Plant-Microbe Interactions. Utrecht University, Padualaan 8, 3584 CH, Utrecht, The Netherlands.

18:30-18:45 Caracterización del microbioma del xilema del olivo mediante secuenciación masiva (Oral 06)

Carmen Haro[1], Juan C. Rivas[1], Madis Metsis[2], Leonardo de la Fuente[3], Rafael M. Jiménez-Díaz[4], Juan A. Navas-Cortés[1], Blanca B. Landa[1]*
[1]Instituto de Agricultura Sostenible, CSIC, Córdoba. [2]Tallinn University, Tallinn, Estonia. [3]Department of Entomology and Plant Pathology, Auburn University, USA. [4]Departamento de Agronomía, ETSIAM, Universidad de Córdoba, Córdoba.

18:45-19:00 *Bacillus firmus* strain I-1582, a nematode antagonist by itself and through the plant (Oral 07)

Zahra Ghahremani[1], Nuria Escudero[1], Daniel Beltrán Anadón[1], Marina Cunquero[2], Pablo Loza[2], F.J. Sorribas[1]*
[1]Department of Agri-Food Engineering and Biotechnology. Universitat Politècnica de Catalunya, Castelldefels, Barcelona. [2]The Institut of Photonic Sciences (ICFO). Mediterranean Technology Park. Castelldefels, Barcelona.

19:00-19:15 Genómica comparativa e historia evolutiva de razas de *Pseudomonas syringae* pv. phaseolicola (Oral 08)

Jesús Murillo[1]*, Leire Bardaji[1], Pablo Llop[1], Pablo Rodríguez-Palenzuela[2], Jorge Sánchez-Colmenero[2], Myriam Echeverría[1], Cayo Ramos[3]
[1]Instituto de Agrobiotecnología, Universidad Pública de Navarra, Mutilva Baja. [2]Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas, ETS Ingenieros Agrónomos, Universidad Politécnica de Madrid, Madrid. [3]Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea "La Mayora", Universidad de Málaga-CSIC, Área de Genética, Universidad de Málaga, Málaga.

20:00 **VISITA TURÍSTICA**

MARTES (9-Octubre-2018)

9:00-9:45 **PONENCIA PLENARIA II -** Auditorio Hotel Beatriz

Moderador: Rosa Raposo

An evolutionary ecology perspective to address forest pathology challenges of today and tomorrow

Ponente: Marie-Laure Desprez-Loustau. Institut National de la Recherche Agronomique (INRA), France.

9:45-10:15 **PONENCIA INVITADA I -** Auditorio Hotel Beatriz

Moderadores: Pablo Castillo y Soledad Sacristán

Predicting establishment and adaptation to invasive forest pathogens of the genus Phytophthora using functional traits of the pathogen and the host

Ponente: Jonás Oliva. Departamento de Producción Vegetal y Ciencia Forestal. Universidad de Lérida, Lérida.

10:15-10:45 **PONENCIA INVITADA II -** Auditorio Hotel Beatriz

Moderadores: Pablo Castillo y Soledad Sacristán

Nematodos entomopatógenos, interacciones multitróficas y su impacto en la mejora de la protección y producción de cultivos

Ponente: Raquel Campos-Herrera. Centro para os Recursos Biológicos e Alimentos Mediterrânicos (MeditBio), Universidade do Algarve, Portugal.

10:45-12:00 **SESIÓN DE POSTERS Y CAFÉ** – Sala Ronda/Buenavista

12:00-12:30 **PONENCIA INVITADA III -** Auditorio Hotel Beatriz

Moderadores: Aranzazu Moreno y Miguel Talavera

Panorama actual de Xylella fastidiosa *en Baleares*

Ponente: Diego Olmo. Laboratorio de Sanidad Vegetal. Servicio de Mejora Agraria y Pesquera (SEMILLA), Palma de Mallorca.

12:30-14:00 **SESIONES SIMULTÁNEAS I**

Gestión de enfermedades - Auditorio Hotel Beatriz

Moderadores: Amaia Ortiz y Dolores Fernández Ortuño

12:30-12:45 Bacterias indígenas de la rizosfera de olivo son agentes de control biológico eficaces de *Verticillium dahliae* (Oral 09)

Carmen Gómez-Lama Cabanás[1]*, Garikoitz Legarda Cristobal[2], David Ruano-Rosa[1], Paloma Pizarro-Tobías[3], Antonio Valverde-Corredor[1], José Luis Niqui Arroyo[3], Juan Carlos Triviño[2], Amalia Roca Hernández[3], Jesús

Mercado-Blanco[1].
[1]Instituto Agricultura Sostenible (IAS-CSIC), Córdoba. [2]Sistemas Genómicos S.L., Paterna, Valencia. [3]Bioiliberis Research and Development, Peligros, Granada.

12:45-13:00 El gen Thkel1 de *Trichoderma harzianum*, hongo beneficioso utilizado en control biológico, como herramienta en la creación de plantas resistentes a patógenos (Oral 10)

Jorge Poveda[1,2]*, Rosa Hermosa[2,3], Enrique Monte[2,3], Carlos Nicolás[1,2]
[1]Departamento de Botánica y Fisiología Vegetal, Universidad de Salamanca, Salamanca. [2]Instituto Hispano Luso de Investigaciones Agrarias (CIALE), Universidad de Salamanca, Salamanca. [3]Departamento de Microbiología y Genética, Universidad de Salamanca. Campus de Villamayor. Salamanca.

13:00-13:15 *Tomato yellow leaf curl Sardinia virus*, un begomovirus que evoluciona por recombinación: riesgo para el control basado en Resistencia (Oral 11)

Juan Antonio Díaz-Pendón, Sonia Sánchez-Campos, Isabel M. Fortes, Enrique Moriones*
Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea "La Mayora", IHSM-UMA-CSIC, Algarrobo-Costa, Málaga.

13:15-13:30 Evaluación de aislados de GLRaV-3 sobre el indicador Pinot noir (Oral 12)

Ana M. Pesqueira, Julián J. García-Berrios, Cristina Cabaleiro*
Universidade de Santiago de Compostela, Escola Politécnica Superior de Enxeñaría, Departamento de Produción Vexetal e Proxectos de Enxeñaría, Campus Terra, Lugo.

13:30-13:45 Estudio de la interacción tritrófica *Penicillium rubens* 212, *Fusarium oxysporum* f.sp. lycopersici y planta de tomate durante el proceso de biocontrol (Oral 13)

María Carreras[1], Néstor Carrillo-Barral[2], María Villarino[1], Yolanda Herranz[1], José Díaz[2], Eduardo A. Espeso[3], Inmaculada Larena[1]*
[1]Departamento de Protección Vegetal, SGIT-INIA, Madrid. [2]Grupo de Investigación de Fisioloxía e Aplicacións das Plantas (FISAPLANT), Departamento de Bioloxía, Facultade de Ciencias, Universidade da Coruña, A Coruña. [3]CIB-CSIC, Departamento de Biología Celular y Molecular, Madrid.

13:45-14:00 Capacidad adaptativa de *Castanea sativa* ante *Phytophthora cinnamomi* evaluada a través de marcadores EST-SSRs y parámetros fenotípicos (Oral 14)

Francisco Alcaide[1], Alejandro Solla[1], Álvaro Camisón[1], Marcello Cherubini[2], Claudia Mattioni[2], Ángela Martín[3]*
[1]Instituto de Investigación de la Dehesa, Ingeniería Forestal y del Medio Natural, Universidad de Extremadura, Plasencia. [2]Istituto di Biologia Agroambientale e Forestale. Consiglio Nazionale delle Ricerche, Porano Italy. [3]Escuela Técnica Superior de Ingeniería Agronómica y de Montes, Universidad de Córdoba, Córdoba.

Epidemiología – Sala Alcázar

Moderadores: Juan José López Moya y Antonieta de Cal

12:30-12:45 Metaviromics meets ecology: spatial and environmental structuring in plant virus transmission dynamics and estimating prevalence-diversity relationships (Oral 15)

Adrián Peláez[1], Michael McLeish[1], Israel Pagán[1], Rosario Gavilan[2], Aurora Fraile[1], Fernando García-Arenal[1]*
[1]Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas (UPM-INIA), and E.T.S.I. Agrícola Alimentaria y de Biosistemas, Campus de Montegancedo, Universidad Politécnica de Madrid, Pozuelo de Alarcón, Madrid. [2]Departmento de Biología Vegetal II, Facultad de Farmacia, Universidad Complutense de Madrid.

12:45-13:00 Los Closterovirus se inoculan por pulgones durante breves inserciones intracelulares de los estiletes en células de floema (Oral 16)

Jaime Jiménez[1], Gregory Walker[2], Alberto Fereres[1], Aránzazu Moreno[1]*
[1]Instituto de Ciencias Agrarias, Consejo Superior de Investigaciones Científicas, Madrid. [2]Departmento de Entomología.

Universidad de California, Riverside (UCR), USA.

13:00-13:15 Spore dispersal patterns of conidia of the fungal pathogen *Gremmeniella abietina* (Oral 17)

Carmen Romeralo Tapia[1,2]*, Julio Javier Diez Casero[1,2]
[1]Sustainable Forest Management Research Institute, University of Valladolid-INIA, Palencia. [2]Forest Health Unit, Department of Vegetal Production and Forest Resources, University of Valladolid, Palencia.

13:15-13:30 Factores climáticos asociados a la disponibilidad y dispersión del inóculo aéreo de *Phaeomoniella chlamydospora* agente causal de la yesca de la vid (Oral 18)

Elisa González-Domínguez[1], Carmen Berlanas[2], María del Pilar Martínez-Diz[3], Emilia Díaz-Losada[3], David Gramaje[2], Josep Armengol[4], Mónica Berbegal[4]*
[1]Horta SRL., Piacenza, Italy. [2]Instituto de Ciencias de la Vid y del Vino (ICVV), Consejo Superior de Investigaciones Científicas - Universidad de la Rioja - Gobierno de La Rioja, Logroño. [3]Estación de Viticultura y Enología de Galicia (INGACAL-EVEGA), Leiro-Ourense. [4]Instituto Agroforestal Mediterráneo, Universitat Politècnica de València, Valencia.

13:30-13:45 Estudio a largo plazo de los repilos del olivo: variables agroclimáticas claves para modelos empíricos amigables (Oral 19)

Romero, J.[1]*, Agustí-Brisach, C[1]., Roca, L.F.[1], Moral, J.[1, 2], González-Domínguez, E.[3], Rossi, V.[3], Trapero, A.[1]
[1]Departamento de Agronomía, Universidad de Córdoba, Campus de Rabanales, Córdoba. [2]Department of Plant Pathology, University of California, Davis, Kearney Agricultural Research and Extension Center, California, USA. [3]Istituto di Entomologia e Patologia vegetale, Università Cattolica S. Cuore, Piacenza, Italy.

13:45-14:00 La estructura espacial y propiedades del suelo determinan las comunidades locales de nematodos fitoparásitos en el olivo cultivado en Andalucía (Oral 20)

Antonio Archidona-Yuste[1], Thorsten Wiegand[2,3], Pablo Castillo[1], Juan A. Navas-Cortés[1]*
[1]Instituto de Agricultura Sostenible (IAS), Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), Córdoba. [2]Department of Ecological Modelling, Helmoholtz Centrefor Environmental Research–UFZ, Leipzig, Germany. [3]German Centre for Integrative Biodiversity Research (iDiv), Halle-Jena-Leipzig, Leipzig, Germany.

Interacción planta-patógeno – Sala Catedral

Moderadores: Emilia López Solanilla y Livia Donaire

12:30-12:45 Transcriptomic and proteomic approaches to study bacterial wilt (Oral 21)

Marc Valls*
Department of Genetics, Universitat de Barcelona and Centre for Research in Agricultural Genomics (CRAG), Bellaterra, Barcelona.

12:45-13:00 El análisis mediante RNA-seq y técnicas de captura de imagen de la interacción melón-*Podosphaera xanthii* revela modulación de la fotosíntesis y del metabolismo secundario de la planta por el patógeno (Oral 22)

A. Polonio[1]*, R. Bautista[2], M. Pineda[3], M.L. Pérez-Bueno[3], J. Martínez-Cruz[1], A. de Vicente[1], M. Barón[3], A. Pérez-García[1]
[1]Departamento de Microbiología, Universidad de Málaga e Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea "La Mayora" (IHSM−UMA−CSIC), Málaga. [2]Centro de Biocomputación y Bioinnovación. Plataforma Andaluza de Bioinformática. Parque Tecnológico de Andalucía, Málaga. [3]Departamento de Bioquímica y Biología Celular y Molecular de Plantas, Estación Experimental del Zaidín, Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), Granada.

13:00-13:15 Percepción de compuestos implicados en la patogenicidad de *Pseudomonas syringae* pv. tomato DC3000 (Oral 23)

Jean Paul Cerna-Vargas[1]*, Andrea Hurtado-Rodríguez[1], Saray Santamaría-Hernando[1], José Juan Rodríguez-

Herva[1,2], Pablo Rodríguez-Palenzuela[1,2], A.bdelali Daddaoua[3], Tino Krell[3], Emilia López-Solanilla[1,2]
[1]Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas (UPM-INIA). Campus de Montegancedo, Universidad Politécnica de Madrid, Pozuelo de Alarcón, Madrid. [2]Departamento de Biotecnología-Biología Vegetal, Escuela Técnica Superior de Ingeniería Agronómica, Alimentaria y de Biosistemas, UPM, Madrid. [3]Departamento de Protección Ambiental, Estación Experimental del Zaidín, Consejo Superior de Investigaciones Científicas, Granada.

13:15-13:30 Horizontal gene transfer contributes to virulence in a plant pathogenic fungus (Oral 24)

Michael R. Thon, Vinicio Armijos-Jaramillo, José M. Sanz-Martín, Serenella A Sukno*
Universidad de Salamanca, Instituto Hispano-Luso de Investigaciones Agrarias (CIALE), Campus de Villamayor. Salamanca.

13:30-13:45 Identificación de pequeños RNAs artificiales altamente efectivos contra virus y viroides (Oral 25)

Alberto Carbonell[1], Carmelo López[2], José-Antonio Darós[1]*
[1]IBMCP, CSIC-Universitat Politècnica de València, Valencia. [2]COMAV, Universitat Politècnica de València, Valencia.

13:45-14:00 Vanillylnonanoate induced resistance in *Arabidopsis* against *Botrytis cinerea*: a story of lignification and hormones (Oral 26)

Tania García[1], Victoria Pastor[2], Jan van Kan[3], Víctor Flors[2], Néstor Carrillo-Barral[1], Javier Veloso[1], José Díaz[1]*
[1]Grupo de Investigación de Fisioloxía e Aplicacións das Plantas (FISAPLANT), Departamento de Bioloxía, Facultade de Ciencias, Universidade da Coruña, Campus de A Zapateira, A Coruña. [2]Metabolic Integration and Cell Signaling Group, Plant Physiology Section, Department of CAMN, Universitat Jaume I, Castellón. [3]Wageningen University Plant Sciences, Laboratory of Phytopathology, Wageningen, The Netherlands.

14:00-15:30 **ALMUERZO EN EL HOTEL**

15:30-16:30 **SESIÓN DE POSTERS Y CAFÉ** – Sala Ronda/Buenavista

16:30-18:00 **SESIONES SIMULTÁNEAS II**

Detección y diagnóstico – Auditorio Hotel Beatriz

Moderadores: Ana Palacio y Antonio Olmos

16:30-16:45 Detection and identification of new mycoviruses in *Rosellinia necatrix* isolates from avocado crops (Oral 27)

Juan Manuel Arjona-López[1,2], Nobuhiro Suzuki[2], Carlos José López-Herrera[1]*
[1]Departamento de Protección de Cultivos, Instituto de Agricultura Sostenible, C.S.I.C., Córdoba. [2]Institute of Plant Science and Resources, Okayama University, Kurashiki, Japan.

16:45-17:00 Determination of the complete 5'-UTR of the ipomovirus *Cucumber vein yellowing virus* (CVYV), and its relevance for infectivity in cucurbit plants (Oral 28)

Inmaculada Ferriol[1], María Luisa Domingo-Calap[1], Cecile Desbiez[2], Juan José López-Moya[1]*
[1]Center for Research in Agricultural Genomics (CRAG), CSIC-IRTA-UAB-UB, Campus UAB, Cerdanyola del Vallés, Barcelona. [2]Institut National Recherche Agronomique (INRA), Unité de Pathologie Végétale, Montfavet, France.

17:00-17:15 Polyvalent detection of members of the *Potyvirus* genus by molecular hybridization using a 'Genus-probe' (Oral 29)

Jesús A. Sánchez-Navarro[1]*, Christopher N. Cooper[2], Vicente Pallás[1]
[1]Department of Molecular and Evolutionary Plant Virology. Instituto de Biología Molecular y Celular de Plantas (IBMCP) (UPV-CSIC). Universitat Politécnica de Valencia, Valencia. [2]Georgia Institute of Technology. School of Chemistry & Biochemistry, Atlanta, USA.

17:15-17:30 Small RNA-Seq to characterize viruses responsible of Lettuce big-vein disease (Oral 30)

Agustina Bernal-Vicente[1]*, Livia Donaire[2], Cristina Gómez-Aix[1], Mª Amelia Sánchez-Pina[2], Miguel Juárez[3], Yolanda Hernando[1], Miguel Ángel Aranda[2]
[1]R&D department, ABIOPEP S.L., Murcia, Spain. [2]Plant stress and disease biology department, CEBAS-CSIC, Murcia. [3]Plant Production and Microbiology Department, University Miguel Hernández of Elche, Orihuela, Alicante.

17:30-17:45 Análisis para la detección de '*Candidatus Liberibacter africanus*' vinculados al programa de control biológico contra *Trioza erytreae* (Oral 31)

F. Siverio[1]*, R. Rizza[1], S. Bastin[1], S. Barbé[2], J. Peñalver[2], E. Hernández-Suárez[1], A. Tena[2], E. Marco-Noales[2]
[1]Instituto Canario de Investigaciones Agrarias (ICIA). La Laguna, Tenerife. [2]Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias (IVIA), Moncada, Valencia

17:45-18:00 Detecciones de *Xylella fastidiosa* en España y análisis de las diferentes situaciones derivadas de las mismas (Oral 32)

Montserrat Roselló[1]*, Diego Olmo[2], Belén Álvarez[3], María Teresa Urrutia[4], Blanca B. Landa[5], Ester Marco-Noales[6].
[1]Laboratorio de Diagnóstico Fitopatológico. Generalitat Valenciana, Silla, Valencia. [2]Laboratorio de Sanidad Vegetal de les Illes Balears. Govern de les Illes Balears, Palma de Mallorca. [3]Laboratorio de Sanidad Vegetal. IMIDRA. Comunidad de Madrid. Alcalá de Henares. Madrid. [4]Laboratorio de Sanidad Vegetal de Almería. Junta de Andalucía. Almería. [5]Instituto de Agricultura Sostenible (CSIC), Córdoba. [6]Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias (IVIA), Moncada, Valencia.

Gestión de enfermedades – Sala Alcázar

Moderadores: Xavier Sorribas y Elisa González

16:30-16:45 Estudio del efecto interactivo de los bosques mixtos mediterráneos sobre la capacidad infectiva y de supervivencia de *Phytophthora cinnamomi* (Oral 33)

Daniel Arrayás, M. Carmen Gómez, Lorena Gómez-Aparicio, María Socorro Serrano*
Instituto de Recursos Naturales y Agrobiología de Sevilla, Sevilla.

16:45-17:00 Estrategia biológica para el control de la podredumbre parda: validación a nivel Europeo (Oral 34)

Neus Teixidó[1]*, Antonieta De Cal[2], Carla Casals[1], Rosario Torres[1], Belén Guijarro[2], Víctor Perdrix[3], Ulrike Hilscher[4], Edith Ladurner[5], Tom Smets[6], Josep Usall[1]
[1]IRTA, XaRTA-Postcollita, Edifici Fruitcentre, Parc Científic i Tecnològic Agroalimentari de Lleida (PCiTAL), Parc de Gardeny, 25003 Lleida. [2]INIA, Departamento de Protección Vegetal, Madrid. [3]Opennatur S.L., Barcelona. [4]Bayer CropScience Biologics GmbH, Wismar, Alemania. [5]CBC (Europe) S.r.l. – BIOGARD Division, Cesena (FC), Italia. [6]pcfruit npo, Sint-Truiden, Bélgica.

17:00-17:15 Diseño y desarrollo de un sistema de predicción de la mancha bacteriana de los frutales de hueso y almendro causada por *Xanthomonas arboricola* pv. pruni (Oral 35)

Gerard Morales, Concepció Moragrega, Emilio Montesinos, Isidre Llorente*
Institut de Tecnologia Agroalimentària. Universitat de Girona, Girona.

17:15-17:30 Análisis multifactorial de la presión de enfermedades y el uso de pesticidas en viticultura: posibilidades de reducción en el sudoeste de Europa (Oral 36)

Carlos Calvo-Garrido[1]*, Felicidad De Herralde[2], Xoan Elorduy[3], Enric Bartra[3], Eric Giraud-Heraud[4], Jose Maria Gil[5], Isaac Rodriguez[6], Rafael Cela[6], Miguel Tubio[7], Jean Roudet[1], Pascal Lecomte[1], Denis Thiery[1], Marc Fermaud[1]
[1]SAVE, INRA, Bordeaux Science Agro, Villenave d'Ornon, Francia. [2]IRTA, Caldes de Montbui, España. [3]INCAVI, Vilafranca del Penedès. [4]GREThA, ISVV, Villenave d'Ornon, Francia. [5]CREDA, Parc Mediterrani de la Tecnologia, Castelldefels. [6]Departamento de Química Analítica, Nutrición y Bromatología, IIAA, USC, Santiago de Compostela. [7]Bodegas Martín Códax, Vilariño, Cambados, Pontevedra.

17:30-17:45 Prevalencia y caracterización de los subgrupos de fitoplasmas asociados a árboles urbanos de *Quercus humboldtii* Bonpla en Bogotá – Colombia (Oral 37)

Jennifer Andrea García-Baracaldo[1], Julian Rodrigo Lamilla-Monje[1], Liliana Franco-Lara[1]*
[1]Facultad de Ciencias Básicas y Aplicadas, Universidad Militar Nueva Granada, Cundinamarca, Colombia

17:45-18:00 Elucidating the role of grapevine rootstock genotypes in shaping rhizosphere microbiome composition and their interactions with black-foot disease (Oral 38)

Carmen Berlanas[1], Mónica Berbegal[2], Meriem Laidani[2], Georgina Elena[2], José Félix Cibriain[3], Ana Sagües-Sarasa[3], David Gramaje[1]*
[1]Instituto de Ciencias de la Vid y del Vino (ICVV), Consejo Superior de Investigaciones Científicas-Universidad de la Rioja, Gobierno de La Rioja, Finca La Grajera, Logroño. [2]Instituto Agroforestal Mediterráneo, Universitat Politècnica de València, Valencia. [3]EVENA/INTIA, Departamento de Desarrollo Rural, Medio Ambiente y Administración Local, Gobierno de Navarra, Olite.

Interacción planta-patógeno - Sala Catedral

Moderadores: Francisco Tenllado y Pedro Gómez

16:30-16:45 Functional study of two tomato proteins interacting with the *Pepino mosaic virus* coat protein, a step toward obtaining resistant plants (Oral 39)

Eduardo Méndez-López[1], Livia Donaire[1], Blanca Gosálvez[1], Raquel N. Sempere[1], Jens Tilsner[2,3], Fabiola Ruiz-Ramón[1], Luis Rodríguez-Moreno[1], M. Amelia Sánchez-Pina[1] and Miguel A. Aranda[1]*
[1]Grupo de Patología Vegetal, Centro de Edafología y Biología Aplicada del Segura (CEBAS-CSIC), Espinardo, Murcia. [2]Biomedical Sciences Research Complex, University of St Andrews, Scotland, UK. [3]Cell and Molecular Sciences, The James Hutton Institute, Dundee DD2 5DA, Scotland, UK.

16:45-17:00 The context of expression of HCPro influences the ratio of sRNAs of non-plant vs. plant sequence associated to the purified protein (Oral 40)

Francsico Javier del Toro, Eva Covielles, Emmanuel Aguilar, Franciso Tenllado, Tomás Canto*
Department of Environmental Biology, Center for Biological Research, CIB-CSIC, Madrid.

17:00-17:15 Analysis of the cellular localization of melon VPS41, a protein that confers resistance to *Cucumber mosaic virus* (Oral 41)

Nùria Real[1], Ana Montserrat Martín Hernández[1,2]*
[1]Centre for Research in Agricultural Genomics (CRAG) CSIC-IRTA-UAB-UB, Bellaterra (Cerdanyola del Vallès), Barcelona. [2]IRTA (Institut de Recerca i Tecnologia Agroalimentàries), Barcelona.

17:15-17:30 Contrasting effects between accumulation and transmission in mixed infection of WMV and CYSDV in melon (Oral 42)

Maria Luisa Domingo-Calap[1], Ana Beatriz Moreno[1], Juan Antonio Díaz Pendón[2], Aranzazu Moreno[3], Alberto Fereres[3], Juan José López-Moya[1]*
[1]Centre for Research in Agricultural Genomics CRAG, CSIC-IRTA-UAB-UB, Cerdanyola del Vallès, Barcelona. [2]Institute for Mediterranean and Subtropical Horticulture "La Mayora" (IHSM-UMACSIC), Algarrobo-Costa, Málaga. [3]Institute of Agricultural Sciences, ICA, CSIC, Madrid.

17:30-17:45 Costs and benefits of plant defenses against a sterilizing virus (Oral 43)

Nuria Montes, Marisa López-Herranz, Israel Pagán*
Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas (UPM-INIA). Campus de Montegancedo, Universidad Politécnica de Madrid, Pozuelo de Alarcón, Madrid.

17:45-18:00 Cambios ultraestructurales y de expresión de proteínas en *Nicotiana benthamiana* inducidos por el virus 1 del marchitamiento del haba: papel de la proteína viral VP37 en el desarrollo de la enfermedad (Oral 44)

Laura Elvira-González[1,2], Paola Fortuño[1,3], Vicente Medina[4], Caterina Carpino[1,5], Luis Rubio[1]*, Luis Galipienso[1,2]
[1]Centro de Protección Vegetal y Biotecnología, Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias (IVIA), Valencia. [2]Departamento de Biotecnología, Universitat Politècnica de València. [3]Universidad Católica de Valencia. [4]Departamento de Producción Vegetal y Ciencia Forestal, Universitat de Lleida. [5]Departamento de Agricultura y Ciencias Forestales, Universidad de Palermo, Italia

18:00-19:30 **ASAMBLEA DE LA SEF** – Auditorio Hotel Beatriz

MIÉRCOLES (10-Octubre-2018)

9:00-9:45 **PONENCIA PLENARIA III** – Auditorio Hotel Beatriz

Moderador: Emilio Montesinos

Insights into the citrus Huanglongbing pathosystem

Ponente: Nian Wang. Institute of Food and Agricultural Science. University of Florida, USA.

9:45-10:45 **SESIÓN PLENARIA III** – Auditorio Hotel Beatriz

Moderadores: Pablo Rodríguez Palenzuela y Araceli Castillo

9:45-10:00 Modelización espacial bayesiana aplicada a las prospecciones de *Xylella fastidiosa* en Alicante (Oral 45)

Martina Cendoya[1], Joaquín Martínez-Minaya[2], Amparo Ferrer-Matoses[3], Vicente Dalmau[3], David Conesa[2], Antonio López-Quílez[2], Antonio Vicent[1]*
[1]Centre de Protecció Vegetal i Biotecnologia, Institut Valencià d'Investigacions Agràries (IVIA), Moncada, Valencia. [2]Departament d'Estadística i Investigació Operativa, Universitat de València, Burjassot, Valencia. [3]Servei de Sanitat Vegetal, Conselleria d'Agricultura, Medi Ambient, Canvi Climàtic i Desenvolupament Rural, Generalitat Valenciana, Silla.

10:00-10:15 Molecular and biological characterization of deltasatellites, a new class of non-coding DNA satellites associated with begomoviruses (Oral 46)

Elvira Fiallo-Olivé*, Jesús Navas-Castillo
Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea "La Mayora", Universidad de Málaga- Consejo Superior de Investigaciones Científicas (IHSM-UMA-CSIC), Málaga.

10:15-10:30 Characterization of two new partitiviruses that replicate differentially in the fungi *Entoleuca sp*. and *Rosellinia necatrix* that infect avocado (Oral 47)

Leonardo Velasco[1]*, Enrico Cretazzo[1], Isabel Arjona-Girona[2], Carlos López-Herrera[2]
[1]Instituto Andaluz de Investigación y Formación Agraria (IFAPA), Málaga. [2]Instituto de Agricultura Sostenible (IAS), CSIC, Córdoba.

10:30-10:45 Expresión heterogénea de genes relevantes para la virulencia de *Pseudomonas syringae* (Oral 48)

Nieves López-Pagán[1], José S. Rufián[1], Diego López-Márquez[1], Laurent Aussel[2], Javier Ruiz-Albert[1], Carmen R. Beuzón[1]*
[1]Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea "La Mayora" (IHSM-UMA-CSIC). Departamento de Biología Celular, Genética y Fisiología. Facultad de Ciencias. Universidad de Málaga. Málaga. [2]Aix Marseille Université, CNRS, LCB UMR, 7283, IMM, Marseille, France.

10:45-12:30 **SESIÓN DE POSTERS Y CAFÉ** – Sala Ronda/Buenavista

12:30-13:00 **PONENCIA INVITADA IV** – Auditorio Hotel Beatriz

Moderadores: Carmen Hernández Fort y Diego Olmo

Impact of RNA-directed DNA methylation during plant biotic interactions

Ponente: Virginia Ruíz Ferrer. Grupo de Biotecnología y Biología Molecular de Plantas. Universidad de Castilla La Mancha, Toledo.

13:00-13:30 **PONENCIA INVITADA V** – Auditorio Hotel Beatriz

Moderadores: Carmen Hernández Fort y Diego Olmo

Papel de la matriz extracelular en el ataque y defensa de Bacillus en la interacción con plantas

Ponente: Diego Romero. Departamento de Microbiología. Centro de Supercomputación y Bioinnovación. Universidad de Málaga, Málaga.

13:30-14:00 **SESIÓN DE EMPRESAS Y TRANSFERENCIA** – Auditorio Hotel Beatriz

Moderadores: Luis Rubio e Inmaculada Ferriol

13:30-13:45 *New breading technologies: a solution for plant virus resistance?*
Ponente: ABIOPEP

13:45-14:00 *Addressing the interplay of genome, environment, and phenome*
Ponente: Sandra Cuni (IZASA)

14:00-15:30 **ALMUERZO EN EL HOTEL**

15:30-16:00 **PONENCIA INVITADA VI** – Auditorio Hotel Beatriz

Moderadores: Luis Rubio e Inmaculada Ferriol

MicroRNAs artificiales como fuente de resistencia antiviral y diversidad

Ponente: Carmen Simón-Mateo. Departamento de Genética Molecular de Plantas. Centro Nacional de Biotecnología, UAM-CSIC, Madrid.

16:00-17:30 **SESIONES SIMULTÁNEAS III**

Interacción planta-patógeno – Auditorio Hotel Beatriz

Moderadores: Jesús Navas e Israel Pagán

16:00-16:15 Global analysis of the geminivirus *Tomato yellow leaf curl virus* (TYLCV) genome expression and DNA methylation during infection in tomato plants (Oral 49)

Alvaro Piedra-Aguilera[1], Chen Jiao[2], Ana P. Luna[1], Beatriz Romero-Rodríguez[1], Anna Esteve-Codina[3], Francisco Villanueva[1], Juan A. Díaz-Pendón[1], Zhanjun Fei[2], Eduardo R. Bejarano[1] and Araceli G. Castillo[1]*
[1]Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea "La Mayora" (IHSM-UMA-CSIC), Area de Genética, Universidad de Málaga, Málaga. [2]Boyce Thompson Institute, Cornell University, Ithaca, NY, USA. [3]Centro Nacional de Análisis Genómico (CNAG). Barcelona Science Park, Barcelona.

16:15-16:30 Coordinated regulation of the immune repressor BIR1 during viral infections involves transcriptional and post-transcriptional silencing and is required to preserve host integrity (Oral 50)

Irene Guzmán-Benito[1], Livia Donaire[1], Alicia Esteban del Valle[2], Andrzej T. Wierzbicki[3], Miguel Angel Botella[2], César Llave[1]*
[1]Department of Microbial and Plant Biotechnology, Centro de Investigaciones Biológicas, CSIC, Madrid. [2]Departamento de Biologia Molecular y Bioquímica. Universidad de Málaga, Málaga. [3]Department of Molecular, Cellular, and Developmental Biology, University of Michigan, Michigan, USA.

16:30-16:45 Identificación de una proteína de *Arabidopsis* que presenta actividad desmetilasa m6A y participa en el control del proceso infeccioso del virus del mosaico de la alfalfa y en la regulación de los niveles de m6A en su genoma (Oral 51)

Mireya Martínez-Pérez, Frederic Aparicio, Maria Pilar López-Gresa, Jose María Belles, Jesús Ángel Sánchez-Navarro, Vicente Pallás*
Instituto de Biología Molecular y Celular de Plantas (IBMCP). (Universitat Politecnica de Valencia-Consejo Superior de Investigaciones Científicas), Valencia.

16:45-17:00 Cell-death triggered by the P25 protein in *Potato virus X*-associated synergisms results from ER stress in *Nicotiana benthamiana* (Oral 52)

Emmanuel Aguilar[1], Francisco J. del Toro[1], Chantal Brosseau[2], Peter Moffett[2], Tomás Canto[1], Francisco Tenllado[1]*
[1]Centro de Investigaciones Biológicas, CSIC, Madrid 28040. [2]Université de Sherbrooke, Sherbrooke, Québec, Canada.

17:00-17:15 Geminivirus replication protein impairs SUMO conjugation of PCNA at two acceptor sites (Oral 53)

Blanca Sabarit[1], Manuel Arroyo-Mateos[1,2], Francesca Maio[2], Miguel Sánchez-Durán[1], Tábata Rosas-Díaz[1,4], Alejandro F. Uceta-Gamaza[1], Marcel Prins[3], Javier Ruiz -Albert[1], Ana P. Luna[1], Harrold A. van den Burg[2], Eduardo R. Bejarano[1]*.
[1]Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea "La Mayora", (IHSM-UMA-CSIC), Málaga. [2]Molecular Plant Pathology, Swammerdam Institute for Life Sciences, Faculty of Science University of Amsterdam, Amsterdam, The Netherlands. [3]Keygene NV, Wageningen, The Netherlands. [4]Shanghai Center for Plant Stress Biology/CAS Center for Excellence in Molecular Plant Science, Chinese Academy of Sciences, Shanghai, China.

17:15-17:30 *Azospirillum brasilense* Sp7 x *Gibberella zeae* interactions in early growth stages of high carotenoid corn activates the MYB transcription factor to up-regulate the JA and SA hormone response (Oral 54)

Sarah B. Lade[1,2]*, Jordi Giné Bordonaba[3], Alfonso Albacete[4], Luis Serrano[1,2], Joan Segarra[1,2], Paul Christou[1,2], Vicente Medina[1,2]
[1]Universitat de Lleida, Escola Tècnica Superior d´Enginyeria Agrària (ETSEA), Departament de Producció. Vegetal i Ciència Forestal, Lleida. [2]AGROTECNIO Center, Universitat de Lleida, Escola Tècnica Superior de l'Enginyeria Agrària (ETSEA), Lleida. [3]Postharvest Programme, Institute for Food and Agricultural Research and Technology (IRTA), Parc Científic I Tecnologic Agroalimentari de Lleida, Parc de Gardeny, Lleida. [4]Departamento de Nutrición Vegetal, CEBAS-CSIC, Murcia.

Epidemiología e interacción planta-patógeno - Sala Alcázar

Moderadores: Cristina Cabaleiro y Montserrat Roselló

16:00-16:15 Colonización endófita de *Fusarium circinatum* en raíces de *Pinus radiata* y huéspedes alternativos en una plantación con chancro resinoso (Oral 55)

Laura Hernández-Escribano[1,2]*, Margarita Elvira-Recuenco[1], Eugenia Iturritxa[3], Ana Aragonés[3], Nebai Mesanza[3], Mónica Berbegal[4], Rosa Raposo[1,5]
[1]Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria, Centro de Investigación Forestal (INIA-CIFOR), Madrid. [2]Departamento de Biotecnología-Biología Vegetal, Escuela Técnica Superior de Ingeniería Agronómica, Alimentaria y de Biosistemas, Universidad Politécnica de Madrid, Madrid. [3]NEIKER, Granja Modelo de Arkaute, Vitoria-Gasteiz. [4]Instituto Agroforestal Mediterráneo, Universitat Politècnica de València, Valencia. [5]Instituto de Gestión Forestal Sostenible (iuFOR), Universidad de Valladolid/INIA, Valladolid.

16:15-16:30 New insights in the epidemiology and management of Botrytis bunch rot in vineyards (Oral 56)

Elisa González-Domínguez[1]*, Giorgia Fedele[2], Vittorio Rossi[2]
[1]Horta SRL., Piacenza, Italy (www.horta-srl.com). [2]Department of Sustainable Crop Production, Università Cattolica del Sacro Cuore, Piacenza, Italy.

16:30-16:45 Estudio etiológico de la podredumbre de los dientes de ajo (*Alllium sativum*) en postcosecha (Oral 57)

Laura Gálvez*, Daniel Palmero
Laboratorio de Protección Vegetal, Escuela Técnica Superior de Ingeniería Agronómia, Alimentaria y de Biosistemas, Universidad Politécnica de Madrid, Madrid.

16:45-17:00 Endogenous plant elicitor peptides as sustainable tools to control plant pathogens (Oral 58)

Laura Foix, Anna Nadal, Laura Montesinos, Cristina Ruiz, Emilio Montesinos, Maria Pla*
Institute for Food and Agricultural Technology (INTEA), University of Girona, Campus Montilivi (EPS-1), Girona.

17:00-17:15 Genética de poblaciones, análisis genético y genómica: contribuciones en la caracterización de la interacción *Botrytis cinerea* – *Vitis vinifera* (Oral 59)

Wilson Acosta[1], Francisco Anta[1], Mike Thon1, Ricardo Baroncelli[1,2], Jan van Kan[3], José María Díaz-Mínguez[1], Ernesto Pérez Benito[1]*.
[1]Centro Hispano Luso de Investigaciones Agrarias (CIALE). Dpto. de Microbiología y Genética. Universidad de Salamanca. Villamayor de la Armuña. Salamanca. [2]Laboratoire Universitaire de Biodiversité et Écologie Microbienne, ESIAB, Université de Brest, Plouzané, Finistère, Francia. [3]Laboratorio de Fitopatología. Wageningen University, Wageningen, The Netherlands.

17:15-17:30 Efecto de una ola de calor en castaños estresados hídricamente y posteriormente infectados por *Phytophthora cinnamomi* (Oral 60)

Álvaro Camisón[1], Ángela Martín[2], Francisco Alcaide[1], Pilar Santamargarita[1], Marina González[1], Francisco de Dios[1], Jesús Rodríguez[1], David Morcuende[3], Beatriz Cuenca[4], Alejandro Solla[1]*
[1]Instituto de Investigación de la Dehesa; Ingeniería Forestal y del Medio Natural, Universidad de Extremadura. Plasencia. 2Escuela Técnica Superior de Ingeniería Agronómica y de Montes, Universidad de Córdoba, Córdoba. 3Instituto de Investigación IProCor; Grupo de Investigación TECAL, Universidad de Extremadura, Cáceres. 4TRAGSA, Vivero de Maceda, Maceda, Ourense.

Interacción planta-patógeno – Sala Catedral

Moderadores: Carmen Beuzón y Clara Pliego

16:00-16:15 Análisis metabolómico de la producción de compuestos indólicos por bacterias fitopatógenas del complejo *Pseudomonas syringae* (Oral 61)

Adrian Pintado[1], Victoria Pastor[2], Miguel Cerezo[2], Victor Flors[2], Cayo Ramos[1]*
[1]Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea "La Mayora", Universidad de Málaga-CSIC, Área de Genética, Universidad de Málaga, Málaga. [2]Metabolic Integration and Cell Signalling Group, Departament de Ciències Agràries i del Medi Natural, Universitat Jaume I (UJI), Castellón de la Plana.

16:15-16:30 Estudio comparativo de características de las cepas de *Pseudomonas syringae* pv. syringae asociadas a mango (Oral 62)

Francesca Aprile, José A. Gutiérrez-Barranquero, Francisco M. Cazorla, Antonio de Vicente*
Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea "La Mayora" (IHSM-UMA-CSIC), Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias, Universidad de Málaga, Málaga.

16:30-16:45 A *Verticillium dahliae* RNA-dependent RNA polymerase plays an important role during mycovirus infection (Oral 63)

M.C. Cañizares[1], P. Prieto[2], E. Pérez-Artés[3], M.D. García-Pedrajas[1]*
[1]Depto. Protección de Plantas, Instituto de Hortifruticultura Subtropical y Mediterranea "La Mayora", Universidad de Málaga-Consejo Superior de Investigaciones Cientificas (IHSM-UMA-CSIC), Málaga. [2]Depto. de Mejora Genética, Instituto de Agricultura Sostenible, CSIC, Córdoba. [3]Depto. Protección de Cultivos, Instituto de Agricultura Sostenible, CSIC, Córdoba.

16:45-17:00 Papel del HPR como molécula señal en las interacciones multitróficas (Oral 64)

S. Tienda[1]*, C. Vida[2], E. Arrebola[1], A. de Vicente[1], F.M. Cazorla[1]
[1]Instituto de Horticultura Subtropical y Mediterránea "La Mayora", Consejo Superior de Investigaciones Científicas (IHSM-UMA-CSIC), Málaga. [2]Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias, Universidad de Málaga, Málaga.

17:00-17:15 La deleción parcial del cromosoma pequeño determina la pérdida de patogenicidad en *Fusarium oxysporum* (Oral 65)

Virginia Casado del Castillo[1]*, Riccardo Baroncelli[2], Michael R. Thon[1], Ernesto P. Benito[1], José M. Díaz-Mínguez[1]
[1]Instituto Hispano-Luso de Investigaciones Agrarias (CIALE), Departamento de Microbiología y Genética, Universidad de Salamanca, Villamayor de la Armuña, Salamanca. [2]Laboratoire Universitaire de Biodiversité et Écologie Microbienne, ESIAB, Université de Brest, Plouzané, Finistère, Francia.

17:15-17:30 Evaluación de la inducción de genes de defensa, mediante `priming´ con estrés hídrico en portainjertos de aguacate (Oral 66)

G. Moreno-Ortega, A. Zumaquero, E. Martínez-Ferri, C. Pliego*
IFAPA. Centro de Churriana, Churriana, Málaga.

17:30-18:00 CAFÉ – Sala Ronda/Buenavista

18:00-18:45 **PONENCIA PLENARIA IV** – Auditorio Hotel Beatriz

Moderador: Juan Antonio Navas Cortés

Surveillance for emerging plant pathogens: how can epidemiological models help us?

Ponente: Stephen Parnell. University of Salford. United Kingdom.

18:45-19:30 **PONENCIA EXTRAORDINARIA** – Auditorio Hotel Beatriz

Moderador: Jaime Cubero

Diversidad de bacterias fitopatógenas: del diagnóstico a la genómica y más allá

Ponente: María Milagros López. Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias. Valencia.

21:30 **CENA DE CLAUSURA –** Hotel Beatriz

Resúmenes de Ponencias Plenarias, Ponencias Invitadas y Ponencia Extraordinaria

Ponencia Plenaria I

Insights into plant- root-knot nematode interactions for developing new control strategies in crops

Diana Fernandez[1,2]

Coworkers: Anne-Sophie Petitot[1], Grossi-de-Sa Maíra[1], Sá Maria Eugênia Lisei[1,2,3], Amora Deisy[1,2], Janice de Almeida Engler[4], Albuquerque Erika Valeria Saliba[2], Natalia Martins[2], Grossi-de-Sa Maria Fatima [2], Tina Kyndt[5], Godelieve Gheysen[5]

[1]IRD - Institut de Recherche pour le Développement (Instituto francés de Investigacíon para el Desarrollo), Montpellier, France. [2]EMBRAPA-Recursos Genéticos e Biotecnologia (Cenargen), Brasília-DF, Brazil. [3]EPAMIG -Agricultural Research Company of Minas Gerais State, Uberaba, MG, Brazil. [4]INRA, Institut National de la Recherche Agronomique, Sophia-Antipolis, France. [5]Ghent University, Department of Molecular Biotechnology, Gent, Belgium

Root-knot nematodes (RKNs) are microscopic round worms of the *Meloidogyne* genus able to parasitize a large number of plants, including important mono- and dicotyledonous plant crops. RKNs settle in roots where they complete their life cycle by feeding from adapted host giant cells. Successful infection is likely achieved by effector molecules produced in the nematode esophageal gland cells and released into host tissues. We used the rice (*Oryza sativa*) – *Meloidogyne* spp. pathosystem as a model to gain knowledge into molecular plant-nematode interactions and provide new insights for developing control strategies towards RKNs. Dual RNA-Seq analyses allowed to identify candidate effectors from the *M. graminicola* secretome. The functional role of three *Meloidogyne* esophageal gland cell proteins was assessed by producing transgenic rice plants expressing the candidate proteins or artificial micro-RNAs (amiRNAs) able to silence the cognate genes in the nematode. A putative role for the MSP18 effector protein in suppressing host immunity was found in tobacco cell death-induced transient assays. In parallel, knowledge on rice innate immunity to RKNs was gained through histological and transcriptomic analyses in the related species *Oryza glaberrima*. Resistance in rice involved the restriction of juvenile penetration in roots, and later on the degeneration of the giant cells formed. Rice candidate genes proposed as involved in resistance to *M. graminicola* were identified based on their expression pattern and QTL position. Some perspectives to control important RKNs based on strategies targeting essential nematode proteins will be presented in conclusions.

Ponencia Plenaria II

An evolutionary ecology perspective to address forest pathology challenges of today and tomorrow

Marie-Laure Desprez-Loustau

INRA, Univ. Bordeaux, Cestas, France

Forests are increasingly exposed to various threats, including pathogens, with may have dramatic impacts on the multiple ecosystem services they provide. Contrary to agriculture, many forests are still little or non-domesticated systems which are more vulnerable to rapid global changes linked to human activities, although natural regulation mechanisms operating against pathogens have been maintained at a higher level than in crops. Forest pathology has historically relied on an ecological approach to understand diseases and address their practical management. Here, I advocate for a widening of this perspective to include evolutionary considerations in response to new human-driven pressures affecting pathogen populations. This evolutionary perspective embraces a variety of topics such as the processes involved in the invasion success of invasive fungi, durable resistance of forest plantations or the role of the microbiota, with the overall goal of understanding and promoting forest resilience to pathogens. Interestingly this evolutionary ecological approach is also increasingly considered to improve agriculture sustainability.

Ponencia Plenaria III

Insights into the citrus Huanglongbing pathosystem

Nian Wang

Citrus Research and Education Center, Department of Microbiology and Cell Science, Institute of Food and Agricultural Sciences, University of Florida, Lake Alfred, Florida 33850

"*Candidatus* Liberibacter" species are associated with economically devastating diseases of citrus, potato, and many other crops. The importance of these diseases as well as the proliferation of new diseases on a wider host range is likely to increase as the insects vectoring the "*Ca*. Liberibacter" species expand their distributions worldwide. Here, I will present the progress on understanding the biology and pathogenesis mechanisms of "*Ca*. Liberibacter" species with focus on "*Ca*. L. asiaticus" (Las). Las causes citrus Huanglongbing in Asia, USA and Brazil. I will discuss the Liberibacter virulence traits, including secretion systems, putative effectors, pathogen associated molecular patterns such as flagella, as well as other important traits that contribute to disease development. I will also discuss our current progress in using genome editing to generate disease resistant citrus varieties.

Ponencia Plenaria IV

Surveillance for emerging plant pathogens: how can epidemiological models help us?

Stephen Parnell

University of Salford. United Kingdom

There has been a dramatic increase in emerging plant diseases in recent times. Examples include HLB, which has decimated citrus production in the US and Brazil, Ug99 and other races of stem rust in Africa and the middle-east, which threaten food security, and the first epidemic of *X. fastidiosa* which is currently causing grave concern in Europe. Preventative measures such as quarantine and border inspections cannot catch all epidemics and effective surveillance for early detection in agricultural and natural landscapes is paramount to successful control. However, surveillance is prohibitively expensive and a needle in a haystack problem, given we often seek to detect epidemics at a very early stage across vast host landscapes. In this talk I show how epidemiological models can be used to remove the guess work from the design of surveys and help target resources to maximise the probability of detecting new epidemics. I describe a range of different epidemiological modelling methods and show how they can help us to answer important surveillance questions such as: where and when should we look for a pest? How intensively do we need to sample? Which detection methods should I use?

Ponencia Invitada I

Predicting establishment and adaptation to invasive forest pathogens of the genus *Phytophthora* using functional traits of the pathogen and the host

Miguel Angel Redondo[1], Johanna Boberg[1], Jan Stenlid[1], Jonàs Oliva[1,2,*]

[1]Department of Forest Mycology and Plant Pathology, Swedish University of Agricultural Sciences, Box 7026, 750 07 Uppsala, Sweden; 2Department of Crop and Forest Sciences, University of Lleida, Alcalde Rovira Roure, 191, 25198 Lleida, Spain

Globalization and climate change are bringing together host and pathogen that lack a co-evolutionary past. Amongst those, pathogens of the genus Phytophthora are responsible of some of the most dramatic outbreaks worldwide. Within the EU-funded RESIPATH project, we tested whether functional traits could be used to predict which Phytophthora species would establish in Sweden. Also, we studied *Phytophthora uniformis/alni-Alnus glutinosa* pathosystem to understand whether naïve host populations will adapt or not to a new pathogen. Resistant structures was a key functional trait to predict establishment in Sweden. Once established, we saw that invasive *Phytophthora* species distributed in Sweden following a climatic gradient. Temperature was the main driver for aquatic Phytophthora species, while precipitation was the main driver for terrestrial species. We saw signs of natural selection in alder stands invaded by *P. uniformis*, but not in those invaded by *P. alni*. The increase in resistance observed in *P. uniformis* occurred in conjunction with a reduction in broad sense heritability for resistance. Our work encourages the use of functional traits for risk assessment. It highlights the importance of considering the physical environment (water or soil) where pathogens complete their life cycle when predicting their response to climate. Concerning adaptation, it seems that the amount of initial genetic resistance in the naïve host, and not the aggressiveness of the pathogen, determines natural selection.

Ponencia Invitada II

Nematodos entomopatógenos, interacciones multitróficas y su impacto en la mejora de la protección y producción de cultivos

Raquel Campos-Herrera

Instituto de Ciencias de la Vid y del Vino (CSIC, Universidad de La Rioja, Gobierno de La Rioja). Finca La Grajera, Carretera de Burgos km 6, 26007 Logroño, Spain.

Numerosas plagas y enfermedades amenazan los cultivos y provocan pérdidas significativas en su producción. No obstante, también son numerosos los organismos beneficiosos que permiten limitar el daño y mejorar los rendimientos. Conocer cómo interactúan dichos organismos es imprescindible para desarrollar estrategias de manejo optimizadas a cada escenario ecológico. Dentro de los organismos beneficiosos, los nematodos entomopatógenos (NEP) están considerados excelentes agentes de control biológico de plagas de insectos. Sin embargo, el desconocimiento de los factores ecológicos que afectan su eficacia limita enormemente su empleo. El desarrollo de nuevas herramientas moleculares basas en PCR cuantitativa a tiempo real (qPCR) ha permitido avanzar en el estudio de la ecología de los NEP y su interacción con otros organismos, interconectados en complejas redes tróficas. Ejemplos de Florida, Suiza y Portugal ilustrarán cómo la combinación de estas herramientas moleculares con el análisis de variables edáficas y ambientales permite establecer factores clave que incrementen el potencial de los NEP como agentes de control biológico. La puesta en práctica de estas observaciones permite establecer los escenarios ecológicos que disminuyan el impacto de los herbívoros del suelo y otros organismos (p.ej. *Phythophthora*), favorezcan el crecimiento y producción de cultivos y, a su vez, permitan reducir nuestra dependencia de los agroquímicos convencionales.

Ponencia Invitada III

Panorama actual de *Xylella fastidiosa* en las Islas Baleares

Diego Olmo[1], Alicia Nieto[1], David Borràs[1], Marina Montesinos[1], Francesc Adrover[1], Alejandro Urbano[2], Aura Pascual[2], Eduardo Moralejo[4], Juan de Dios García[4], Omar Beidas[3], Andreu Juan[3].

[1]Laboratorio Oficial de Sanidad Vegetal de las Islas Baleares. Serveis de Millora Agrària i Pesquera. Conselleria de Medi Ambient, Agricultura i Pesca. Govern Balear. [2]TRAGSA. Empresa de Transformación Agraria. Delegación de Baleares. [3]Servicio de Agricultura. Conselleria de Medi Ambient, Agricultura i Pesca. Govern Balear. [4]Investigador colaborador con el Servicio de Agricultura. Conselleria de Medi Ambient, Agricultura i Pesca. Govern Balear.

La primera detección de *X. fastidiosa* en España se produjo en las Islas Baleares en octubre de 2016, en la localidad de Porto Cristo (Manacor), al este de la isla de Mallorca, en 3 muestras de cerezos tomadas en un centro de jardinería. Inmediatamente se aplicaron las medidas que contempla la Decisión de Ejecución (UE) 2015/789. Se han intensificado las prospecciones y análisis, en los que se han obtenido numerosas nuevas detecciones tanto en la propia isla de Mallorca como en las islas de Ibiza y Menorca, en un elevado número especies vegetales distintas, tanto silvestres como cultivadas, incluyendo almendro, olivo y vid. Los estudios moleculares basados en MLST han mostrado la presencia de distintos genotipos de *X. fastidiosa*, de las subespecies *fastidiosa* (ST1)*, multiplex* (ST81 y ST7) y *pauca* (ST80). Este hecho, unido al elevado número de brotes positivos y su amplia distribución en las islas, hace suponer que se produjeron varias entradas de material vegetal infectado a lo largo de los últimos años.

Los síntomas que se observan son variados y con distintos grados de virulencia según la especie vegetal y la subespecie de *X. fastidiosa*. En algunos casos se corresponden claramente con los descritos en la bibliografía (p. ej.: enfermedad de Pierce, '*almond leaf scorch*'), aunque también se ha detectado la presencia de la bacteria en muestras asintomáticas (p. ej.: adelfa, olivo).

Durante el año 2018 se están llevando a cabo estudios relacionados con la estructura genética de las cepas, la patogenicidad en distintas variedades de almendro, olivo y vid, la mejora del muestreo y el diagnóstico, el conocimiento de la gama de huéspedes y los vectores presentes o la caracterización del proceso de infección, entre otros.

Ponencia Invitada IV

Impact of RNA-directed DNA methylation during plant biotic interactions

Virginia Ruiz-Ferrer

Department of Environmental Sciences, Faculty of Environmental Sciences and Biochemistry, Universidad de Castilla-La Mancha, Avenida Carlos III, s/n, 45071, Toledo, Spain

It is stated that key epigenetic mechanisms such as DNA methylation control innate immunity against microbial pathogens in plants. However, knowledge of DNA methylation pathways responding to viral or nematode infections is still very scarce. To identify putative crosstalk mechanisms between epigenetic silencing and virus infections we performed bisulfite sequencing, small RNAs (sRNAs) and transcriptomics analysis in Arabidopsis infected with *Tobacco rattle virus* (TRV). Our results show a significant repression of DNA methylation genes in the infected Arabidopsis plants that coincides with changes in methylation at the whole genome level. In this regard, we also provide evidences that targets of DNA methylation such us transposable elements (TEs) induced by TRV infection are an additional factor controling the expression of nearby disease resistance genes.
Interestingy, TRV is also transmitted by root-knot nematodes (RKN). RKNs penetrate within the root elongation zone, stablish within the vascular cylinder and nourish from specialized feeding cells named giant cells (GCs) from repeated mitosis with partial cytokinesis. Cells around GCs start to proliferate developing a pseudo-organ called gall. We used transcriptomics, sRNAs and immunolocalization analysis in galls formed by *Meloidogyne javanica versus* uninfected Arabidopsis roots to characterize the epigenetic regulation during the RKN interaction. Our study showed that at early time of infection there is a general gene repression that correlate with an increase of rasiRNAs at retrotransposons (*LINE, SINE, COPIA*, *ATHYLA*) in galls.

Therefore, TRV and *M. javanica* infection affects sRNA accumulation, interferes with DNA methylation and alter the transcriptional silencing of TEs.

Ponencia Invitada V

Papel de la matriz extracellular en el ataque y defensa de Bacillus en la interacción con plantas

Diego Romero

Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea "La Mayora" –Departamento de Microbiología, Universidad de Málaga. Centro de Supercomputación y Bioinnovación, Universidad de Málaga, Calle Severo Ochoa 34, Parque Tecnológico de Andalucía, 29590 Málaga, España.

En su ciclo de vida las bacterias se organizan en comunidades multicelulares, a las que se les ha dado el nombre de biofilms. Concebidos como negativos, dada su implicación en problemas de salud de pública o la industria alimentaria, la realidad es que también pueden resultar beneficiosos. La especie *Bacillus subtilis* está constituido por miembros no patógenos, y muchas cepas viven en asociación con plantas a las que proporciona una serie de beneficios: i) defensa frente al ataque de patógenos, ii) acceso a ciertos micronutrientes o iii) adaptación a ambientes estresantes. Además los estudios realizados con cepas de esta especie han contribuido a nuestro conocimiento sobre el intrincado programa de desarrollo que desemboca en el ensamblaje de los biofilms, que empieza con las células pegándose a una superficie, seguido de un proceso de diferenciación celular, y la formación de un complejo entramado de moléculas llamado matriz extracelular y que a modo de tejido recubre a las bacterias, proporcionando estabilidad a la arquitectura de los biofilms, o protección frente a agentes estresantes.

Estudios en nuestro laboratorio han demostrado que las rutas genéticas implicadas en la formación de biofilms son funcionales en la superficie de plantas, así como su relación con la protección que ofrece *Bacillus* frente al ataque por el hongo fitopatógeno *Podosphera xanthii*. Estos resultados nos llevaron a plantear la hipótesis de que la matriz extracelular debe jugar un papel relevante en la ecología de *Bacillus* en la parte aérea de la planta. Los resultados obtenidos nos han permitido confirmar nuestra hipótesis, y además afinar en la contribución específica de cada componente a la multifuncionalidad de la matriz. La proteína amiloide TasA juega un doble papel, ensamblaje de la matriz y control del estado fisiológico de las bacterias, dos aspectos que afectan a la persistencia, colonización y antagonismo directo de *Bacillus* frente a *P. xanthii*. El polisacárido y la proteína hidrofóbica BslA son más esenciales en la defensa de *Bacillus* frente a otros competidores bacterianos que puede encontrar en la superficie vegetal, y con los que puede convivir de forma conjunta pero quizá no revuelta.

Ponencia Invitada VI

MicroRNAs artificiales como fuente de resistencia antiviral y diversidad

Frida Mesel, Mingmin Zhao, David San León, Lorenzo Burgos, Juan Antonio García, Carmen Simón-Mateo

Departamento de Genética Molecular de Plantas.

Centro Nacional de Biotecnología, UAM-CSIC, Madrid.

La tecnología de los microRNAs artificiales (amiRNAs) utiliza el mecanismo natural de silenciamiento de RNA para conseguir un efectivo silenciamiento post-transcripcional de genes endógenos o de patógenos. Hemos estudiado la utilidad de esta tecnología para la protección frente al potyvirus *Plum pox virus* (PPV) (genoma ssRNA de polaridad positiva) causante de la sharka, una de las enfermedades más importantes de los árboles frutales de frutos con hueso. Un objetivo fundamental de nuestro estudio ha sido caracterizar factores relevantes para la actividad de los amiRNAs y evaluar su influencia sobre el potencial evolutivo del virus. Mientras que las construcciones diseñadas para producir un amiRNA maduro dirigido contra el RNA genómico del virus proporcionaban una protección altamente efectiva frente al PPV en plantas transgénicas de *Nicotiana benthamiana*, las que estaban dirigidas contra la hebra de RNA complementaria solo producían una resistencia parcial. El análisis de las secuencias de las variantes virales que escapaban de la resistencia, así como el análisis de los extremos de los fragmentos de RNA viral que se acumulan en líneas con resistencia parcial transformadas con los dos tipos de construcciones ha mostrado que tanto el amiRNA maduro como su banda complementaria son capaces de actuar sobre las dos hebras de RNA viral. Hemos comprobado que la resistencia mediada por amiRNAs, genera una amplia variedad de mutantes de escape, que son capaces de mantenerse en plantas que expresan amiRNA y en plantas silvestres. Además, hemos comenzado a caracterizar líneas transgénicas del huésped natural *Prunus domestica* transformadas con amiRNAs que también son potencialmente resistentes al PPV.

Ponencia Extraordinaria

Diversidad de bacterias fitopatógenas: del diagnóstico a la genómica y más allá

María Milagros López y Colaboradores

Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias (IVIA) Valencia

Conocer la diversidad de bacterias fitopatógenas a nivel específico o infra específico es esencial desde el punto de vista microbiológico, pero también tiene implicaciones clave para su detección, diagnóstico e identificación, así como para estudios epidemiológicos. Estos, a su vez, sirven de base para el diseño de estrategias de control preventivo y de gestión integrada adaptados a las condiciones locales. Los estudios de diversidad requieren la disponibilidad de amplias colecciones de cepas de distintos orígenes y huéspedes, que sean representativas de la variabilidad existente. Desde la década de 1970 las técnicas utilizadas en estos estudios han ido variando según las herramientas disponibles, desde los análisis de taxonomía numérica basados en características bioquímicas y fisiológicas hasta la comparación de genomas completos, que permite realizar estudios de epidemiología forense. Como ejemplos, se presentan los resultados de los estudios de variabilidad realizados en cepas españolas de tres patógenos de cuarentena como *Erwinia amylovora*, *Xanthomonas arboricola* patovar pruni y *Xylella fastidiosa*, utilizando distintas técnicas. Las cepas o secuencias utilizadas se han obtenido en proyectos de investigación y/o recibido en el Laboratorio de Referencia de Bacterias Fitopatógenas del MAPAMA, desde el principio de la detección de cada una en España. Se ha analizado la diversidad en los tres casos, que además de hacer posible la descripción de nuevas especies bacterianas, como *Erwinia piriflorinigrans* o *Xanthomonas prunicola,* ha permitido inferir el posible origen de la introducción de los tres patógenos de cuarentena en nuestro país y servido de base para aconsejar los programas de prevención, erradicación o contención, más apropiados para cada patosistema.

Resúmenes de Comunicaciones Orales por Sesiones

Sesión Plenaria I Oral 01

La infección viral y su impacto sobre un carácter de desarrollo de la planta infectada, la producción y elongación del tallo floral

Silvia López-González[1#], José Antonio Navarro-Bohigues[2#], Luis F. Pacios[1], Papaiah Sardaru[1], Vicente Pallás[2], Flora Sánchez[1], Fernando Ponz[1*]

[1]Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas (UPM-INIA). Autopista M-40, km 38 28223 Pozuelo de Alarcón. [2] Instituto de Biología Molecular y Celular de Plantas (UPV-CSIC). IBMCP. Ingeniero Fausto Elios s/n. 46022 Valencia. #: Ambos primeros autores

Las infecciones virales suelen cursar con la inducción de síntomas, locales o sistémicos, que conducen al desarrollo de una enfermedad. Pese a que un número importante de estos síntomas están ligados a alteraciones específicas en caracteres del plan de desarrollo vegetal, los estudios vinculando específicamente ambos procesos, enfermedad infecciosa y desarrollo, no son frecuentes así planteados.

En esta ponencia se abordará la caracterización a distintos niveles (fenotípico, celular y molecular) de la alteración de un carácter de desarrollo, como es la producción y elongación del tallo floral en el patosistema formado por el *Virus del mosaico del nabo*, TuMV, un potyvirus, y *Arabidopsis thaliana*. Dos aislados distintos de TuMV inducen alteraciones opuestas en el carácter. Mientras uno de ellos, aislado JPN 1 -un aislado de rábano-, permite la elongación del tallo dando además lugar a la proliferación de ramas y tallos adicionales, el otro, aislado UK 1 -un aislado de colza-, inhibe completamente la elongación del tallo ocasionando una esterilidad prácticamente absoluta en las escasas flores producidas. El estudio detallado de este patosistema ha permitido identificar la proteína viral responsable de uno u otro fenotipo y su determinante a nivel de aminoácido. También las diferencias de comportamiento subcelular de esta proteína no estructural. Finalmente, se discutirá la relación del fenotipo macroscópico diferencial de la infección con las alteraciones celulares y subcelulares inducidas por uno y otro aislado.

Sesión Plenaria I Oral 02

La heteroplasmia mitocondrial explica la resistencia a fungicidas QoI en *Podosphaera xanthii*, agente causal de oídio de cucurbitáceas.

Alejandra Vielba-Fernández[1], Davinia Bellón-Gómez[1], Juan A. Torés[1], Antonio de Vicente[2], Alejandro Pérez-García[2], Dolores Fernández-Ortuño[2*].

[1]Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea "La Mayora", Universidad de Málaga – Consejo Superior de Investigaciones Científicas (IHSM-UMA-CSIC). Estación Experimental "La Mayora", 29750 Algarrobo-Costa (Málaga), España. [2]IHSM-UMA-CSIC "La Mayora". Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias, Universidad de Málaga, 29071 Málaga, España.

En España, el control del oídio de las cucurbitáceas (*Podosphaera xanthii*) depende principalmente del empleo de fungicidas como los inhibidores de la quinona externa (QoI). En un trabajo anterior, se observó una resistencia generalizada a los fungicidas QoI en poblaciones de *P. xanthii* en el centro-sur de España, pero no se terminaron de aclarar los mecanismos moleculares implicados. En este trabajo hemos estudiado el papel de la proteína de Rieske-FeS (*risp)* y de las mutaciones en el gen del citocromo b (*cytb*) en la resistencia a fungicidas QoI en *P. xanthii*. No se detectaron mutaciones en el gen *risp* en los aislados resistentes analizados. Para *cytb*, el análisis de las secuencias reveló la presencia de la sustitución G143A, previamente descrita y asociada a la resistencia a QoI en varias especies. Esta mutación siempre se detectaba en aislados resistentes a QoI; sin embargo, también se detectaba en aislados sensibles, aunque con menor frecuencia. Para comprobar si la heteroplasmia del gen *cytb* estaba implicada en la resistencia a los fungicidas QoI en *P. xanthii*, se desarrolló una reacción en cadena de la polimerasa específica de alelo y cuantitativa, para determinar la abundancia relativa de los alelos G143 (sensible) y A143 (resistente). En los aislados resistentes a los fungicidas QoI se observó una abundancia relativa de los alelos A143 del 70%. En los aislados sensibles estas frecuencias variaban entre el 10% y el 60%. Nuestros datos sugieren que la mutación G143A en el gen *cytb* es el principal factor implicado en la resistencia a QoI en *P. xanthii*, pero la proporción de los alelos G143 y A143 en cada aislado puede determinar su nivel de resistencia.

Financiación: AGL2016-76216-C2-1-R

Sesión Plenaria I Oral 03

The evolution of host-range: genetic mechanisms associated to the acquisition of a new host by a plant virus

Sayanta Bera, Aurora Fraile and Fernando García-Arenal*

Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas UPM-INIA & Escuela Técnica Superior de Ingeniería Agronómica, Alimentaria y de Biosistemas, Universidad Politécnica de Madrid, Campus de Montegancedo.

The acquisition of new hosts, or host range expansion, provides a pathogen with more opportunities for transmission and survival, but may be limited by across-host fitness trade-offs. A major cause of across-host trade-offs in viruses is antagonistic pleiotropy, that is, different phenotypic effects of mutations in different hosts, a Genotype x Environment interaction. In addition, epistasis (a Genotype x Genotype interaction) also may play a role in generating across-host fitness trade-offs. We have analysed if there are fitness trade-offs, and their cause, associated to the acquisition of a new host by a plant virus, *Tobacco mild green mosaic virus* (TMGMV), which infects pepper and *Nicotiana glauca* in SE Spain. Worldwide, TMGMV has been reported in *N. glauca* since the early XX century, while in pepper only since the 1980s, so that pepper can be considered the new host. TMGMV accumulation level differed in both hosts, and the assay of field isolates in the homologous and heterologous hosts showed adaptation of *N. glauca* isolates, but not of pepper isolates, to their original host, with asymmetrical fitness trade-offs. The role of the amino acid at two dimorphic positions in the coat protein, and of a duplication in the 3'UTR, in the differential multiplication in pepper and *N. glauca* was analysed in the collection of field isolates and by mutagenesis of cDNA clones derived from two TMGMV isolates. Results showed host-specific effects of the analysed mutations on virus multiplication, which in addition depended on the genetic background. Thus, both pleiotropy and epistasis, and their interaction, play a role in TMGMV host-range evolution.

Sesión Plenaria I Oral 04

Etiología del decaimiento del almendro en plantaciones jóvenes. Una nueva enfermedad en Andalucía.

Carlos Agustí-Brisach*[1], Luis Fernando Roca-Castillo[1], Begoña Isabel Antón-Domínguez[1], Ana López- Moral[1], Maria del Carmen Raya-Ortega[1], María Lovera[2], Octavio Arquero[2], Antonio Trapero[1]

[1]Departamento de Agronomía, ETSIAM, Universidad de Córdoba (UCO), Campus de Rabanales, Edif. C4, 14071 Córdoba, España; [2]Departamento de Fruticultura Mediterránea, IFAPA, Alameda del obispo s/n, 14004 Córdoba, España.

Desde 2017, se viene observando una nueva problemática en las plantaciones jóvenes de almendro en Andalucía asociada con producción de goma, y necrosis y decoloración interna de la madera que culmina con el decaimiento y la muerte de la planta. Las muestras analizadas por nuestro servicio de diagnóstico, así como las obtenidas de las prospecciones realizadas en Córdoba, Huelva y Sevilla durante los dos últimos años revelan que nos encontramos ante una compleja enfermedad. De todas ellas se han aislado gran diversidad de especies fúngicas de las familias *Botryosphaeriaceae* y *Diatrypaceae*; y de los géneros *Aspergillus*, *Diaporthe*, *Fusarium*, *Macrophomina*, *Phaeoacremonium* y *Pleurostomophora*. Con el objetivo de dilucidar la etiología de esta enfermedad, aislados representativos de estos géneros se han descrito morfológicamente en base al color de la colonia, crecimiento micelial y características de sus conidios. La identificación de estos aislados se confirmó por análisis filogenéticos de la ITS y de las proteínas ACT, TUB y TEF. La patogenicidad se está evaluando en rama cortada y en campo, sobre ramas de la variedad Soleta inoculadas con discos de micelio. En rama cortada se han observado claras diferencias en virulencia, mostrando mayores lesiones las ramas inoculadas con hongos de la familia Botryosphaeriaceae. La elevada demanda de material vegetal para establecer nuevas plantaciones, la escasez de medidas preventivas tanto en vivero como en los primeros estados de la plantación, y el cambio del sistema de cultivo tradicional a intensivo han propiciado la emergencia de esta compleja y grave enfermedad que requiere ser estudiada con detalle en busca de una solución adecuada y práctica que logre paliar la muerte de las plantaciones jóvenes.

Sesión Plenaria II Oral 05

El endófito *Rhodotorula*-P5 produce un efecto tipo "priming" sobre *Ulmus minor* que puede ser clave para la tolerancia a *Ophisotoma novo-ulmi*.

Juan Sobrino-Plata[1*], Sara M. Ormeño[1], Iván Fernández[2], Carmen Collada[1], Juan A. Martín[1], Corné M.J. Pieterse[2], Luis Gil[1]

[1]*Genética, Fisiología e Historia Forestal. Escuela Técnica Superior de Ingeniería de Montes, Forestal y del Medio Natural. Universidad Politécnica de Madrid, Ciudad Universitaria s/n, 28040, Madrid.* [2]*Plant-Microbe Interactions. Utrecht University, Padualaan 8, 3584 CH, Utrecht, The Netherlands.*

El antagonismo de ciertos endófitos contra el hongo patógeno *Ophiostoma novo-ulmi*, causante de la grafiosis del olmo, sugiere que podrían ser usados como herramienta de biocontrol de esta enfermedad. Para testar esta capacidad, en un primer ensayo, genotipos de olmo tolerantes y susceptibles a la grafiosis fueron inoculados por separado con *O. novo-ulmi* y con *Rhodotorula* sp. cepa P5 (endófito antagónico) con el propósito de estudiar las respuestas de defensa a nivel molecular. Se cuantificó la presencia de ambos hongos y la expresión de 13 genes. En todos los genotipos, independientemente de su grado de tolerancia, se observó que con ambos hongos se producía una respuesta de defensa típica mediada por salicílico, siendo mayor la provocada por el patógeno. En un segundo ensayo, se incorporó un tercer tratamiento que consistió en una pre-inoculación con P5 una semana antes de inocular *Ophiostoma*. En esta ocasión, además de cuantificar la presencia de los hongos y analizar la expresión de los mismos genes, se midieron los contenidos totales de fenoles y flavonoides y el estrés oxidativo. Todos los genotipos tuvieron una sobreexpresión de distintos genes cuando se inocularon con el patógeno, entre ellos, los que codifican para proteínas relacionadas con la patogénesis (PR), sin embargo, ésta fue inexistente o reducida con el tratamiento de doble inoculación. Este efecto positivo de la pre-inoculación con P5 se observó también con la acumulación de fenoles y flavonoides y con el estrés oxidativo, que fue mayor en genotipos susceptibles inoculados con patógeno en comparación con la doble inoculación. Estos efectos beneficiosos de la asociación de *Rhodotorula-P5* con *U. minor* podrían ser claves en futuros ensayos de biocontrol de la grafiosis.

Sesión Plenaria II Oral 06

Caracterización del microbioma del xilema del olivo mediante secuenciación masiva

Carmen Haro[1], Juan C. Rivas[1], Madis Metsis[2], Leonardo de la Fuente[3], Rafael M. Jiménez-Díaz[4], Juan A. Navas-Cortés[1], Blanca B. Landa[1*]

[1]Instituto de Agricultura Sostenible, CSIC, Avda. Menéndez Pidal s/n. 14004 Córdoba.[2]Tallinn University, Narva rd 29, 10120 Tallinn, Estonia.[3]Department of Entomology and Plant Pathology Auburn University, 36849 Auburn, AL, USA.[4]Departamento de Agronomía, ETSIAM, Universidad de Córdoba, Campus de Rabanales, Edif. C4, 14071 Córdoba.

El conocimiento del microbioma asociado a la endosfera de olivo puede ayudar a una mejor comprensión de los factores determinantes de enfermedades causadas por patógenos restringidos al xilema, como Verticillium dahliae y Xylella fastidiosa. Los objetivos de este trabajo son: 1) La puesta a punto de una metodología de extracción del fluido y ADN microbiano presente en el xilema de olivo. 2) La caracterización del microbioma contenido en el fluido xilemático y sus factores determinantes mediante secuenciación masiva (NGS).

La extracción de savia de xilema se llevó a cabo mediante una cámara de presión de Scholander. Se evaluaron 10 protoclos de extracción de ADN y cinco combinaciones de parejas de iniciadores específicos del gen 16S rRNA mediante la comparación de los resultados de NSG obtenidos.

Existieron diferencias significativas en los valores de la diversidad microbiana alfa- y beta en función de los kits y métodos de extracción de ADN y en menor medida en función de los iniciadores PCR utilizados. Estos resultados han permitido seleccionar los kits y procedimientos de extracción de ADN óptimos para estimar la diversidad bacteriana en el xilema. Se han identificado un total de 961 OTUs que corresponden a 137 órdenes, 209 familias, 356 géneros y 143 especies bacterianas (dos de ellas representadas en más del 70% de las muestras). Además existieron diferencias significativas en las estructura de pobaciones bacterianas en función de la variedad del olivo. La metodología desarrollada permitirá determinar los factores determinates de estas diferencias: la planta madre de origen, el ambiente edáfico y condiciones agronómicas donde crecen las plantas, y/o la composición del fluido xilemático (iomoma y metaboloma), entre otras; así como la posibilidad de manipular el microbioma del olivo para prevenir o suprimir el desarrollo de enfermedades vasculares.

Sesión Plenaria II Oral 07

Bacillus firmus strain I-1582, a nematode antagonist by itself and through the plant

Zahra Ghahremani[1], Nuria Escudero[1], Daniel Beltrán Anadón[1], Marina Cunquero[2], Pablo Loza[2], F. J. Sorribas[1]

[1]Department of Agri-Food Engineering and Biotechnology. Universitat Politècnica de Catalunya. C/ Esteve Terradas, 8 - Edifici D4. Ap. 08860 Castelldefels, Barcelona. [2]The Institut of Photonic Sciences (ICFO). Mediterranean Technology Park. Av. Carl Friedrich Gauss, 3 Ap. 08860 Castelldefels, Barcelona.

Bacillus firmus strain I-1582 is the active substance of biological based nematicide formulations. Several studies were conducted in order to determine the cardinal temperatures of growth kinetics and biofilm formation; the interaction with tomato and cucumber roots, and with *Meloidogyne incognita eggs*; and the capability to induce systemic resistance against*M. incognita* on tomato and cucumber in a split-root system. The bacterial growth kinetics and biofilm formation were assessed in the range from 10 to 50°C. The interaction with both tomato and cucumber roots, and with nematode eggs were studied under confocal laser microscopy after transformation of the bacterial isolate with the green fluorescent protein. For the split-root system, plant roots were divided into two 200 cm3 pots, the inducer was inoculated with 2x108 CFUs of *B. firmus* or not (control) and the responder with 1 juvenile of *M. incognita* per cm3 of soil and maintained in a growth chamber at 25°C and 16:8h (light:dark) photoperiod during 40 days. At the end of the experiment, the bacterial root colonization from the inducer, and the number of egg masses and the total nematode eggs from the responder root were assessed. The minimal, optimal and maximal growth temperatures were 10, 35, and 50°C, respectively. The biofilm formation was also related to cardinal temperatures. The transformed *B. firmus* colonized profusely the tomato but poorly the cucumber roots. The bacteria colonized and degraded nematode eggs. In the split root experiments, the number of CFUs in the inducer was higher in tomato than in cucumber. In the responder, less numbers of egg masses and total nematode eggs were produced in the tomato roots compared with the control, however no differences were found in cucumber.

Sesión Plenaria II Oral 08

Genómica comparativa e historia evolutiva de razas de *Pseudomonas syringae* pv. *phaseolicola*

Jesús Murillo[1*], Leire Bardaji[1], Pablo Llop[1], Pablo Rodríguez-Palenzuela[2], Jorge Sánchez-Colmenero[2], Myriam Echeverría[1], Cayo Ramos[2]

[1]Instituto de Agrobiotecnología, Universidad Pública de Navarra, 31192 (Mutilva Baja); [2]Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas, ETS Ingenieros Agrónomos, Universidad Politécnica de Madrid, Campus de Montegancedo, 28223 Pozuelo de Alarcón, Madrid. [3]Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea "La Mayora", Universidad de Málaga-CSIC, Área de Genética, Universidad de Málaga, Campus de Teatinos s/n, 29010 (Málaga)

La resistencia vertical es el método más deseable de control de enfermedades de plantas, aunque suele ser superada con facilidad en campo por la emergencia de nuevas razas del patógeno. La grasa de la judía, causada por *Pseudomonas syringae* pv. phaseolicola (Pph) se ha controlado tradicionalmente con resistencia vertical, lo que previsiblemente ha favorecido la emergencia y prevalencia de las 9 razas descritas actualmente. El análisis de 45 genomas de cepas de Pph pertenecientes a las diversas razas indica un contenido de entre 24 y 31 efectores tipo III, de los cuales solo 8 están presentes en todas las cepas. El gen *avrPphB* define las razas 3 y 4, y demostramos que ha sido incorporado a las poblaciones de Pph en tres eventos evolutivos independientes, indicando un origen polifilético de la raza 3. El gen *avrPphF* confiere avirulencia en cultivares con el gen *Pse-1*; nuestros análisis indican que ha habido dos eventos evolutivos independientes que han conducido a la pérdida de este gen y a la generación de la raza 2. Por su parte, el gen *avrPphE* se ha postulado que interacciona con el gen de resistencia *Pse-2* y que se ha inactivado independientemente en las razas 1, 3, 6, 8 y 9. Sin embargo, nuestros análisis indican que ha habido al menos 9 eventos independientes de inactivación de la función de avirulencia de este gen, con el correspondiente cambio de raza. En conjunto, nuestros datos indican una alta homogeneidad genómica de Pph, una alta variabilidad en el repertorio de efectores y el origen polifilético de diversas razas de este patógeno. Este trabajo ha sido financiado por los proyectos AGL2014-53242 y AGL2017-82492 del MINECO (cofinanciados por FEDER).

Sesión Simultánea I: Gestión de Enfermedades Oral 09

Bacterias indígenas de la rizosfera de olivo son agentes de control biológico eficaces de *Verticillium dahliae*

Carmen Gómez-Lama Cabanás[1*], Garikoitz Legarda Cristobal[2], David Ruano-Rosa[1], Paloma Pizarro- Tobías[3], Antonio Valverde-Corredor[1], José Luis Niqui Arroyo[3], Juan Carlos Triviño[2], Amalia Roca Hernández[3], Jesús Mercado-Blanco[1].

[1]*Instituto Agricultura Sostenible (IAS-CSIC), Córdoba.* [2]*Sistemas Genómicos S.L., Paterna (Valencia).* [3]*Bioiliberis Research and Development, Peligros (Granada).*

El uso de agentes de control biológico (ACBs) es una medida de interés dentro de una estrategia de manejo integrado de la Verticilosis del olivo (VO). Es conocido que la raíz/rizosfera de olivos de vivero es una excelente fuente de antagonistas bacterianos, con la ventaja de que estos están adaptados al nicho en el que pudieran aplicarse como bioformulaciones efectivas frente a la VO. De una colección de bacterias aisladas de raíces de la variedad Picual se han caracterizado en profundidad 6 cepas, tres *Bacillales* (PIC28, PIC73 y PIC167) y tres *Pseudomonas* spp. (PIC25, PIC105 y PICF141), todas ellas antagonistas *in vitro* de *Verticillium dahliae* y otros patógenos de olivo. La caracterización se efectuó a nivel morfológico, bioquímico, metabólico y de sensibilidades químicas, además de llevar a cabo la secuenciación de sus genomas, lo que permitió identificar *in silico* características tradicionalmente asociadas a interacciones bacteria-planta y descartar la presencia de fenotipos no deseables. El análisis multilocus de sequencias conservadas posibilitó la identificación a nivel de especie de tres cepas: *Paenibacillus polymyxa* (PIC73), *Paenibacillus terrae* (PIC167) y *Pseudomonas indica* (PIC105). Las 6 rizobacterias estudiadas demostraron buena capacidad para colonizar raíces, particularmente PIC73. En los ensayos *in planta*, las 6 cepas controlaron al patotipo defoliante de *V. dahliae*, siendo PIC73 y PICF141 los ACBs más eficaces. Por primera vez se decribe*P. indica* como ACB. Finalmente se demostró la compatibilidad *in vitro* de algunas de ellas, lo que posibilita su formulación en forma de consorcios. Financiado por los proyectos P12-AGR667 (Junta de Andalucía) y RECUPERA 2020 (contrato MINECO/CSIC), ambos con cofinanciación FEDER.

Sesión Simultánea I: Gestión de Enfermedades Oral 10

El gen *Thkel1* de *Trichoderma harzianum*, hongo beneficioso utilizado en control biológico, como herramienta en la creación de plantas resistentes a patógenos

Jorge Poveda[1,2*], Rosa Hermosa[2,3], Enrique Monte[2,3], Carlos Nicolás[1,2]

[1]Departamento de Botánica y Fisiología Vegetal, Universidad de Salamanca; [2]Instituto Hispano Luso de Investigaciones Agrarias (CIALE), Universidad de Salamanca. [3]Departamento de Microbiología y Genética, Universidad de Salamanca. Campus de Villamayor, Río Duero 12, 37185, Lab.2.

Trichoderma es un género de hongos ampliamente estudiados y utilizados como agentes de control biológico en agricultura, debido a mecanismos de acción como el micoparasitismo, la antibiosis, la competencia y la activación de las defensas vegetales. En ellos, están implicados gran cantidad de genes susceptibles de ser aislados y utilizados en la transformación de plantas, con el fin de conferirles una mayor resistencia frente a patógenos. Ejemplos de esto último podemos encontrarlos en numerosos genes de quitinasas y ß-glucanasas expresados en cultivos tan diversos como algodón, zanahoria, patata o arroz, confiriéndoles reistencia frente a patógenos como *Botrytis cinerea*, *Alternaria alternata*, *Rhizoctonia solani* o *Magnaporthe grisea*. En este sentido, hemos descrito un gen presente en el hongo beneficioso *Trichoderma harzianum*, denominado *Thkel1*, el cual parece jugar un papel clave en la tolerancia del hongo frente a estreses de carácter abiótico, gracias a un aumento en la actividad ß-glucosidasa, algo observado también en plantas de *Arabidopsis thaliana* y *Brassica napus* (colza) tras su transformación con el gen. Además, ensayos de infección *in vitro* e *in planta* con los hongos fitopatógenos *Botrytis cinerea* y *Phoma lingam*, respectivamente, mostraron como estas plantas transgénicas presentan un aumento significativo en su capacidad defensiva frente a este tipo de patógenos, relacionado, a su vez, con un aumento en la expresión de las rutas defensivas hormonales de las plantas. Por lo tanto, parece ser que el gen *Thkel1* de *T. harzianum* mejora la capacidad defensiva vegetal frente a patógenos, gracias a un aumento en la actividad ß-glucosidasa y a la modulación de sus rutas hormonales de defensa.

Sesión Simultánea I: Gestión de Enfermedades Oral 11

Tomato yellow leaf curl Sardinia virus, un begomovirus que evoluciona por recombinación: riesgo para el control basado en resistencia.

Juan Antonio Díaz-Pendón, Sonia Sánchez-Campos, Isabel M. Fortes, Enrique Moriones*

Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea "La Mayora", IHSM-UMA-CSIC, Avda. Dr. Wienberg s/n, 29750 Algarrobo-Costa, Málaga (España)

Los begomovirus (familia *Geminiviridae*) implicados en la enfermedad del rizado amarillo del tomate (tomato yellow leaf curl disease, TYLCD) ocasionan importantes pérdidas económicas en amplias zonas del mundo. Se han descrito hasta 10 especies asociadas con TYLCD, entre ellas *Tomato yellow leaf curl virus* (TYLCV). TYLCV es la especie más difundida, disponiéndose de una amplia información sobre su dispersión mundial y la diversidad de sus poblaciones. En España, las epidemias de TYLCD se iniciaron con infecciones de la especie *Tomato yellow leaf curl Sardinia virus* (TYLCSV). Sin embargo, TYLCV se ha ido imponiendo a TYLCSV, aunque el mantenimiento del último sigue siendo una preocupación y causa de intercambios genéticos que pueden comprometer las resistencias comerciales. Hay poca información sobre la diversidad de TYLCSV. En este estudio se muestra que la población mundial de TYLCSV contiene aislados de dos cepas diferentes con dos subgrupos en una de ellas. La comparación de las secuencias disponibles, pone en evidencia el intercambio genético a través de la recombinación como un mecanismo importante de la evolución de TYLCSV. Se ha detectado un aislado en las epidemias españolas resultado de la recombinación entre aislados de las dos cepas de TYLCSV (una de ellas no descrita en España) cuya caracterización genética se ha llevado a cabo y se ha obtenido un clon infectivo. Se mostrarán resultados indicando que, si bien no existen diferencias biológicas significativas respecto a TYLCSVs previamente descritos en España, este nuevo aislado puede manifestar mayor agresividad en algunas de las fuentes de resistencia contra TYLCD disponibles para la mejora de tomate. Se discutirán las posibles implicaciones de cara al control.

Sesión Simultánea I: Gestión de Enfermedades Oral 12

Evaluación de aislados de GLRaV-3 sobre el indicador Pinot noir

Ana M. Pesqueira, Julián J. García-Berrios, Cristina Cabaleiro*

Universidade de Santiago de Compostela, Escola Politécnica Superior de Enxeñaría, Departamento de Produción Vexetal e Proxectos de Enxeñaría, Campus Terra, 27002, Lugo

Los cultivares de vid presentan distintos niveles de tolerancia a virus asociados al enrollado de la vid (GLRaV) pero no hay una buena fuente de resistencia. La intensidad de síntomas de la enfermedad inducidos por un virus del enrollado debería corresponder con los daños inducidos pero no se han hecho estudios detallados. El análisis de imágenes digitales tomadas a lo largo del ciclo vegetativo es una forma objetiva de medida de superficie foliar afectada (enrojecida) que puede ser útil para evaluar y predecir daños.

En 2012 se estableció una colección plantas con GLRaV-3 de zonas vitícolas gallegas en un viñedo experimental en Portomarín (Lugo); la selección se hizo en base a sintomatología y daños en el cultivar y localización original. Diez aislados se transmitieron por injerto a plantas del indicador Pinot noir: 9 plantas por aislado, en 3 bloques de 3 plantas. Se tomaron datos de sintomatología y desde 2016 se hicieron fotografías digitales a lo largo del ciclo vegetativo para analizarlas con el programa ASSESS 2.0 (APS Press). Desde 2015 se evaluó la producción (número de racimos y peso) y calidad del mosto (ºBrix, acidez total y pH).

La sintomatología fue muy variable, en precocidad e intensidad, pero consistente año tras año. F49BR6 fue el más precoz en mostrar síntomas y más intensos y MP4.11 fue asintomático en Pinot noir y también en la planta original y en la plantada directa en el mismo viñedo. Los otros aislados se agrupan en dos bloques con sintomatología media/alta y media/baja. La correspondencia entre superficie foliar afectada y daños en cosecha fue consistente y significativa para producción, número de racimos y contenido en azúcar.

El GLRaV-3 de MP4.11 está siendo evaluado porque podría tener potencial como aislado hipovirulento a utilizar en protección cruzada.

Sesión Simultánea I: Gestión de Enfermedades Oral 13

Estudio de la interacción tritrófica *Penicillium rubens* 212, *Fusarium oxysporum* f.sp. *lycopersici* y planta de tomate durante el proceso de biocontrol

María Carreras[1], Néstor Carrillo-Barral[2], María Villarino[1], Yolanda Herranz[1], José Díaz[2], Eduardo A. Espeso[3], Inmaculada Larena[1*]

[1]*Departamento de Protección Vegetal, SGIT-INIA, Carretera de La Coruña 7, 28040, Madrid.* [2]*Grupo de Investigación de Fisioloxía e Aplicacións das Plantas (FISAPLANT), Departamento de Bioloxía, Facultade de Ciencias, Universidade da Coruña, Campus de A Zapateira, 15071 A Coruña, Spain.* [3]*CIB-CSIC, Departamento de Biología Celular y Molecular, Ramiro de Maeztu 9, 28040 Madrid.*

Este trabajo demuestra que *Penicillium rubens* cepa 212 (PO212) es competente para la transformación vía protoplastos mediada por Calcio y PEG. Se trasformó PO212 empleando un sistema basado en la complementación de mutaciones causando auxotrofia de pirimidina. Gracias a este sistema podemos expresar proteínas de fluorescencia sGFP y DsRed empleando plásmidos integrativos y replicativos. Las cepas transformadas no muestran diferencias significativas con la cepa silvestre ni en su eficacia de control de *Fusarium oxysporum* f.sp. *lycopersici* (FOL) en plantas de tomate ni en sus características culturales. Esto nos abre nuevas vías para futuras modificaciones en PO212 que nos permitan aclarar sus modos de biocontrol.

Utilizando técnicas de microscopía confocal espectral estudiamos la colonización de las raíces de las plantas de tomate y la interacción entre FOL y agente de biocontrol (ACB) en distintas secciones longitudinales y transversales de plantas de tomate. Se confirma que PO212 permanece en la superficie radicular de las plantas de tomate sin penetrar en el sistema vascular. Los resultados sobre la cuantificación de la colonización superficial indican que la distribución de ambos hongos es mayor cuando ambos se inoculan por separado. En condiciones de co-inoculación, la presencia de PO212 reduce el desarrollo de FOL, sin eliminarlo, lo que indica competencia por espacio y/o nutrientes. En presencia de FOL la colonización de PO212 es significativamente mayor que en su ausencia. Además, se observa una pérdida de fluorescencia de PO212 en ausencia de FOL lo que sugiere que el metabolismo del ACB puede estar comprometido. La relación ACB-patógeno parece ser jerárquicamente superior a la relación ACB-planta. Investigación financiada por proyectos RTA2013-00060-C05-01 y RTA2013-00060-C05-02 (Ministerio de Economía y Competitividad-INIA, co-financiado con fondos FEDER de la Unión Europea).

Sesión Simultánea I: Gestión de Enfermedades Oral 14

Capacidad adaptativa de *Castanea sativa* ante *Phytophthora cinnamomi* evaluada a través de marcadores EST-SSRs y parámetros fenotípicos

Francisco Alcaide[1], Alejandro Solla[1], Álvaro Camisón[1], Marcello Cherubini[2], Claudia Mattioni[2], Ángela Martín[3*]

[1]*Instituto de Investigación de la Dehesa, Ingeniería Forestal y del Medio Natural, Universidad de Extremadura, Av. Virgen del Puerto 2, 10600-Plasencia, España.* [2]*Istituto di Biologia Agroambientale e Forestale. Consiglio Nazionale delle Ricerche. Viale Marconi, 2 Porano Italy.* [3]*Escuela Técnica Superior de Ingeniería Agronómica y de Montes, Universidad de Córdoba, Carretera Nacional IV km 396, 14014-Córdoba, España.*

En las últimas décadas, *Castanea sativa* ha sufrido un fuerte declive estrechamente relacionado con la enfermedad de la tinta causada por *Phytophthora cinnamomi*. Los castañares pueden responder a perturbaciones de tipo biótico o abiótico a través de su elevada diversidad genética intrapoblacional, plasticidad fenotípica, o la combinación de ambas. Dentro del proyecto AGL2014-53822-C2-1-R se evaluó la diversidad genética adaptativa de *C. sativa* a *P. cinnamomi* en 120 árboles de poblaciones silvestres procedentes de Galicia, Extremadura, Andalucía y Cataluña usando nueve EST-SSR polimórficos y efectuando un análisis fenotípico de la descendencia de 12 árboles por región, previamente genotipados. Los análisis mostraron una elevada variación entre poblaciones (F_{ST}=0,184) y dos grupos genéticos distintos, uno formado por árboles de Andalucía y Cataluña y otro compuesto por árboles de Extremadura y Galicia. En cuanto a la esperanza de vida de los brinzales inoculados se observaron diferencias significativas entre poblaciones y familias, y valores significativos de heredabilidad ($\acute{h}^2$=0,21) y diferenciación poblacional (Q_{ST}=0,68). A partir de los alelos de siete marcadores EST-SSR, se logró discriminar árboles madre de progenies tolerantes de árboles madre de progenies susceptibles (DFA; P=0.0008). El uso combinado de marcadores funcionales junto con la evaluación fenotípica de material vegetal es una herramienta válida para determinar variación genética a nivel adaptativo y permitir una selección temprana de castaños tolerantes a *P. cinnamomi*.

Sesión Simultánea I: Epidemiología Oral 15

Metaviromics meets ecology: spatial and environmental structuring in plant virus transmission dynamics and estimating prevalence-diversity relationships

Adrián Peláez[1], Michael McLeish[1], Israel Pagán[1], Rosario Gavilan[2], Aurora Fraile[1], Fernando García- Arenal[1*].

[1]Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas (UPM-INIA), and E.T.S.I. Agrícola, Alimentaria y de Biosistemas, Campus de Montegancedo, Universidad Politécnica de Madrid, Pozuelo de Alarcón (Madrid), Spain. [2]Departmento de Biología Vegetal II, Facultad de Farmacia, Universidad Complutense de Madrid, Spain.

Agricultural practices are predicted to increase plant virus transmission and infection risk, as they reduce biodiversity and alter host species community composition in agricultural ecosystems, conditions that promote infection heterogeneity. Large-scale studies of the ecological processes underlying infection heterogeneity and pathogen transmission have shown that the evolution of virulence and resistance can differ at local scales among host communities. However, biases derived from species identification, and environmental variation among experimental sites, may interfere with predictions of infection risk and transmission dynamics. We tested the hypothesis that spatial variation among sites representing four habitats within a diversity gradient in an agroecosystem in central Spain, interferes with the prediction of infection distributions. Species relative abundance, and spatial and environmental variables were used in a multivariate autocorrelation approach to test plant community distinctions among habitats. We then selected the more explanatory spatial variables and simulated infection prevalence data to use in predictive models. Multivariate tests showed that there was significant spatial structuring among the study sites at fine spatial scales. Models showed that a random factor for habitat had a strong effect on the prevalence-diversity relationships, but which showed non-significant spatial effects. These findings validated our habitat categories, but also demonstrated that the spatial predictor could be used as a proxy variable for variation in host species community composition among experimental sites. Models were then tested against data of virus prevalence in the analysed field sites.

Sesión Simultánea I: Epidemiología Oral 16

Los Closterovirus se inoculan por pulgones durante breves inserciones intracelulares de los estiletes en células de floema

Jaime Jiménez[1], Gregory Walker[2], Alberto Fereres[1], Aránzazu Moreno[1*]

[1]Instituto de Ciencias Agrarias, Consejo Superior de Investigaciones Científicas. C/ Serrano, 115 dpdo, 28006 Madrid, España. [2]Departmento de Entomología. Universidad de California, Riverside (UCR), CA 92521, USA.

En investigaciones recientes hemos demostrado que la inoculación por el pulgón *Myzus persicae* del virus semipersistente y restringido a floema *Beet yellows virus* (BYV, *Closterovirus*) se asocia a un nuevo tipo de inserciones intracelulares (pd tipo-II), diferente a las anteriormente descritas asociadas a la inoculación de virus de transmisión no persistente ("potential drops" o pds tipo-I). Estas pd tipo-II son siempre detectadas antes de la salivación continuada en los vasos cribosos del floema (E1), la cual se suponía responsable de la inoculación de virus restringidos a floema.

El objetivo de este trabajo fue detectar la posición del extremo distal de los estiletes de *M. persicae* durante la pd de tipo-II. Se monitorizó el comportamiento alimenticio de *M. persicae* en remolacha azucarera (*Beta vulgaris* L.) mediante la técnica de Gráficos de Penetración Eléctrica (EPG). El proceso de alimentación del pulgón fue interrumpido mediante criofijación durante las siguientes ondas EPG: 1) diez o más pds tipo-I, 2) una pd tipo-II, 3) una onda E1. Para determinar el tipo de célula penetrada por los estiletes se usó la microscopía confocal (CLSM). Durante la realización de las pd tipo-I, el extremo distal de los estiletes se halló en células del mesófilo o en la vaina del haz vascular. Sin embargo, los estiletes aparecieron penetrando vasos cribosos o células acompañantes de floema durante la pd tipo-II. Los estiletes siempre se observaron insertados en un vaso criboso durante la fase de salivación en floema (E1). Todo ello corrobora nuestros resultados previos donde demostramos que los *Closterovirus* se inoculan durante inserciones de menos de 5 segundos en células floemáticas (pds tipo-II) antes de la salivación continuada en floema (onda E1).

Sesión Simultánea I: Epidemiología Oral 17

Spore dispersal patterns of conidia of the fungal pathogen *Gremmeniella abietina*

Carmen Romeralo Tapia*[1,2], Julio Javier Diez Casero[1,2]

[1]*Sustainable Forest Management Research Institute, University of Valladolid-INIA, Avda. Madrid 44, Building E, 34004, Palencia, Spain.*[2]*Forest Health Unit, Department of Vegetal Production and Forest Resources, University of Valladolid, Avda. Madrid 44, 34004, Palencia, Spain.*

The ascomycete fungus *Gremmeniella abietina* is a pathogen that cause damage and tree mortality in forest plantations and natural forests worldwide. It mainly affects to conifers from *Pinus* genus. In Spain, it has been detected in *Pinus pinaster* and in *P. halepensis* in the northern plateau. In northern Europe *G. abietina* completes its lifecycle in two years including both the sexual and asexual stages. However, in Spain only the asexual spores dispersed by rain drops have been described and its life cycle and dispersal pattern remain unknown. The general objective of the research was to study the seasonal pattern of conidia's dispersion (asexual spores) and its relation with meteorological variables. For this purpose two *in house* spore traps were placed in a *P. halepensis* stand with presence of the disease and monitored during two years. The traps were changed weekly and spores were observed and counted under the microscope. A weather station was also placed in the stand to record environmental variables. The results of our study showed that spores were dispersed mainly during spring and autumn. We found a correlation between the number of captured spores and the precipitation, average and maximum temperature, leaf wetness, dew point and relative humidity. It was known that the presence of water and high relative humidity is important to carry out the spore discharge although some spore's dispersion was found in days without rain. Furthermore, the temperature influenced the number of spores collected and determined the beginning of the spore discharge which had a maximum at 17ºC. Results from this research could provide valuable information for forest managers to plan forest operations such as pruning or thinning and in disease risk modeling.

Sesión Simultánea I: Epidemiología Oral 18

Factores climáticos asociados a la disponibilidad y dispersión del inóculo aéreo de *Phaeomoniella chlamydospora* agente causal de la yesca de la vid

Elisa González-Domínguez[1], Carmen Berlanas[2], María del Pilar Martínez-Diz[3], Emilia Díaz-Losada[3], David Gramaje[2], Josep Armengol[4], Mónica Berbegal[4]*

[1]Horta srl., Via Egidio Gorra 55, 29122 Piacenza, Italy. [2]Instituto de Ciencias de la Vid y del Vino (ICVV), Consejo Superior de Investigaciones Científicas - Universidad de la Rioja - Gobierno de La Rioja, Ctra. LO-20 Salida 13, Finca La Grajera, 26071 Logroño, Spain. [3]Estación de Viticultura y Enología de Galicia (INGACAL-EVEGA), Ponte San Clodio s/n 32428-Leiro-Ourense, Spain. [4]Instituto Agroforestal Mediterráneo, Universitat Politècnica de València, Camino de Vera s/n, 46022 Valencia, Spain.

La falta de información sobre la biología y epidemiología de los hongos asociados a las enfermedades fúngicas de la madera de la vid (EFMV) supone una dificultad añadida para su control. Con el objetivo de mejorar el conocimiento sobre la epidemiología de *Phaeomoniella chlamydospora*, se analizaron los factores climáticos asociados a la disponibilidad y dispersión de su inóculo aéreo. Este patógeno se reproduce asexualmente mediante conidios que se producen en conidióforos libres en el micelio o en picnidios. El muestreo se llevó a cabo de octubre a mayo durante 2015-2016 y 2016-2017 en tres parcelas de vid con historial de EFMV localizadas en Valencia, Logroño y Ourense. En cada parcela se instaló una estación climática, 5 capturadores de esporas y colectores de agua de lluvia que fueron reemplazados semanalmente. Se determinó la concentración de ADN de P. chlamydospora presente en las muestras utilizando un protocolo específico de PCR a tiempo real previamente validado mediante conteo de conidios. En todas las localidades se detectó ADN de *P. chlamydospora* durante el período muestreado. No se registraron lluvias en un 26% de los casos en los que se detectó el patógeno, indicando que la liberación de conidios no se relaciona exclusivamente con la lluvia y que su producción a partir de conidióforos libres puede tener también un papel importante en la epidemiología de *P. chlamydospora*. No obstante, el análisis ROC de los datos determinó que la lluvia puede ser un buen predictor de la dispersión del inóculo (AUROC=0579). El valor acumulado de ADN a lo largo del periodo de estudio se ajustó a distintas ecuaciones, tanto en función del tiempo como de grados días: los mejores resultados se obtuvieron con una ecuación Gompertz función del tiempo (R^2=0.9).

Sesión Simultánea I: Epidemiología Oral 19

Estudio a largo plazo de los repilos del olivo: variables agroclimáticas claves para modelos empíricos amigables.

Romero, J.[1, *], Agustí-Brisach, C[1]., Roca, L.F.[1], Moral, J.[1, 2], González-Domínguez, E.[3], Rossi, V.[3], Trapero, A.[1]

[1] *Departamento de Agronomía, Universidad de Córdoba, Campus de Rabanales, Edif. C4, 14071 Córdoba, Spain.* [2] *Department of Plant Pathology, University of California, Davis, Kearney Agricultural Research and Extension Center, 9240 South Riverbend Ave., Parlier 93648, CA.* [3] *Istituto di Entomologia e Patologia vegetale, Università Cattolica S. Cuore, Via E. Parmense 84, 29100 Piacenza, Italy.*

El repilo (OS), la antracnosis (OA) y el emplomado (OC), tradicionalmente denominadas "Repilos", son consideradas las tres enfermedades aéreas más relevantes del olivo. Sin embargo, el efecto de las variables claves en el desarrollo de sus epidemias en condiciones naturales no ha sido estudiado. Para ello, la severidad de 92, 76 y 120 epidemias de OS, OA y OC, respectivamente, fue evaluada en diferentes localizaciones (14, 13 y 3), cultivares (11, 9 y 22) y años (16, 13 y 8). El período de estudio estuvo comprendido entre 1994 y 2016, realizándose una (OS) o dos (OA y OC) evaluaciones anuales. Los coeficientes de correlación de Pearson (r) ó Spearman (ρ) fueron calculados entre la severidad de OS, OA y OC y variables climáticas de los meses previos, la severidad de la enfermedad correspondiente en los años previos (*n-1* y *n-2*) y la categoría de resistencia del cultivar. Algunas de estas variables fueron seleccionadas para ajustar modelos de regresión lineal de OS y OA que eviten problemas de multicolinealidad. Se observó presencia de OS, OA y OC en un 90,2%, 57,9% y 75,8% de los casos. La severidad de OS, OA y OC estuvo correlacionada con diferentes variables climáticas. El sentido de la correlación indicó que algunas condiciones estresantes para el huésped pueden favorecer el desarrollo epidémico de OA y OC. La severidad de OS y OA se correlacionó con la severidad del año *n-1*, y la de OC con la del año *n-2*. A su vez, la severidad de las tres enfermedades estuvo correlacionada con las categorías de resistencia. Los modelos de OS (R^2 = 0,725) y OA (R^2 = 0,825) fueron significativos. La aproximación de este estudio proporciona información fácilmente interpretable sobre la epidemiología de los "Repilos" y complementa a la metodología mecanística empleada hasta ahora.

Sesión Simultánea I: Epidemiología Oral 20

La estructura espacial y propiedades del suelo determinan las comunidades locales de nematodes fitoparásitos en el olivo cultivado en Andalucía

Antonio Archidona-Yuste[1], Thorsten Wiegand[2,3], Pablo Castillo[1], Juan A. Navas-Cortés[1,*]

[1]Instituto de Agricultura Sostenible (IAS), Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), Avenida Menéndez Pidal s/n, 14004 Córdoba. [2]Department of Ecological Modelling, Helmoholtz Centre for Environmental Research – UFZ, Permosertrasse 15, 04318 Leipzig, Germany. [3]German Centre for Integrative Biodiversity Research (iDiv), Halle-Jena-Leipzig, Deutsher Platz 5e, 04103 Leipzig, Germany

Numerosos estudios han demostrado estructuras espaciales en la distribución de comunidades de plantas y animales, pero se conoce muy poco sobre la estructura de la diversidad de organismos del suelo, como los nematodos fitoparásitos (NF). En este estudio, se ha evaluado la influencia de variables ambientales (suelo, clima y manejo agronómico) y de la estructura espacial que determinan la riqueza y diversidad beta de NF que infestan suelos de olivar en Andalucía. Para ello, utilizamos técnicas de partición de la varianza para evaluar las contribuciones relativas y compartidas de los diferentes bloques de variables. Con objeto de identificar áreas y especies de particular interés, la diversidad beta se dividió en dos índices relacionados con la contribución de los puntos de muestreo (LCBD) y las especies (SCBD) en la variación de comunidades de NF. Sorprendentemente, encontramos que una gran parte de la variación de comunidades de NF permanece sin poder ser explicada con las variables utilizadas. La estructura espacial y las propiedades de suelo fueron los factores más importantes, mientras que el manejo agronómico mostró una influencia escasa en la riqueza de especies y nula en la diversidad beta. Se ha encontrado un fuerte gradiente espacial de las variables ambientales que determina la variación de las comunidades de NF. El índice SCBD se correlacionó con la prevalencia y rango de densidad de NF, lo que sugiere que el SCBD podría estar relacionado con la posición de nicho ecológico como ocurre en otros sistemas. Nuestros resultados revelan nuevos conocimientos sobre la estructura espacial de comunidades de NF en olivar, y muestran que su diversidad beta está determinada en menor grado por la estructura espacial y factores ambientales en comparación con otros organismos.

Investigación financiada por P12-AGR-1486-CICE y AGL-2012-37521.

Sesión Simultánea I: Interacción Planta-Patógeno Oral 21

Transcriptomic and proteomic approaches to study bacterial wilt

Marc Valls

Department of Genetics, Universitat de Barcelona and Centre for Research in Agricultural Genomics (CRAG), Bellaterra, Barcelona

Ralstonia solanacearum is a ß-proteobacterium that causes bacterial wilt on important crops such as tomato and potato. We applied two complementary approaches to study *R. solanacearum* virulence determinants.

First, we carried out transcriptomic to define the genetic programme deployed by the bacterium to infect plants. We detected expression for >90% *R. solanacearum* genes both from isolated bacteria or *in silico* selected transcripts sequenced from infected plant tissues. Global transcriptional profiling provided insight into the intercellular environment encountered by this plant pathogen and the carbon and energy sources it utilizes during plant infection. In addition, we identified several *R. solanacearum* genes that are significantly up-regulated during infection but had not been previously identified as virulence factors.

Second, we applied of activity-based protein profiling to dissect changes in protein activity changes that occur in tolerant or susceptible tomato plants in response to R. solanacearum. Our work reveals specific activation of papain-like cysteine proteases and serine hydrolases in the leaf apoplast of the tolerant tomato Hawaii 7996 upon R. solanacearum infection. In addition, protein network analysis showed that deeper changes in network topology take place in the susceptible tomato variety,suggesting that the tolerant cultivar might be more prepared to face R. solanacearum in its basal state.

Our work will help identifying bacterial virulence genes key for successful plant infection, which can be targets for novel antibacterial drugs, and plant response activities that can assist in breeding for disease resistance.

Sesión Simultánea I: Interacción Planta-Patógeno Oral 22

El análisis mediante RNA-seq y técnicas de captura de imagen de la interacción melón-*Podosphaera xanthii* revela modulación de la fotosíntesis y del metabolismo secundario de la planta por el patógeno

Polonio, A.[1*], Bautista, R.[2], Pineda, M.[3], Pérez-Bueno, M.L.[3], Martínez-Cruz, J.[1], de Vicente, A.[1], Barón, M[3], Pérez-García, A.[1]

[1]Departamento de Microbiología, Universidad de Málaga e Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea "La Mayora" (IHSM−UMA−CSIC), Málaga.[2]Centro de Biocomputación y Bioinnovación. Plataforma Andaluza de Bioinformática. Parque Tecnológico de Andalucía, Málaga.[3]Departamento de Bioquímica y Biología Celular y Molecular de Plantas, Estación Experimental del Zaidín, Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), Granada.

La familia de las cucurbitáceas incluye especies con gran relevancia económica entre las que destacan melón, sandía, calabacín, pepino y calabaza. Estos cultivos se ven afectados, entre otros, por el hongo biotrofo obligado *Podosphaera xanthii*, principal agente causal del oídio de las cucurbitáceas. El conocimiento sobre las bases moleculares de las interacciones entre *P. xanthii* y las diferentes especies de cucurbitáceas es, aún, muy limitado. Por ello, en este trabajo se ha realizado un análisis RNA-seq con el fin de conocer los cambios de expresión génica ocurridos en melón durante los primeros estadios de la enfermedad (24, 48 y 72 hpi). Además, estas fases tempranas de la enfermedad también fueron estudiadas usando técnicas de captura de imágenes como fluorescencia multiespectral y termografía. El análisis bioinformático permitió detectar 1.114 genes de la planta diferencialmente expresados a 24 h, 3.785 a 48 h y 4.226 a 72 h. El posterior enriquecimiento funcional reveló que los principales procesos que se estaban viendo modulados durante la infección eran la fotosíntesis y varias rutas metabólicas relacionadas con la defensa vegetal, resultados que fueron corroborados mediante las técnicas de captura de imagen. La combinación de ambas técnicas nos ha permitido comprender mejor el desarrollo de esta enfermedad desde dos enfoques diferentes pero complementarios e integradores.

Este trabajo ha sido financiado por el Ministerio de Economía y Competitividad (AGL2013-41939-R; AGL2016-76216-C2-1-R) cofinanciado con fondos FEDER (UE). Álvaro Polonio es beneficiario de un contrato predoctoral para la formación de doctores del Ministerio de Economía y Competitividad.

Sesión Simultánea I: Interacción Planta-Patógeno Oral 23

Percepción de compuestos implicados en la patogenicidad de *Pseudomonas syringae* pv.tomato DC3000

Jean Paul Cerna-Vargas[1*], Andrea Hurtado-Rodríguez[1], Saray Santamaría-Hernando[1], José Juan Rodríguez-Herva[1,2], Pablo Rodríguez-Palenzuela[1,2], Abdelali Daddaoua[3], Tino Krell[3], Emilia López- Solanilla[1,2]

[1]Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas (CBGP). Universidad Politécnica de Madrid-Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria. Parque Científico y Tecnológico de la UPM. Campus de Mongegancedo. 28223 Pozuelo de Alarcón, Madrid. Spain. [2]Departamento de Biotecnología-Biología Vegetal, Escuela Técnica Superior de Ingeniería Agronómica, Alimentaria y de Biosistemas, UPM, 28040 Madrid, Spain. [3]Departamento de Protección Ambiental, Estación Experimental del Zaidín, Consejo Superior de Investigaciones Científicas, Prof. Albareda 1, 18008 Granada, España.

La ausencia de estructuras para romper la pared vegetal obliga a las bacterias fitopatógenas foliares como *Pseudomonas syringae* pv.tomato DC3000 (*PsPto*) a encontrar aperturas en la hoja para poder entrar en el apoplasto. El movimiento hacia estas aperturas está guiado en función de un gradiente de compuestos producidos tanto por la planta como por la propia bacteria. La percepción de estos gradientes se realiza a través de proteínas quimiorreceptoras (MCP, Methyl-accepting Chemotaxis Protein), cuya especificidad de ligando está definida por su domino no conservado, también llamado dominio de unión a ligando. En este trabajo se describe por primera vez un MCP capaz de unirse a D-aminoácidos. Dado que los D-aminoácidos no son producidos por la planta, y que se ha observado en otras bacterias que forman parte tanto de la estructura como de la dinámica del biofilm, hemos estudiado el impacto de su detección en la motilidad, formación de biofilm y finalmente en el proceso de infección.

Por otra parte, a partir de un análisis *in silico* de los 48 MCPs de *PsPto* desarrollado previamente por el grupo, se han seleccionado y estudiado 3 MCPs de esta bacteria por presentar las siguientes características: alta asociación a plantas y baja distancia taxonómica. Estas características les hacen candidatos a percibir compuestos con un posible papel durante la infección.

Sesión Simultánea I: Interacción Planta-Patógeno Oral 24

Horizontal gene transfer contributes to virulence in a plant pathogenic fungus

Michael R. Thon, Vinicio Armijos-Jaramillo, José M. Sanz-Martín, Serenella A Sukno

Universidad de Salamanca, Instituto Hispano-Luso de Investigaciones Agrarias (CIALE), Campus de Villamayor. Salamanca

Horizontal gene transfer (HGT) is the stable transmission of genetic material between organisms by means other than vertical inheritance. HGT has an important role in the evolution of prokaryotes but is relatively rare in eukaryotes. We studied the importance of HGT in plant pathogenic fungi by identifying horizontally transferred genes in the genomes of members of the genus *Colletotrichum*. We identified eleven HGT events from bacteria and one from plants to Colletotrichum spp. or their ancestors. The horizontally transferred genes from bacteria encode proteins involved in amino acid, lipid and sugar metabolism as well as lytic enzymes. Four of the eleven genes have homology to known virulence factors, suggesting that HGT may be important for niche adaptation and virulence. The putative minimal dates of the HGT events were calculated using a time calibrated phylogenetic tree, revealing a constant flux of genes from bacteria to fungi throughout the evolution of subphylum Pezizomycotina. HGT appears to be a constant, albeit rare phenomenon in the Pezizomycotina, occurring at a steady rate during their evolution. The gene acquired from plants encodes a protease which we call CPLS (*Colletotrichum* plant-like serine protease). Transcriptional profiling and pathogenicity assays of CPLS null mutants show that CPLS is expressed at the early stages of pathogenesis and has a role in virulence. Together, our results suggest that HGT is an important evolutionary process in fungi that contributes to the evolution of plant pathogens.

Sesión Simultánea I: Interacción Planta-Patógeno Oral 25

Identificación de pequeños RNAs artificiales altamente efectivos contra virus y viroides

Alberto Carbonell[1], Carmelo López[2], José-Antonio Darós[1*]

[1]IBMCP (CSIC-Universitat Politècnica de València), 46022 Valencia. [2]COMAV (Universitat Politècnica de València), 46022 Valencia

Los microRNAs artificiales (amiRNAs) y los pequeños RNAs interferentes transactivos sintéticos (syn- tasiRNAs) son pequeños RNAs (sRNAs) diseñados para silenciar específicamente RNAs con secuencias complementarias. La expresión estable en plantas de amiRNAs y syn-tasiRNAs dirigidos contra RNAs virales ha demostrado ser un método eficaz de protección de cultivos. Sin embargo, el desarrollo de resistencia antiviral basado en la expresión de estos sRNAs sintéticos es un proceso laborioso de resultado incierto. Factores como la eficiencia de procesamiento del precursor y la incorporación del sRNA maduro en el complejo efector de silenciamiento, la accesibilidad de la diana en el RNA viral o la capacidad del virus para albergar mutaciones en esta diana provocan que la eficacia de un determinado sRNA antiviral sea poco predecible apriorísticamente. Este trabajo describe el desarrollo de una metodología para la selección *in silico* y ensayo *in vivo* de sRNAs contra virus y viroides que permite escoger rápidamente aquéllos más eficaces para ser incorporados mediante transformación genética en la planta huésped. Primero se seleccionan sRNAs candidatos aplicando la herramienta bioinformática P-SAMS sobre regiones del genoma viral con baja entropía de Shanon. El programa evita dianas colaterales en el transcriptoma de la planta huésped. A continuación, se generan las construcciones genéticas en los vectores de expresión B/c. Finalmente, se ensaya la protección conferida por los sRNAs mediante expresión transitoria en *Nicotiana benthamiana.* La aplicación de esta metodología nos ha permitido identificar sRNAs altamente eficaces contra el virus del broceado del tomate y el viroide del tubérculo fusiforme de la patata.

Sesión Simultánea I: Interacción Planta-Patógeno Oral 26

Vanillylnonanoate induced resistance in *Arabidopsis* against *Botrytis cinerea*: a story of lignification and hormones

Tania García[1], Victoria Pastor[2], Jan van Kan[3], Víctor Flors[2], Néstor Carrillo-Barral[1], Javier Veloso[1], José Díaz[1*]

[1] Grupo de Investigación de Fisioloxía e Aplicacións das Plantas (FISAPLANT), Departamento de Bioloxía, Facultade de Ciencias, Universidade da Coruña, Campus de A Zapateira, 15071 A Coruña, Spain. [2]Metabolic Integration and Cell Signaling Group, Plant Physiology Section, Department of CAMN, Universitat Jaume I, Avd Vicente Sos Baynat, Castellón E-12071, Spain. [3]Wageningen University Plant Sciences, Laboratory of Phytopathology, Droevendaalsesteeg 1, P.O. Box 8025, 6700 EE, Wageningen, The Netherlands.

Botrytis cinerea Pers.:Fr. is one of the most destructive pathogens, infecting more than 1000 plant species, including dicotyledonous and monocotyledonous plants, and it is considered a necrotroph model pathogen. Vanillylnonanoate (VNT), a synthetic analogue of capsiate, is able to induce systemic resistance in pepper and Arabidopsis against *B. cinerea*, reducing significantly the symptoms. The aim of this study was to reveal which defensive mechanisms are involved in the induced resistance in Arabidopsis, a well-known model plant.The compound was applied to basal leaves of *Arabidopsis thaliana*, and systemic leaves were inoculated with *B. cinerea* 24 hours after treatment. Besides the wild type Col-0, several Arabidopsis mutants (*NahG*, *jin4*, *ein3*) were tested in order to find out the defense pathways involved. Moreover, several plant hormones (salicylic acid, jasmonic acid and jasmonoyl isoleucine) were measured in the Arabidopsis leaves, as well as PR1 and PDF1.2 gene expression as markers of different hormone signalling pathways. Phenolic defences both structural (lignin) and biochemical (soluble phenolics) were determined, as well as peroxidase activity and peroxidase gene expression, both related to lignin deposition. Overall, the results point to a role of lignification and plant hormones in the VNT-induced resistance. These observations are similar but not equal to the mechanisms we previously described in pepper (*Capsicum annuum*) treated with VNT. Acknowledgements: This project was financed by Xunta de Galicia (Project 10MRU103009PR). T.G. had a scholarship from Fundación Barrié.

Sesión Simultánea II: Detección y Diagnóstico Oral 27

Detection and identification of new mycoviruses in *Rosellinia necatrix* isolates from avocado crops

Juan Manuel Arjona-López[1,2], Nobuhiro Suzuki[2], Carlos José López-Herrera[*1]

[1]Departamento de Protección de Cultivos, Instituto de Agricultura Sostenible, C.S.I.C. C/Alameda del Obispo s/n, Apartado 4084, Córdoba.[2]Institute of Plant Science and Resources, Okayama University, Chuo 2-20-1, Kurashiki, 710-0046, Japan.

Avocado white root rot (AWRR) caused by the soil-borne *Rosellinia necatrix*, is an important disease in the southern coast of Spain. Physical, chemical and biological methods have been described to control the disease. Virocontrol is a recent method using micoviruses that confer hypovirulence to *R. necatrix* isolates. The purpose of this work is to investigate possible correlation between the presence of mycoviruses in and the low virulence of isolates of *R. necatrix*. To this end, we collected 63 isolates from different avocado orchards with typical symptoms of AWRR. The fungus was isolated in potato dextrose agar from infected roots and from infested soil using the baiting avocado twig method, and identified morphologically and molecularly as *R. necatrix*. Extraction of dsRNA was carried out for all these isolates to prove the presence of RNA mycovirus. We found 9 isolates of the 63 fungal isolates (14 %) to be infected, mostly co-infected, by multiple viruses. Many of detected mycoviruses were identified as strains of new virus species based on phylogenetic and sequence analyses. Six fungal isolates were infected with hipoviruses, two with partitiviruses, and two with megabirnaviruses, five with fusagraviruses and two with yadokariviruses. These nine virus-positive isolates, with a huge morphological variability, were compared with four virus-free isolates in an in vitro growth rate experiment. Also, virulence assay with avocado plants showed that three of them showed low pathogenicity. Currently, experiments are being carried out to transfect virus particles from these low pathogenicity isolates to the virus-free standard isolate.

Sesión Simultánea II: Detección y Diagnóstico Oral 28

Determination of the complete 5'-UTR of the ipomovirus *Cucumber vein yellowing virus* (CVYV), and its relevance for infectivity in cucurbit plants

Inmaculada Ferriol[1], María Luisa Domingo-Calap[1], Cecile Desbiez[2], Juan José López-Moya[1*]

[1]Center for Research in Agricultural Genomics (CRAG), CSIC-IRTA-UAB-UB, Campus UAB, Cerdanyola del Vallés, Barcelona 09183, Spain. [2]Institut National Recherche Agronomique (INRA), Unité de Pathologie Végétale, Montfavet, France.

Ipomoviruses are whitefly-transmitted viruses causing serious economic losses in many important crops. As in most monopartite members of the family *Potyviridae*, the genome of ipomoviruses is composed by a positive-sense single-stranded RNA with two untranslated regions (UTRs), a VPg protein covalently linked at its 5'-end, a polyadenylated tail at its 3'-end, and a typical large open reading frame (ORF) translated into a polyprotein, further processed autoproteolitically into usually 9-10 mature gene products. Also, a partially out-of-frame additional gene product P3N-PIPO was expected to be expressed through a conserved polymerase slippage mechanism.

The ipomovirus *Cucumber vein yellowing virus* (CVYV) has a characteristic RNA genome of about 9.7 kb, with a polyprotein and the embedded PIPO region. As a peculiarity, the available complete sequences of CVYV isolates showed a slightly shorter 5'-UTR compared to similar regions of other members of the genus *Ipomovirus* and the family *Potyviridae*. To explore these important regions in the genome of a Spanish isolate of CVYV from Almeria, we performed 5'- and 3'-RACE experiments with total RNA extracted from CVYV-infected plants. While the 3'-UTR was identical to other sequences, in the 5'-UTR we found the presence of several additional upstream nucleotides, not reported previously. This extra sequence adds up a total length much closer to the average size of 5'-UTRs, and the alignments revealed a reasonable good conservation with other ipomoviruses. Since UTRs are considered important to regulate gene expression and replication, we believe this region might be relevant for the infectivity of CVYV infectious cDNA clones in susceptible cucurbit plants.

(Funded by AGL2016-75529-R)

Sesión Simultánea II: Detección y Diagnóstico Oral 29

Polyvalent detection of members of the Potyvirus genus by molecular hybridization using a 'Genus-probe'

Jesús A. Sánchez-Navarro[1], Christopher N. Cooper[2] and Vicente Pallás[1]

[1]Department of Molecular and Evolutionary Plant Virology. Instituto de Biología Molecular y Celular de Plantas (IBMCP) (UPV-CSIC). Universitat Politécnica de Valencia, Ingeniero Fausto Elio s/n, 46022 Valencia, Spain. [2]Georgia Institute of Technology. School of Chemistry & Biochemistry, Atlanta, GA 30332, United States.

The use of a unique riboprobe named `polyprobe´, carrying partial sequences of different plant viruses or viroids fused in tandem, has permitted the polyvalent detection of up to ten different pathogens by using a non-radioactive molecular hybridization procedure. In the present analysis, we have developed a unique polyprobe with the capacity to detect all members of the *Potyvirus* genus, which we have named 'genus-probe' (GP). To do this, we have exploited the capacity of the molecular hybridization assay to cross-hybridize with related sequences by reducing the hybridization temperature. We observed that sequences showing a percentage similarity of 68% or higher, could be detected with the same probe by hybridizing at 50-55ºC, with a detection limit of picograms of viral RNA, comparable to the specific individual probes. According to this, we developed several polyvalent polyprobes, containing 3, 5 or 7 different 500-nucleotide fragments of a conserved region of the NIb gene. The polyprobe carrying 7 different conserved regions was able to detect all the 32 potyviruses assayed in the present work with no signal in the healthy tissue, indicating the potential capacity of the polyprobe to detect all described, and probably uncharacterized, potyviruses being then considered as a genus- probe. The present approach represents an interesting tool for the routine diagnosis not only for *Potyvirus* but also, probably, to other viral genera.

Sesión Simultánea II: Detección y Diagnóstico Oral 30

Small RNA-Seq to characterise viruses responsible of Lettuce big-vein disease

Agustina Bernal-Vicente[1*], Livia Donaire[2], Cristina Gómez-Aix[1], Mª Amelia Sánchez-Pina[2], Miguel Juárez[3], Yolanda Hernando[1], Miguel Ángel Aranda[2]

[1]R&D department, ABIOPEP S.L., Murcia, Spain. [2]Plant stress and disease biology department, CEBAS-CSIC, Murcia, Spain. [3]Plant Production and Microbiology Department, University Miguel Hernández of Elche, Orihuela (Alicante) Spain.

Lettuce big-vein disease (LBVD) is an emerging disease causing losses ranging from 30 to 70% in lettuce production worldwide. Several studies have associated this disease with *Mirafiori lettuce big- vein virus* (MiLBVV; genus *Ophiovirus*), alone or in mixed infection with *Lettuce big-vein associated virus* (LBVaV; genus *Varicosavirus*). We used Illumina small RNA sequencing (sRNA-seq) to detect viruses present in symptomatic lettuce plants from commercial fields in Southern Spain. Data analysis showed the presence of MiLBVV and LBVaV in samples from different plant tissues. Additionally, *Ranunculus white mottle virus* (RWMV; genus *Ophiovirus*) was also identified in these samples, but its presence could not be further demonstrated by RT-qPCR. Sequences of the coat protein genes were used to infer MiLBVV and LBVaV nucleotide diversities within the analysed samples and to differentiate potential strains. Comparison of the sequences determined in this work with those available in databases allowed us to design universal primers for the detection and quantification of the accumulation of both MiLBVV and LBVaV. Subsequent analysis of multiple samples from symptomatic lettuce plants of several plots located in Southern Spain showed high rates of MiLBVV and LBVaV mixed infections, with 72.3% of the positive samples infected with both viruses, but also significant proportions of single infections, which were more frequent for LBVaV (26.2%). Moreover, the presence of one or both viruses was detected in 7 out of 10 commercial seed lots obtained from different providers, suggesting the possibility of their seed transmission.

Sesión Simultánea II: Detección y Diagnóstico Oral 31

Análisis para la detección de '*Candidatus* Liberibacter africanus' vinculados al programa de control biológico contra Trioza erytreae

Siverio F.[1*], Rizza R.[1], Bastin S.[1], Barbé S.[2], Peñalver J.[2], Hernández-Suárez E.[1], Tena A.[2], Marco- Noales E.[2]

[1]Instituto Canario de Investigaciones Agrarias (ICIA). La Laguna, Tenerife. [2]Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias (IVIA). Moncada, Valencia.

Trioza erytreae (TE) es uno de los vectores del huanglongbing (HLB), la enfermedad más grave que afecta a los cítricos y que está asociada a tres especies bacterianas de *Candidatus* Liberibacter. Concretamente, TE transmite la especie asociada al HLB africano, *Ca.* L. africanus (CaLAf), en las regiones en las que se encuentran conjuntamente, como ocurre en el sur y este de África. La zona de distribución de TE es más amplia que la de CaLAf, encontrándose en países en los que no ha sido citada la bacteria. TE fue detectada en 2002 en las Islas Canarias y en el oeste de la península ibérica en 2014. *Tamarixia dryi* (TD) es el principal agente de control biológico de TE. Este ectoparasitoide ha controlado al psílido en la Isla Reunión. En España se ha puesto en marcha un programa de control biológico clásico para el control de TE utilizando TD. Para ello se han importado a Tenerife adultos del parasitoide desde Sudáfrica, país con HLB asociado a CaLAf. Para evitar la importación accidental de CaLAf se adoptaron diversas medidas en el proceso de introducción y, entre ellas, los análisis recomendados por el protocolo EPPO (2014) para la detección del patógeno. Se analizaron individuos de la cría en cautividad mediante dos procedimientos de detección utilizando PCR en tiempo real. En una primera fase, se realizó un cribado rápido con el protocolo de detección universal para *Ca.* Liberibacter, obteniéndose resultados positivos en el 8,8% de las muestras. Se secuenciaron los amplificados de dichas muestras, y se comprobó que no había homología con ninguna de las especies d e *Ca.* Liberibacter depositadas en la base de datos del NCBI y que sus secuencias coincidían mayoritariamente con bacterias endosimbiontes de insectos. Las mismas muestras fueron analizadas con iniciadores específicos de CaLAf, *Ca.* L. asiaticus y *Ca.* L. americanus, no detectándose ninguna de las tres especies asociadas a HLB.

Este trabajo ha sido financiado por los proyectos INIA E-RTA2015-00005-C6 y TROPICSAFE (727459)

Sesión Simultánea II: Detección y Diagnóstico Oral 32

Detecciones de *Xylella fastidiosa* en España y análisis de las diferentes situaciones derivadas de las mismas.

Montserrat Roselló[1*], Diego Olmo[2], Belén Álvarez[3], María Teresa Urrutia[4], Blanca B. Landa[5], Ester Marco-Noales[6].

[1]Laboratorio de Diagnóstico Fitopatológico. Generalitat Valenciana, Silla, Valencia.[2]Laboratorio de Sanidad Vegetal de les Illes Balears. Govern de les Illes Balears, Palma de Mallorca. Mallorca.[3]Laboratorio de Sanidad Vegetal. IMIDRA. Comunidad de Madrid. Alcalá de Henares. Madrid.[4]Laboratorio de Sanidad Vegetal de Almería. Junta de Andalucía. Almería.[5]Instituto de Agricultura Sostenible (CSIC), Córdoba.[6]Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias (IVIA), Moncada, Valencia.

En 2016 se detectó por primera vez en España *Xylella fastidiosa* (*Xf*) en las Islas Baleares, en tres plantas de cerezo de un centro de jardinería, caracterizándose como la subespecie *fastidiosa*. Desde ese momento se implementaron las medidas descritas en la Decisión de Ejecución (DE) (UE) 2015/789, vigente en ese momento, realizándose cientos de prospecciones en la zona demarcada e intensificándose en el resto del territorio de las islas. Como consecuencia, se detectaron nuevos casos positivos en plantas cultivadas, ornamentales y silvestres (actualmente, hasta 18 hospedadores), no sólo en Mallorca, sino también en Menorca e Ibiza. Los análisis de caracterización de las subespecies ampliaron la gama, detectándose tanto la subespecie *multiplex* como *pauca*.

En junio de 2017 se detectó por primera vez *Xf* subsp. *multiplex* en territorio peninsular, en una muestra asintomática de una parcela de almendros de Alicante, y, desde entonces, se han seguido detectando más casos positivos solo en almendro, que delimitan, hasta mayo del presente año, una zona demarcada de 87.814 hectáreas, según la última modificación de la DE (EU) 2017/2352.

En abril de 2018, se detecta *Xf* subsp. *multiplex* en un olivo de la Comunidad de Madrid y *Xf* en un vivero de Andalucía en tres plantas de *Polygala myrtifolia.* En ambos casos, ya es aplicable la nueva DE (2017), que reduce la extensión de la zona demarcada e intensidades de prospección.

Esta comunicación pretende analizar las consecuencias derivadas de las detecciones de *Xf* en cada comunidad autónoma, ya que representan diferentes escenarios de aplicación de la normativa europea vigente con implicaciones y consecuencias distintas para el sector agrícola y viverista.

Sesión Simultánea II: Gestión de enfermedades Oral 33

Estudio del efecto interactivo de los bosques mixtos mediterráneos sobre la capacidad infectiva y de supervivencia de *Phytophthora cinnamomi*

Daniel Arrayás, M. Carmen Gómez, Lorena Gómez-Aparicio, María Socorro Serrano*

Instituto de Recursos Naturales y Agrobiología de Sevilla, Avd. Reina Mercedes, 10, 41012, Sevilla.

La supervivencia de los bosques mixtos mediterráneos, donde conviven en equilibrio alcornoques, quejigos y acebuches, está seriamente amenazada por la muerte masiva de alcornoques por la podredumbre radical causada por *Phytophthora cinnamomi (Pc)*. Aunque hasta la fecha se han descrito al alcornoque, quejigo y acebuche como susceptible, tolerante y resistente a *Pc*, se conoce muy poco sobre el efecto interactivo que estas especies tienen sobre la epidemiología de la enfermedad radical, lo cual es fundamental para entender la dinámica evolutiva de los bosques afectados. Por ello, el objetivo de este trabajo es analizar de forma experimental el efecto interactivo que alcornoques, acebuches y quejigos tienen sobre la capacidad multiplicativa y de supervivencia de *Pc*. Para ello, mediante ensayos *in planta* combinando las tres especies dos a dos, se evaluó su capacidad para estimular la producción de zoosporas de *Pc*, obteniendo que el alcornoque combinado consigo mismo era capaz de producir significativamente más zoosporas que el quejigo, y el acebuche, con efecto nulo. Sin embargo, cuando se disponen alcornoque y acebuche, la producción de esporas no difiere del alcornoque solo. En cuanto a la combinación alcornoque-quejigo, la producción de zoosporas fue significativamente más elevada que para los demás tratamientos, incluidos el alcornoque y quejigo de forma independiente, lo cual supone un efecto sinérgico sobre *Pc* y, por lo tanto, un mayor riesgo para la supervivencia de los bosques mixtos integrados por estas dos especies. Actualmente, se están realizando ensayos en invernadero para determinar el efecto que la combinación de estas especies tiene sobre la viabilidad de las clamidosporas de *Pc* y el progreso de la enfermedad radical.

Trabajo financiado por el Programa Europeo H 2020, proyecto Nº 706055

Sesión Simultánea II: Gestión de enfermedades Oral 34

Estrategia biológica para el control de la podredumbre parda: validación a nivel Europeo

Neus Teixidó[1*], Antonieta De Cal[2], Carla Casals[1], Rosario Torres[1], Belén Guijarro[2], Víctor Perdrix[3], Ulrike Hilscher[4], Edith Ladurner[5], Tom Smets[6], Josep Usall[1]

[1]IRTA, XaRTA-Postcollita, Edifici Fruitcentre, Parc Científic i Tecnològic Agroalimentari de Lleida (PCiTAL), Parc de Gardeny, 25003 Lleida. [2]INIA, Departamento de Protección Vegetal. Carretera de La Coruña km 7, 28040 Madrid. [3]Opennatur S.L., Casanova 27, 08011 Barcelona. [4]Bayer CropScience Biologics GmbH, Metkenberg 6, 23970 Wismar, Alemania. [5]CBC (Europe) S.r.l. – BIOGARD Division, Via Calcinaro 2085/int. 7, 47521 Cesena (FC), Italia. [6]pcfruit npo, Fruittuinweg 1, 3800 Sint-Truiden, Bélgica.

La podredumbre parda causada por *Monilinia spp.* es la enfermedad postcosecha más importante de la fruta de hueso. La principal estrategia de control utilizada se basa en la aplicación de productos en campo. Sin embargo, los nuevos enfoques para la producción de fruta requieren del desarrollo de estrategias más sostenibles. En el presente estudio, se han validado dos estrategias de campo basadas en la aplicación de los agentes de control biológico (BCA), *Bacillus amyloliquefaciens* CPA-8 (CPA-8) y *Penicillium frequentans* 909 (Pf909) en cuatro países diferentes (Bélgica, Francia, Italia y España) durante 2 campañas. Los resultados obtenidos, en un total de 16 ensayos, indicaron que el grado de efectividad de las estrategias dependía del nivel de presión de inóculo presente en el campo. En este sentido, se han definido tres escenarios diferentes: Escenario 1, no se observó enfermedad; Escenario 2, enfermedad elevada e incontrolable; Escenario 3, nivel de enfermedad controlable. En este último Escenario, se demostró que con presión de inóculo baja-media o media-alta, las estrategias basadas en la aplicación de los BCAs controlaron la podredumbre parda, y los niveles de eficacia fueron, en general, comparables a los de las estrategias de control químico. La gran mayoría de los ensayos realizados se incluyeron en el Escenario 3 (62.5 %), mientras que solo el 12.5 y 25 % de los ensayos se incluyeron en el Escenario 1 y 2, respectivamente. Estos resultados alentadores permitieron concluir que los productos formulados a base de CPA-8 y Pf909 están listos para ser registrados y comercializados para el control de la podredumbre parda, en un futuro cercano. Esta investigación fue financiada por el proyecto BIOCOMES FP7-612713 y por la Generalitat de Catalunya con la beca de doctorado 2014-FI-B00367 (Amparo Gotor) y el programa CERCA.

Sesión Simultánea II: Gestión de enfermedades Oral 35

Diseño y desarrollo de un sistema de predicción de la mancha bacteriana de los frutales de hueso y almendro causada por *Xanthomonas arboricola* pv. *pruni*

Gerard Morales, Concepció Moragrega, Emilio Montesinos, Isidre Llorente

Institut de Tecnologia Agroalimentària. Universitat de Girona. C/ Maria Aurèlia Capmany 61. 17003. Girona

La mancha bacteriana de los frutales de hueso y almendro causada por *Xanthomonas arboricola* pv. *pruni* es una enfermedad de gran importancia económica en las principales zonas de producción de estos cultivos. El patógeno se considera una bacteria de cuarentena en la Unión Europea (UE), presente en determinadas zonas de Europa. Hasta el momento no se dispone de métodos de control eficaces, por lo que se aplican medidas de cuarentena que eviten la introducción y diseminación del patógeno. El control de la enfermedad en las plantaciones afectadas se realizada mediante aplicaciones preventivas de derivados cúpricos, con eficacia moderada. La aplicación racional de los derivados cúpricos, mediante el guiado por un sistema de predicción de la enfermedad podría incrementar su eficacia. El objetivo de este trabajo fue el desarrollo de un sistema de predicción de la enfermedad basado en tres componentes: i) el potencial de inóculo epífito, ii) las condiciones ambientales favorables al desarrollo de infecciones, y iii) la aparición de síntomas de la enfermedad.

Se realizaron ensayos en condiciones de ambiente controlado en los que se cuantificaron y modelaron los efectos de parámetros ambientales y de poblaciones de inóculo en distintas fases del ciclo de la enfermedad. A partir de los resultados obtenidos se generaron modelos de i) predicción del crecimiento bacteriano en función de la temperatura, ii) predicción del riesgo de infección en base a parámetros climáticos (temperatura y duración del periodo de humectación), y iii) predicción del desarrollo de síntomas basado en los grados día acumulados. Estos modelos fueron validados en condiciones de ambiente controlado.

Financiado con los proyectos AGL2013-41405-R y EU FP7 613678 (DROPSA).

Sesión Simultánea II: Gestión de enfermedades Oral 36

Análisis multifactorial de la presión de enfermedades y el uso de pesticidas en viticultura: posibilidades de reducción en el sudoeste de Europa

Carlos Calvo-Garrido[1], Felicidad De Herralde[2], Xoan Elorduy[3], Enric Bartra[3], Eric Giraud-Heraud[4], Jose Maria Gil[5], Isaac Rodriguez[6], Rafael Cela[6], Miguel Tubio[7], Jean Roudet[1], Pascal Lecomte[1], Denis Thiery[1], Marc Fermaud[1]

[1]SAVE, INRA, Bordeaux Science Agro, ISVV, 33882, Villenave d'Ornon, Francia.[2]IRTA, Torre Marimon, 08140, Caldes de Montbui, España.[3]INCAVI, 08720 Vilafranca del Penedès, España. [4]GREThA, ISVV, 33882, Villenave d'Ornon, Francia.[5]CREDA, Parc Mediterrani de la Tecnologia, Edifici ESAB, 08860, Castelldefels, España. [6]Departamento de Química Analítica, Nutrición y Bromatología, IIAA, USC, Santiago de [7]Compostela, 15782, España.[8]Bodegas Martín Códax, 36633 Vilariño, Cambados, Pontevedra, España

Las preferencias de los consumidores de vino, sumados a las regulaciones del uso de pesticidas, cada vez más restrictivas, representan un desafío para los viticultores europeos y sus prácticas vitícolas, así como para la competitividad del sector. El proyecto VINOVERT integra Fitopatología, Agronomía, Economía y Enología para elaborar soluciones factibles para los viticultores de España, Francia y Portugal.

Este estudio evalúa las posibilidades de reducción del uso de pesticidas a escala de la parcela y el efecto de estas reducciones en la calidad del vino elaborado. Para ello, se ha estudiado un dispositivo de 32 parcelas durante de 2017 y 2018, distribuidas en las DO Rias Baixas, Penedés y Bordeaux. Las parcelas son gestionadas por el viticultor sin ninguna recomendación. Las observaciones incluyen: 1) Variables epidemiológicas, como las perdidas por plagas y enfermedades, integradas en el indicador AIDB; 2) Variables agronómicas, referentes al rendimiento y caracterización de la parcela; 3) Variables del viticultor, registrando las prácticas agrícolas a través del Índice de Frecuencia de Tratamientos (IFT) y un Índice de Prácticas culturales de Protección (IPP); 4) Variables enológicas, como presencia de residuos y calidad organoléptica, mediante análisis químicos y degustaciones.

Los datos obtenidos durante la campaña de 2017 en las tres regiones de estudio nos permiten revelar algunos factores determinantes para la reducción del uso de pesticidas sin una pérdida significativa de rendimiento y de la calidad del producto final. Los análisis de estadística multivariante son complementados con análisis en profundidad de algunos casos de estudio, para la comprensión de la relación entre las variables observadas.

Sesión Simultánea II: Gestión de enfermedades Oral 37

Prevalencia y caracterización de los subgupos de fitoplasmas asociados a árboles urbanos de *Quercus humboldtii* Bonpla. en Bogotá - Colombia

Jennifer Andrea García-Baracaldo, Julian Rodrigo Lamilla-Monje, Liliana Franco-Lara*

Facultad de Ciencias Básicas y Aplicadas, Universidad Militar Nueva Granada, Km 2 Via Cajicá - Zipaquirá, Cundinamarca, Colombia

Fitoplasmas 16srI-A y 16SrVII-B infectan los árboles de Bogotá, afectando sus servicios ecosistémicos y valor estético. *Q. humboldtii* es una especie endémica colombiana y en Bogotá hay 15000 individuos. Los fitoplasmas (Mollicutes) son bacterias sin pared celular, obligados del floema, transmitidos por insectos y difícilmente cultivables. En *Q. humboldtii* los síntomas incluyen: proliferación de brotes axilares, escobas de bruja, elongación anormal de entrenudos, ramas en copo, amarillamiento foliar, hojas pequeñas y cambios arquitectura de las coronas. El objetivo de este trabajo fue evaluar prevalencia y severidad de los síntomas, y la presencia y distribución de los diferentes subgrupos de fitoplasmas en *Q. humboldtii* de Bogotá. Se estudiaron 196 árboles de la ciudad y se clasificaron según severidad. La detección de fitoplasmas se hizo por PCR anidada de 16SrRNA. Además, en 13 árboles se evaluaron los genes *LeuS, rp, SecY, SecA, GroEL* y *Tuf* de fitoplasmas. Los amplicones de 16SrRNA se evaluaron por RFLP y secuenciación. Con las secuencias de 16SrRNA y LeuS se elaboraron dendogramas y RFLPs virtuales. La prevalencia de la fitoplasmosis en *Q. humboldtii* fue del 80%; 43% presentó infección leve, 23% moderada, 14% severa y 20% fue no sintomático. Se obtuvieron amplicones para 16SrRNA y *LeuS*, pero no para los otros genes. Hasta el momento, usando el gen 16SrRNA se han identificado 31 árboles infectados con fitoplasmas del subgrupo 16SrI-B y 10 con fitoplasmas del subgrupo 16SrVII-A. En siete de los robles en los que se detectó 16SrVII-A con iniciadores para 16SrRNA, usando *LeuS* se detectó la presencia de 16SrI-B, lo que sugiere infecciones mixtas no detectadas previamente. La presencia de fitoplasmas fue confirmada por microscopía electrónica. IMP CIAS 2295.

Sesión Simultánea II: Gestión de enfermedades Oral 38

Elucidating the role of grapevine rootstock genotypes in shaping rhizosphere microbiome composition and their interactions with black-foot disease

Carmen Berlanas[1], Mónica Berbegal[2], Meriem Laidani[2], Georgina Elena[2], José Félix Cibriain[3], Ana Sagües-Sarasa[3], David Gramaje[1*]

[1]Instituto de Ciencias de la Vid y del Vino (ICVV), Consejo Superior de Investigaciones Científicas - Universidad de la Rioja - Gobierno de La Rioja, Ctra. LO-20 Salida 13, Finca La Grajera, 26071 Logroño, Spain. [2]Instituto Agroforestal Mediterráneo, Universitat Politècnica de València, Camino de Vera s/n, 46022 Valencia, Spain. [3]EVENA/INTIA, Departamento de Desarrollo Rural, Medio Ambiente y Administración Local, Gobierno de Navarra C/ Valle de Orba 34, 31390 Olite, Spain.

The soil microbiome has a great interest for its potential in improving plant nutrient utilization and suppressing soil-borne diseases. This study aimed to unravel the effects of rootstock genotype on microbial communities in the rhizosphere of grapevine. For this purpose, the rhizosphere of five grapevine rootstocks (110R, 1103P, 140Ru, 41B and 16149C) was sampled at two sampling moments (June and November) in two Spanish vineyards located in Olite, Navarra (7-year-old) and Aldeanueva del Ebro, La Rioja (25-year-old) over two years. The composition of bacterial and fungal communities was examined using high-throughput amplicon sequencing of 16S rDNA gene and ITS region. Quantitative PCR approach was used to measure the relative abundance and dynamic changes of fungal pathogens associated with black-foot disease. Host genetic control of the microbiome was evident in the rhizosphere of the mature vineyard. Microbiome composition also shifted as year of sampling, and fungal diversity varied with sampling moments. Linear discriminant analysis identified specific bacterial (i.e., *Bacillus*) and fungal (i.e., *Glomus*) taxa associated with grapevine rootstocks.

Host genotype did not predict any summary metrics of rhizosphere a and b diversities in the young vineyard. Regarding black-foot associated pathogens, a significant correlation between sequencing and quantitative PCR was observed. Results proved to be significantly influenced by rootstock genotype, year of sampling and vineyard location. The findings of this study provide evidence that rootstock genotype affects the process of microbial recruitment in the rhizosphere of grapevine, and this could be related to the plant age or the habitat (soil type and climate).

Functional study of two tomato proteins interacting with the *Pepino mosaic virus* coat protein, a step toward obtaining resistant plants

Eduardo Méndez-López[1], Livia Donaire[1], Blanca Gosálvez[1], Raquel N. Sempere[1], Jens Tilsner[2,3], Fabiola Ruiz-Ramón[1], Luis Rodríguez-Moreno[1], M. Amelia Sánchez-Pina[1] and Miguel A. Aranda[1]*

[1]Grupo de Patología Vegetal, Centro de Edafología y Biología Aplicada del Segura (CEBAS-CSIC), Apdo. Correos 164, 30100 Espinardo (Murcia), Spain, [2]Biomedical Sciences Research Complex, University of St Andrews, Fife KY16 9ST, Scotland, UK, [3]Cell and Molecular Sciences, The James Hutton Institute, Dundee DD2 5DA, Scotland, UK

Pepino mosaic virus (PepMV; genus *Potexvirus*) causes large economic losses in tomato crops worldwide. To identify target genes to engineer loss-of-susceptibility mutants, tomato proteins that potentially interact with the PepMV coat protein (CP) were identified using a yeast two-hybrid (Y2H) screening. Preliminary results for two of them (IP10 and IP24) were encouraging, so further work focused on them. The IP24-CP interaction was validated by a directed Y2H assay, and *in planta* by coimmunoprecipitation (CoIP) and bimolecular fluorescence complementation assays. Confocal laser scanning microscopy (CLSM) of *N. benthamiana* living cells showed that IP24 and CP colocalize in the cytoplasm of healthy cells, and both of them relocalized to virus replication complexes (VRC) of infected cells. PepMV accumulation was reduced in IP24-transiently silenced tomato plants, suggesting a functional role for IP24 in the viral cycle. On the other hand, the IP10-CP interaction was validated *in vivo* by CoIP when the CP was expressed from a full length PepMV clone. In healthy cells, this interaction could not be observed. These results were in agreement with CLSM results: Coexpression of both proteins resulted in weak colocalization (IP10 localized mostly in the nucleus and CP in the cytoplasm), but they colocalized in the VRC in infected cells. We also obtained evidence (Y2H, CoIP) that PepMV TGB1 additionally interacts with IP10 and CP. TGB1 and IP10 colocalize in the nucleus, and both relocalize to VRC in infected cells. We hypothesize that TGB1 recruits IP10 to the VRC leading to the IP10-CP interaction. We have also generated IP24 and IP10 MicroTom knock-out mutants using the CRISPR/Cas9 technology to study their susceptibility to PepMV infection.

Sesión Simultánea II: Interacción Planta-Patógeno Oral 40

The context of expression of HCPro influences the ratio of sRNAs of non-plant vs. plant sequence associated to the purified protein

Francisco Javier del Toro, Eva Covielles, Emmanuel Aguilar, Francisco Tenllado, Tomás Canto*

Department of Environmental Biology, Center for Biological Research, CIB-CSIC, Ramiro de Maeztu 9, Madrid 28040, Spain

Previous works had found that small RNAs (sRNAs) of 21-22 nt were associated to HCPro purified from plants infected by either a potyvirus or a heterologous viral vector that expressed it (García-Ruíz et al., 2016. PLoS Pathog 524 11: e1004755; del Toro et al., 2017. J Vir doi:10.1128/JVI.00367-17, respectively). Furthermore, sRNAs of 21-22 nt of viral sequence with 5´-end adenines were differentially enriched in the latter case. While preference for sRNAs of a certain size and 5´-end could be explained by conformational specificities of the interactions, preference for sRNAs of non-plant vs. plant sequence would require their having either different accessibilities within the cell, or chemical properties. To investigate this further, we expressed HCPro in the absence of viral infection, by agroinfiltration. In infiltrated tissues sRNAs of non-plant sequence constituted around a quarter of the total, and were largely of T-DNA sequence, not only to transcribed regions, but also promoter and other regions. Interestingly, sRNAs to the bacterial genome were residual. We then characterized the sRNAs associated to HCPro purified from these tissues, and found that the proportion of non-plant sRNAs was less than 2%, although within them those of 21-22 nt having 5´-end adenines were still differentially enriched. Thus, in this context non-plant sRNAs were selected against for association to HCPro. We also found that individual sRNAs of T-DNA sequence were less methylated in the presence of HCPro. These data shows that the preferential association to HCPro of sRNAs of 21 nt with 5´-end adenines is confined to those being generated de novo, and suggest that this association could be counterbalanced by a concurrent blocking by HCPro of their methylation

Analysis of the cellular localization of melon VPS41, a protein that confers resistance to *Cucumber mosaic virus*

Nùria Real[1] and Ana Montserrat Martín Hernández*[1,2]

[1]Centre for Research in Agricultural Genomics (CRAG) CSIC-IRTA-UAB-UB, C/ Vall Moronta, Edifici CRAG, Bellaterra (Cerdanyola del Vallès), 08193 Barcelona, Spain. [2]IRTA (Institut de Recerca i Tecnologia Agroalimentàries), Barcelona, Spain.

Recessive resistance to CMV is usually oligogenic, governed by several Quantitative Trait Loci (QTLs). In the Korean melon accession "Songwhan Charmi" (SC), we have identified a gene, cmv1, which confers resistance to strains of subgroup II, like CMV LS by preventing viral transport from the bundle sheath cells, which surround the vein, to the phloem. However, it cannot restrict the phloem invasion of strains of subgroup I, like CMV-FNY. This discrimination occurs depending on the Movement Protein (MP) of the virus. cmv1 encodes a Vacuolar Protein Sorting 41 (VPS41), a protein involved in intracellular trafficking from late Golgi to the vacuole. By comparing the VPS41 sequence from the susceptible Piel de Sapo (PS) and resistant SC melon genotypes, we identified the polymorphism L348R as the causal mutation. Further analysis of VPS41 genes from 54 new exotic melon genotypes showed that those resistant to CMV-LS did not carry the L348R polymorphism, but a different causal mutation (G85E) that causes a strong theoretical effect on the protein.

Transient expression of VPS41 from resistant and susceptible accessions in N. benthamiana leaves shows that both of them are expressed in the cytoplasm of the epithelial cells. However, VPS41 from PS shows speckles on nuclear and plasma membranes and "walls" through the vacuole that are nearly absent in SC and co-localize with late endosomes. VPS41 from two exotic melon genotypes carrying the polymorphism G85E have the same cellular localization than that of SC. Therefore, speckles and "walls" might have a role in CMV infection, since they are present in VPS41 from the susceptible plant.

Further experiments will address the relationship between the cellular localization of VPS41 and the viral MP.

Sesión Simultánea II: Interacción Planta-Patógeno Oral 42

Contrasting effects between accumulation and transmission in mixed infection of WMV and CYSDV in melon.

Maria Luisa Domingo-Calap[1], Ana Beatriz Moreno[1], Juan Antonio Díaz Pendón[2], Aranzazu Moreno[3], Alberto Fereres[3], Juan José López-Moya[1*]

[1]Centre for Research in Agricultural Genomics CRAG, CSIC-IRTA-UAB-UB, Cerdanyola del Vallès, Barcelona, Spain. [2] Institute for Mediterranean and Subtropical Horticulture "La Mayora" (IHSM-UMA-CSIC), Algarrobo-Costa, Málaga, Spain. [3]Institute of Agricultural Sciences, ICA, CSIC, Madrid, Spain.

Mixed viral infections in plants are very common in nature, leading to either synergistic or antagonistic interactions, depending on whether the outcome is positive or negative compared to single infections. Except in some complex diseases causing severe symptoms, mixed infections often remain unnoticed, and their impact on insect vector transmission is largely unknown.

We aim to evaluate how mixed infections could affect the whitefly-transmission of the crinivirus *Cucurbit yellow stunting disorder virus* (CYSDV), and the aphid-transmission of the potyvirus *Watermelon mosaic virus* (WMV), simultaneously present in a susceptible melon host.

The dynamics of accumulation of both viruses was analyzed along a 60 days post-inoculation (d.p.i.) period, showing a much higher accumulation of CYSDV in mixed infected plants, while the viral load of WMV was consistently reduced along the whole period.

Transmission by the respective vectors using 24 d.p.i. plants as virus source showed almost no differences in primary transmission rates of CYSDV, although in semi-field experiments the secondary dissemination was slightly biased towards previously WMV-infected receptor plants. For WMV, we observed higher aphid-transmission rates when the virus was acquired from mixed infected plants, despite its lower accumulation. To explain this unexpected paradox, the feeding behavior of aphids was analyzed by the Electrical Penetration Graph technique and we found a longer cell sap ingestion phase associated with enhanced acquisition of non-persistent viruses in the case of aphids feeding on mixed infected plants. The ecological implications of our results regarding the prevalence of mixed infections will be discussed. (Funded by AGL2016-75529-R)

Sesión Simultánea II: Interacción Planta-Patógeno Oral 43

Costs and benefits of plant defenses against a sterilizing virus

Nuria Montes, Marisa López-Herranz and Israel Pagán*

Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas (UPM-INIA). Campus de Montegancedo, Universidad Politécnica de Madrid, Pozuelo de Alarcón (Madrid), Spain.

Sterilizing plant pathogens, i.e., those that drain the reproductive resources of infected hosts eventually leading to castration, may have devastating effects on host populations as they prevent host reproduction. The two main mechanisms of plant defense against such pathogens are resistance, i.e., the host's ability to limit pathogen multiplication, and tolerance, i.e., the host's ability to reduce the effect of infection on its fitness regardless of the level of pathogen multiplication. Theory predicts that selection for tolerance rather than resistance would be stronger against sterilizing pathogens because the cost of limiting pathogen multiplication would be much larger than the cost of limiting fitness effects. However, this prediction has been seldom experimentally tested. We have analyzed the level of resistance and tolerance of 18 *Arabidopsis thaliana* accessions against its natural sterilizing virus *Turnip mosaic virus* (TuMV). For both defense strategies, we have quantified the benefits in terms of increased plant fitness upon TuMV infection, and the costs as the fitness effects in uninfected individuals and the trade-offs with resistance/tolerance to other viruses. Results indicate that increased plant fitness upon TuMV infection is associated with tolerance rather than resistance, and that tolerance comes at the cost of increased susceptibility to other pathogens, but not of reduced fitness in uninfected plants. Tolerance also benefits TuMV, as it increases the virus infectious period and transmission efficiency. Thus, our results support theoretical predictions on the evolution of host defenses against sterilizing pathogens and contribute to better the costs of plant defenses against pathogens.

Sesión Simultánea II: Interacción Planta-Patógeno Oral 44

Cambios ultraestructurales y de expresión de proteínas en *Nicotiana benthamiana* inducidos por el virus 1 del marchitamiento del haba: papel de la proteína viral VP37 en el desarrollo de la enfermedad

Laura Elvira-González[1,2], Paola Fortuño[1,3], Vicente Medina[4], Caterina Carpino[1,5], Luis Rubio[1,*], Luis Galipienso[1,2]

[1]Centro de Protección Vegetal y Biotecnología, Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias (IVIA), Valencia. [2]Departamento de Biotecnología, Universitat Politècnica de València. [3]Universidad Católica de Valencia. [4]Departamento de Producción Vegetal y Ciencia Forestal, Universitat de Lleida. [5]Departamento de Agricultura y Ciencias Forestales, Universidad de Palermo, Italia

El virus 1 del marchitamiento del haba (*Broad bean wilt virus 1*, BBWV-1), del género *Fabavirus* y familia *Secoviridae*, tiene un genoma compuesto por dos moléculas de RNA de simple cadena de polaridad positiva. El RNA1 (~ 5.8 kb) codifica una poliproteína que se procesa en cinco proteínas funcionales, implicadas en la replicación y expresión del genoma. El RNA2 codifica, a partir de dos codones de inicio, dos poliproteínas que solo difieren en la longitud del extremo N-terminal. Estas dos poliproteínas son procesadas por proteólisis dando lugar a las dos proteínas de cubierta del virus, a una proteína de movimiento (MP) y en otra proteína más pequeña (VP37) que es igual a la MP, pero sin los primeros 90 aminoácidos. BBWV-1 se transmite por pulgones de manera no persistente, y está ampliamente distribuido por todo el mundo infectando y causando pérdidas en cultivos como haba, tomate y pimiento. En el sureste español es frecuente encontrarlo en cultivos de pimiento.

Estudios previos revelaron que VP37 está implicada en la especificidad de hospedador, la intensidad de síntomas, la supresión de silenciamiento génico y la inducción de necrosis sistémica. En este trabajo se ha estudiado mediante microscopía electrónica los cambios ultraestructurales que se producen en células de *Nicotiana benthamiana* tras la infección con BBWV-1 expresando y sin expresar VP37. También se ha analizado los cambios en los patrones de expresión de proteínas de la planta mediante análisis de espectrometría de masas LC-MSMS. Estos resultados contribuyen a mejorar el conocimiento sobre los mecanismos de interacción que establece BBWV-1 con su hospedador en el desarrollo de la enfermedad.

Sesión Plenaria III Oral 45

Modelización espacial bayesiana aplicada a las prospecciones de *Xylella fastidiosa* en Alicante

Martina Cendoya[1], Joaquín Martínez-Minaya[2], Amparo Ferrer-Matoses[3], Vicente Dalmau[3], David Conesa[2], Antonio López-Quílez[2], Antonio Vicent[1*]

[1]Centre de Protecció Vegetal i Biotecnologia, Institut Valencià d'Investigacions Agràries (IVIA), Carretera CV-315, Km. 10'7, 46113 Moncada. [2]Departament d'Estadística i Investigació Operativa, Universitat de València, Burjassot 46100, Valencia. [3]Servei de Sanitat Vegetal, Conselleria d'Agricultura, Medi Ambient, Canvi Climàtic i Desenvolupament Rural, Generalitat Valenciana, Av. Alacant, s/n, 46460 Silla.

La bacteria *Xylella fastidiosa* se caracteriza por su gran diversidad genética, plasticidad patogénica y amplio rango de hospedantes. Respecto a sus requerimientos climáticos, en EE.UU. se han descrito diferentes niveles de severidad de la enfermedad de Pierce de la vid, causada por *X. fastidiosa* subsp. *fastidiosa*, en función de la temperatura mínima invernal. No obstante, se desconoce si estos umbrales de temperatura son extrapolables a otras subespecies de la bacteria, especies vegetales o regiones geográficas. En este estudio se analizó la contribución de los factores climáticos y espaciales en la distribución geográfica de *X. fastidiosa* subsp. *multiplex* en almendro en Alicante. Se utilizaron datos de presencia/ausencia del patógeno obtenidos de las prospecciones en la zona demarcada de Alicante en 2017. Las covariables climáticas se obtuvieron de la base de datos WorldClim. Se calcularon los umbrales de temperatura mínima invernal y otras covariables como los grados día acumulados. Tras un proceso de selección de variables, los datos se analizaron mediante modelos jerárquicos bayesianos con el método anidado de integración de Laplace (INLA). La componente espacial se incorporó mediante una estructura condicional autoregresiva (iCAR). Debido a la reducida extensión del área de estudio, las covariables climáticas presentaron poca variabilidad y fueron poco influyentes en los modelos respecto a la componente espacial. No obstante, se constató la presencia del patógeno a diferentes altitudes en todos los umbrales de temperatura definidos para la enfermedad de Pierce. Estos resultados confirman la mayor adaptabilidad climática de *X. fastidiosa* subsp. *multiplex*, que está presente en diferentes latitudes a nivel mundial.

Sesión Plenaria III Oral 46

Molecular and biological characterization of deltasatellites, a new class of non-coding DNA satellites associated with begomoviruses

Elvira Fiallo-Olivé*, Jesús Navas-Castillo

Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea "La Mayora", Universidad de Málaga - Consejo Superior de Investigaciones Científicas (IHSM-UMA-CSIC), 29750 Algarrobo-Costa, Málaga, Spain

Deltasatellites are small non-coding circular DNA satellites associated with begomoviruses (genus *Begomovirus*, family *Geminiviridae*) which have been recently recognized as a new class of subviral agents. They have even given a taxonomic status, constituting the genus *Deltasatellite* in the family *Tolecusatellitidae*, the first family of nucleic acid satellites officially recognized by the ICTV. In recent years our laboratory has been involved in the molecular and biological characterization of a number of deltasatellites both from the Old World and the New World and the results obtained will be summarized in this presentation. Main results include: i) the demonstration that these DNA molecules are true satellites as shown by agroinoculation of infectious clones in the presence of the helper begomoviruses both in the model plant *Nicotiana benthamiana* and the natural host plants, ii) reduction of virus accumulation and symptoms has been observed in some helper virus/deltasatellite combinations, iii) some deltasatellites are transreplicated by a range of begomoviruses, and iv) deltasatellites are transmitted by the whitefly *Bemisia tabaci*, the vector of their helper begomoviruses. Some recent results describing new begomovirus/deltasatellite complexes and the behavior of a number of engineered deltasatellite mutans will be also presented.

Sesión Plenaria III Oral 47

Characterization of two new partitiviruses that replicate differentially in the fungi *Entoleuca* sp. and *Rosellinia necatrix* that infect avocado

Leonardo Velasco[1]*, Enrico Cretazzo[1], Isabel Arjona-Girona[2] and Carlos López-Herrera[2]

[1]*Instituto Andaluz de Investigación y Formación Agraria (IFAPA), 29130 Málaga.* [2]*Instituto de Agricultura Sostenible (IAS), CSIC, 14080 Córdoba.*

Rosellinia necatrix is responsible for the white rot root, the main disease affecting the avocado cultivation in Malaga and Granada provinces. *Entoleuca* sp. is a fungus recently isolated from roots of these same trees, is not pathogenic in avocado and also seems to exert a biological control on the pathogenicity of *R. necatrix* (Arjona-Girona and López-Herrera, 2018). Here, we describe two new species of partitiviruses, Entoleuca partitivirus 1 (PV1) and Entoleuca partitivirus 2 (EnPV2), detected in isolates of *Entoleuca* sp. and *R. necatrix*. Genetic and phylogenetic analyses showed that one of the partitiviruses (EnPV1) belongs to the genus *Alphapartitivirus* while the other (EnPV2) resulted ascribed to the genus *Betapartitivirus*. Moreover, we have investigated the replication of both viruses in *Entoleuca* sp. isolates E97-14 and E112-4 that host different viromes. The dsRNA2 genomic component of EnPV1, which encodes the cover protein gene, resulted in a concentration two orders of magnitude higher than the dsRNA1, which encodes the replicase. However, we found that the concentration of the dsRNA1 genomic component of EnPV1 was in the same range as the other two genomic segments of EnPV2 (dsRNA1 and dsRNA2). In contrast, the replication rate in *R. necatrix* of the dsRNA2 component of EnPV1 was in the same magnitude order as the dsRNA1 and the two genomic components of EnPV2. Besides, the analysis of partial sequences of the genomic components in different strains revealed a 100% nucleotide identity for both partitiviruses, in contrast to the variability found in other viruses present in the same fungal isolates (Velasco et al., 2018). Finally, the presence or absence of these partitiviruses has no effect on the pathogenicity of *R. necatrix* or the avirulence of *Entoleuca* sp. in avocado.

Funding: AVA2016.01 from Junta de Andalucía (co-financed by FEDER) and AGL-2014-52518-C2-2- R from MINECO.

Sesión Plenaria III Oral 48

Expresión heterogénea de genes relevantes para la virulencia de *Pseudomonas syringae*

Nieves López-Pagán[1], José S. Rufián[1], Diego López-Márquez[1], Laurent Aussel[2] Javier Ruiz-Albert[1], y Carmen R. Beuzón[1*]

[1]*Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea "La Mayora" (IHSM-UMA-CSIC). Departamento de Biología Celular, Genética y Fisiología. Facultad de Ciencias. Universidad de Málaga. 29071, Málaga.* [2]*Aix Marseille Université, CNRS, LCB UMR, 7283, IMM, Marseille, France*

La heterogeneidad o variación fenotípica ha sido descrita en poblaciones clonales microbianas desde hace décadas. Bajo el control de ciertos circuitos regulatorios, la heterogeneidad en la expresión génica puede dar lugar a un perfil de expresión bimodal en ambientes homogéneos, proceso conocido como biestabilidad. La relevancia de este proceso se ha demostrado en *Salmonella entérica* y en otros patógenos humanos durante el establecimiento de la resistencia a antibióticos, y se ha observado la implicación de este proceso en la expresión de genes de virulencia. *Pseudomonas syringae* es una bacteria fitopatógena de gran importancia económica que requiere del Sistema de Secreción Tipo III (T3SS) para suprimir las respuestas de defensa de la planta. Nuestro equipo ha descrito que genes de diferentes elementos del T3SS muestran biestabilidad en su expresión en condiciones de inducción en el laboratorio, asociada a diferencias fenotípicas en virulencia, y que dicha expresión es marcadamente heterogénea durante la colonización de la planta. Por otro lado, el flagelo es otro elemento importante tanto en el estilo de vida de *P. syringae* como en su interacción con el huésped, donde dispara inmunidad basal, que asimismo presenta expresión heterogénea, tanto en cultivos, como durante la proliferación en los espacios intercelulares de la hoja huésped. Dado que resultados previos de nuestro y otros laboratorios indican la existencia de un cierto grado de contra-regulación entre el flagelo y el T3SS, este trabajo pretende profundizar en la relación entre la motilidad flagelar y la regulación de la expresión génica del T3SS, así como en el impacto potencial que la expresión biestable del T3SS puede tener sobre la motilidad a nivel de una sola célula.

Global analysis of the geminivirus Tomato yellow leaf curl virus (TYLCV) genome expression and DNA methylation during infection in tomato plants

Alvaro Piedra-Aguilera[1], Chen Jiao[2] Ana P. Luna[1], Beatriz Romero-Rodríguez[1], Anna Esteve-Codina[3], Francisco Villanueva[1], Juan A. Díaz-Pendón[1], Zhanjun Fei[2], Eduardo R. Bejarano[1], Araceli G. Castillo[1*]

[1]Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea "La Mayora" (IHSM-UMA-CSIC), Area de Genética, Universidad de Málaga, Campus Teatinos, 29071 Málaga, Spain.[2] Boyce Thompson Institute, Cornell University, Ithaca, NY 14853, USA. [3]Centro Nacional de Análisis Genómico (CNAG). Barcelona Science Park. 08028. Barcelona. Spain

Geminiviruses are the plant largest family of DNA viruses that cause devastating diseases in crops worldwide. Upon the infection, viral genomes and transcripts are targeted by the plant gene silencing machinery, that processes the viral transcripts into viral small interfering RNAs (vsRNAs) and directs viral DNA methylation. To counteract these plant responses, geminiviruses encode proteins that are able to supress both, post-transcriptional and transcriptional gene silencing.

To get an insight into geminiviral infection, the transcriptional and DNA methylation landscape of the geminivirus TYLCV (Tomato yellow leaf curl virus) from tomato-infected leaves, was characterized for the first time at high coverage by Illumina high-throughput sequencing during a time course infection. Three week-old tomato plants (*Solanum lycopersicum* cv. Moneymaker) were infected with TYLCV by agroinoculation or using its natural vector, the whitefly *Bemisia tabaci*. RNA and DNA were extracted from samples collected at 2, 7, 14 and 21 dpi (days post ingfection) and RNAseq, smallRNAseq and WGBS (Whole Genome Bisulfite Sequencing) was performed.

We will present the RNA and vsRNA expression profiles along the infection and the complete DNA methylation landscape of a geminivirus by both inoculation methods, discussing the correlation with viral transcripts, vsRNA and viral DNA accumulation.

Sesión Simultánea III: Interacción Planta-Patógeno Oral 50

Coordinated regulation of the immune repressor *BIR1* during viral infections involves transcriptional and post-transcriptional silencing and is required to preserve host integrity

Irene Guzmán-Benito[1], Livia Donaire[1], Alicia Esteban del Valle[2], Andrzej T. Wierzbicki[3], Miguel Angel Botella[2], César Llave[1]*

[1]*Department of Microbial and Plant Biotechnology, Centro de Investigaciones Biológicas, CSIC, Madrid.* [2]*Departamento de Biologia Molecular y Bioquímica. Universidad de Málaga, Málaga.* [3]*Department of Molecular, Cellular, and Developmental Biology, University of Michigan, Michigan, USA*

In an attempt to identify novel RNA silencing targets associated to viral infections, we conducted high- throughput degradome studies in Arabidopsis and identified *BAK1-INTERACTING RECEPTOR-LIKE KINASE 1* (*BIR1*) as undergoing extensive mRNA degradation in virus-infected plants, but not in non- infected controls. *BIR1* is a negative regulator of basal immunity and cell death, and we found that was upregulated by two RNA viruses. Here we uncover the mechanism of *BIR1* regulation and its biological relevance. We show that RNA-directed DNA methylation (RdDM) is required to control *BIR1* expression albeit the *BIR1* promoter is transcriptionally activated during infections without affecting methylation. We demonstrate that transcriptional activation of the *BIR1* promoter is salicylic acid (SA)- dependent, while SA levels are increased in infected plants. We further identify 5' degradome signatures diagnostic of preferential cleavage in the *BIR*1 mRNA. Mutations within cleavage sites stabilize BIR1 proteins, suggesting that they are critical for *BIR1* regulation. Arabidopsis transgenics for *BIR1* using a DEX-inducible system show that overexpression of *BIR1* leads to severe developmental defects that correlate with misregulation of the immune response and cell death. Furthermore, aberrant phenotypes were also observed in Arabidopsis infected with a Tobacco rattle virus (TRV)-based vector in which *BIR1* was overexpressed under a viral promoter. We propose that double regulation of *BIR1* is crucial to maintain *BIR1* expression within tight limits beyond which plant fitness would be compromised due to unregulated expression of plant defense.

Sesión Simultánea III: Interacción Planta-Patógeno Oral 51

Identificación de una proteína de Arabidopsis que presenta actividad desmetilasa m^6A y participa en el control del proceso infeccioso del virus del mosaico de la alfalfa y en la regulación de los niveles de m^6A en su genoma

Mireya Martínez-Pérez, Frederic Aparicio, Maria Pilar López-Gresa, Jose María Belles, Jesus Ángel Sánchez-Navarro, Vicente Pallás*

Instituto de Biología Molecular y Celular de Plantas (IBMCP). (Universitat Politecnica de Valencia-Consejo Superior de Investigaciones Científicas). Ingeniero Fausto Elio s/n, 46022 Valencia, Spain.

La metilación del nitrógeno en posición 6 de la adenosina (m^6A) es una de las modificaciones reversibles fundamentales en la biología del RNA.

En mamíferos, la metilación m^6A está regulada por un complejo en el que intervienen la N6- adenosina-metiltransferasa, proteínas con actividad desmetilasa y proteínas que reconocen y unen RNAs-m6A y que modulan su estabilidad y/o traducción. Sin embargo, en plantas se desconocen la mayoría de los componentes implicados en este mecanismo. En el momento de realizar el presente trabajo sólo se conocían dos de las proteínas pertenecientes al complejo metiltrasferasa en Arabidopsis y no se había identificado ninguna desmetilasa y de reconocimiento m^6A.En el presente trabajo se muestra la caracterización de una proteína de *Arabidopsis thaliana* denominada atALKBH9B. Nuestros resultados indican que esta proteína presenta actividad desmetilasa *in vitro* sobre residuos m^6A en moléculas de RNA. Además, atALKBH9B se acumula en siRNA bodies y parece asociarse a P-bodies, sugiriendo una posible vinculación con procesos de silenciamiento y/o degradación de mRNAs. Por otro lado, se ha observado la interacción entre atALKBH9B y la proteína de cubierta del virus del mosaico de la alfalfa (AMV) indicando un posible papel de atALKBH9B y la metilación m^6A en la infección del virus. Mediante diferentes aproximaciones se ha confirmado la presencia de m^6A en el genoma del AMV así como el papel de esta desmetilasa en la modulación de los niveles de m^6A en el genoma del AMV y en la regulación de su ciclo viral. Nuestros datos sugieren que la regulación de los niveles de m^6A en el genoma viral podría representar un nuevo mecanismo de control del proceso infeccioso del AMV.

Sesión Simultánea III: Interacción Planta-Patógeno Oral 52

Cell death triggered by the P25 protein in *Potato virus X*-associated synergisms results from ER stress in *Nicotiana benthamiana*

Emmanuel Aguilar[1], Francisco J. del Toro[1], Chantal Brosseau[2], Peter Moffett[2], Tomás Canto[1], and Francisco Tenllado[1*]

[1]*Centro de Investigaciones Biológicas, CSIC, Madrid 28040.* [2]*Université de Sherbrooke, Sherbrooke, Québec J1K 2R1, Canada.*

The synergistic interaction of *Potato virus X* (PVX) with a number of potyviruses results in systemic necrosis in *Nicotiana* spp. Previous investigations have indicated that the viral suppressor of RNA silencing (VSR) protein P25 of PVX triggers systemic necrosis in PVX-associated synergisms in a threshold-dependent manner. However, little is still known about the cellular processes that lead to this necrosis, and whether the VSR activity of P25 is involved in its elicitation. Here, we show that transient expression of P25 in the presence of VSRs from different viruses, including the HC-Pro of potyviruses, induces endoplasmic reticulum (ER) stress and the unfolded protein response (UPR), which ultimately lead to ER collapse. However, the host RNA silencing pathway was dispensable for elicitation of cell death by P25. Confocal microscopy studies in leaf patches co-expressing P25 and HC-Pro showed dramatic alterations in ER membrane structures, which correlated with the up-regulation of bZIP60 and several ER-resident chaperones including the ER luminal binding protein (BiP). Overexpression of BiP alleviated the cell death induced by the potexviral P25 protein when expressed together with VSRs derived from different viruses. Conversely, silencing of UPR master regulator, bZIP60, led to an increase in cell death elicited by the P25/HC-Pro combination as well as by PVX-associated synergism. Besides its role as a negative regulator of P25-induced cell death, UPR partially restricted PVX infection. Thus, systemic necrosis caused by PVX-associated synergistic infections is likely the effect of an unmitigated ER stress following overaccumulation of a viral protein, P25, with ER- remodeling activity.

Sesión Simultánea III: Interacción Planta-Patógeno Oral 53

Geminivirus replication protein impairs SUMO conjugation of PCNA at two acceptor sites

Blanca Sabarit[1], Manuel Arroyo-Mateos[1,2], Francesca Maio[2], Miguel Sánchez-Durán[1], Tábata Rosas- Díaz[1,4], Alejandro F. Uceta-Gamaza[1], Marcel Prins[3], Javier Ruiz-Albert[1], Ana P. Luna[1], Harrold A. van den Burg[2], Eduardo R. Bejarano[1*].

[1]Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea "La Mayora", (IHSM-UMA-CSIC), Málaga, Spain. [2]Molecular Plant Pathology, Swammerdam Institute for Life Sciences, Faculty of Science University of Amsterdam, Amsterdam, The Netherlands. [3]Keygene NV, Wageningen, The Netherlands. [4]Shanghai Center for Plant Stress Biology/CAS Center for Excellence in Molecular Plant Science, Chinese Academy of Sciences, Shanghai, China.

Geminiviruses are plant viruses with circular, single-stranded DNA (ssDNA) genomes that infect a broad range of plants causing substantial crop diseases worldwide. They replicate in nuclei of infected cells by using host DNA replication machinery and an essential protein encoded in their genome designated Rep (replication-associated protein). This multifunctional protein induces the accumulation of the host factors involved in replication and it is capable of interacting with a lot of plant proteins including PCNA (Proliferating Cell Nuclear Antigen), a processivity factor that coordinates a wide range of processes involved in maintenance, duplication and transmission of the genome, and the sumoylation enzyme that conjugates SUMO to target proteins (SUMO-conjugating enzyme- SCE). PCNA modification by SUMO, and also ubiquitin, has long been known to be of key importance for determining how DNA damage is processed by the replisome and for maintenance of overall genome integrity. In yeast, PCNA sumoylation has been associated to DNA repair involving homologous recombination (HR). Previously, we reported that Rep ectopic expression does not result in broad changes in the sumoylation pattern of plant cells, but it modifies the sumoylation state of selected host proteins. In this work, we show, using a reconstituted sumoylation system in *Escherichia coli*, that tomato PCNA is sumoylated at two residues, K254 and K164, and that co-expression of the Rep protein suppresses PCNA sumoylation at these lysines. Finally, we confirm that PCNA is sumoylated and that Rep also interferes with PCNA sumoylation *in planta*.

Sesión Simultánea III: Interacción Planta-Patógeno Oral 54

Azospirillum brasilense Sp7 x *Gibberella zeae* interactions in early growth stages of high carotenoid corn activates the MYB transcription factor to up-regulate the JA and SA hormone response

Sarah B. Lade*[1,2], Jordi Giné Bordonaba[3], Alfonso Albacete[4], Luis Serrano[1,2], Joan Segarra[1,2], Paul Christou[1,2], Vicente Medina[1,2]

[1]Universitat de Lleida, Escola Tècnica Superior d´Enginyeria Agrària (ETSEA), Departament de Producció. Vegetal i Ciència Forestal, Lleida, Spain.[2]AGROTECNIO Center, Universitat de Lleida, Escola Tècnica Superior de l'Enginyeria Agrària (ETSEA), Lleida, Spain.[3]Postharvest Programme, Institute for Food and Agricultural Research and Technology (IRTA), Parc Científic I Tecnologic Agroalimentari de Lleida, Parc de Gardeny, Lleida, Spain.[4]Departamento de Nutrición Vegetal, CEBAS-CSIC, Murcia, Spain

High-carotenoid (HC) corn is rich in pro-vitamin A and other nutritionally important carotenoids. In addition to safety and efficacy studies, HC must be tested to determine fitness to interact with a diverse array of abiotic and biotic stresses. *Gibberella zeae* (anamorph *Fusarium graminearum*) (GZ) has devastating effects on corn when infection takes place at early stages. Priming seeds with plant growth-promoting rhizobacteria (PGPR) promotes seedling survival and reduces posterior detrimental effects of this pathogen. We compared HC with its near isogenic white corn inbred line (M37W), and tested how the PGPR *Azospirillum brasilense* Sp7 (Sp7) interacts with HC by linking specific gene signals with the hormonal and defense response. HC seedlings were co-inoculated with Sp7 and GZ and grown under controlled conditions. Four weeks after planting, the seedlings were tested for disease severity, moisture accumulation, ferric reducing antioxidant power (FRAP), total phenolic content (TPC), hormone assemblage of the plant immune system, expression of antioxidant turnover genes and hormonal transcription factors (TFs). Co-inoculation decreased disease severity in HC, and increased both FRAP and TPC. Co-inoculation had a synergistic effect with HC, promoting seedling survival and a non-antagonistic relationship between increased levels ($p<0.05$) of jasmonic and salicylic acids (JA and SA). Antioxidant and ABA turnover genes all over-expressed in HC Sp7 and co- inoculated plants, indicating synergy between Sp7 and the genotype. Synergy observed between HC co-inoculated plants for JA and SA contents corresponds to over-expression of the MYB TF.

Sesión Simultánea III: Epidemiología & Interacción Planta-Patógeno Oral 55

Colonización endófita de *Fusarium circinatum* en raíces de *Pinus radiata* y huéspedes alternativos en una plantación con chancro resinoso

Laura Hernández-Escribano[1,2*], Margarita Elvira-Recuenco[1], Eugenia Iturritxa[3], Ana Aragonés[3], Nebai Mesanza[3], Mónica Berbegal[4], Rosa Raposo[1,5]

[1]Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria, Centro de Investigación Forestal (INIA-CIFOR), Ctra. La Coruña Km.7,5, 28040 Madrid. [2]Departamento de Biotecnología- Biología Vegetal, Escuela Técnica Superior de Ingeniería Agronómica, Alimentaria y de Biosistemas, 28040 Madrid, Universidad Politécnica de Madrid. [3]NEIKER, Granja Modelo de Arkaute, Apdo 46, 01080 Vitoria-Gasteiz. [4]Instituto Agroforestal Mediterráneo, Universitat Politècnica de València, Camino de Vera s/n 46022, Valencia. [5]Instituto de Gestión Forestal Sostenible (iuFOR), Universidad de Valladolid/INIA.

Fusarium circinatum es el causante del chancro resinoso, una de las enfermedades más importantes del pino. El síntoma típico es la muerte regresiva de ramas junto con la producción de abundante resina de los chancros. El hongo sobrevive en el terreno en restos de ramas y acículas infectadas pero no en el suelo, probablemente por falta de estructuras especializadas y la no ocurrencia de reproducción sexual. Recientemente se ha detectado como endófito de gramíneas sin causar daño aparente. Nuestro objetivo es, en una plantación de *Pinus radiata* con síntomas de la enfermedad, describir la colonización endófita de (1) plantas herbáceas del tapiz vegetal y (2) raíces de pinos asintomáticos, que puedan actuar como reservorios de inóculo. *F. circinatum* se ha detectado en cinco familias de dicotiledóneas además de 2 familias de Poaceae, colonizando solo la parte aérea de las plantas y no en sus raíces ni en el suelo. Esto sugiere que el hongo coloniza estas plantas a través de esporas dispersadas por el aire. Se ha encontrado también en raíces de árboles maduros que no mostraban enfermedad, con mayor frecuencia en árboles asintomáticos que en árboles con chancro. Todos los aislados procedentes de plantas asintomáticas resultaron ser patogénicos en pino. El análisis de marcadores moleculares SSR reveló un único haplotipo, independiente del origen del aislado (pino asintomático/enfermo y plantas herbáceas) por lo que concluimos que el mismo haplotipo puede vivir como endófito o patógeno. El papel que *F. circinatum* desempeña como endófito en raíces de pino y huéspedes alternativos es desconocido, pero la posible dispersión del hongo a través de estas fuentes de inóculo debe ser considerada en el manejo de la enfermedad.

New insights in the epidemiology and management of Botrytis bunch rot in vineyards.

Elisa González-Domínguez[1*], Giorgia Fedele[2], and Vittorio Rossi[2]

[1]Horta srl., Via Egidio Gorra 55, 29122 Piacenza, Italy (www.horta-srl.com);[2] Department of Sustainable Crop Production, Università Cattolica del Sacro Cuore, Via Emilia Parmense, 84, 29122 Piacenza, Italy.

Botrytis bunch rot (BBR), caused by *Botrytis cinerea*, is usually managed by routine application of fungicide sprays at flowering (A), pre-bunch closure (B), véraison (C), and before harvest (D). Recently, a mechanistic model was developed to predict the severity of BBR epidemics based on weather conditions, vine growth stages and the different infection paths of *B. cinerea*. The model was validated against 21 epidemics by using a discriminant function analysis (DFA), with 81% accuracy. The model was further validated in 23 epidemics in Italy, France and Spain (1997-2017); the model correctly predicted 89% of these epidemics when both visible and latent infections were considered at harvest. The DFA showed that the infection periods predicted by the model in early stages (developing bunches to fruit set) did play a key role in the BBR severity on mature bunches. Consistently, a further meta- analysis of 116 studies showed that treatments in A are crucial for achieving efficient and flexible disease control. The model was finally used to schedule fungicide treatments in three Italian locations (2015- 2017); in 8 out of 9 cases (location x year) the decisions made by using the model were correct; in 1 location, the model suggested a treatment when not necessary (i.e., the model provided an unjustified alarm). The farmer's schedule was correct in only 3 out of 9 locations, and in 3 locations fungicides were not applied when necessary. The results overall show that the model is a useful tool for supporting decision-making in scheduling fungicide treatments for controlling *B. cinerea* in vineyards.

Estudio etiológico de la podredumbre de los dientes de ajo (*Alllium sativum*) en postcosecha

Laura Gálvez*, Daniel Palmero

Laboratorio de Protección Vegetal, Escuela Técnica Superior de Ingeniería Agronómia, Alimentaria y de Biosistemas, Universidad Politécnica de Madrid.

El ajo español es conocido internacionalmente por su alta calidad y sus cualidades culinarias. España es el primer productor y exportador de este producto dentro de la Unión Europea. En los últimos años el cultivo del ajo se ha visto afectado por diferentes patologías y fisiopatías postcosecha, poco conocidas entre los técnicos y productores y fácilmente confundibles. En este trabajo se pretende caracterizar las diferentes sintomatologías presentes en los bulbos de ajo, determinándose la incidencia y gravedad de cada uno de los diferentes síntomas. Además se han identificado los diferentes hongos asociados a cada sintomatología y se han realizado pruebas de patogenicidad. Para ello se muestrearon lotes de bulbos de destrío de diferentes cooperativas ajeras en seis provincias españolas. El análisis inicial permitió diferenciar catorce síntomas diferentes en base a sus características morfológicas. Tras los análisis microbiológicos, la regresión logística binaria de los datos permitió asociar el 42,85% de los síntomas con la presencia de hongos, el 21,43% con bacterias y un único síntoma con nematodos. Las pruebas de patogenicidad realizadas con las especies fúngicas aisladas (*Penicillium allii, Fusarium proliferatum, F. oxysporum* y *F. solani, Stemphylium vesicarium y Embellisia allii)* de los dientes sintomáticos permitieron determinar la etiología de varias de las sintomatologías observadas. Los resultados del presente trabajo revelaron que los bulbos de ajo cosechados pueden presentar una amplia diversidad de síntomas que se corresponden con diferentes agentes causales de origen biológico, y en muchas ocasiones, con alta incidencia.

Endogenous plant elicitor peptides as sustainable tools to control plant pathogens

Laura Foix, Anna Nadal, Laura Montesinos, Cristina Ruiz, Emilio Montesinos, Maria Pla*

Institute for Food and Agricultural Technology (INTEA), University of Girona, Campus Montilivi (EPS-1), 17003 Girona, Spain

The first tier of plant immunity corresponds to pathogen perception via the recognition of conserved pathogen-associated molecular patterns (PAMPs), which leads to a complex set of defence responses known as pattern-triggered immunity (PTI). Recognition of elicitor molecules originating endogenously within the host plant (damage-associated molecular patterns, DAMPs) also triggers immune responses similar to PTI. Plant elicitor peptides (PEPs) are endogenous molecules synthesized by the plants that are perceived by plant leucine-rich repeat protein-kinase receptors (PEPRs) and induce and amplify PTI, contributing to protect plants against biotic stress. In the model species *Arabidopsis* PEP topic application and overexpression have been found to enhance disease resistance.

Here we explored the possible use of PEPs to protect agriculturally relevant species, such as those of the Rosaceae family, against important pathogens for which the main control strategy is based on preventive treatments with synthetic chemical compounds of limited efficacy and strong negative environmental impact.

We identified the PEP precursor (PROPEP), mature PEP and PEPR orthologues of 100 cultivars of 36 Rosaceae species, and we used the *Prunus persica* and *Xanthomonas vesicatoria* pv. *pruni* (Xap) pathosystem as proof-of-concept to confirm the function of the PEP/PEPR system. Topic treatment of *Prunus* plants with PEPs enhanced resistance against Xap in *ex vivo* and *in vivo* experiments. Protection was achieved at nanomolar concentrations and involved the induction of a set of defence- related genes. PEPs from different Rosaceae species displayed different protection efficiencies. On the basis of the large amount of Rosaceae PEPs described, work is in progress to characterize their mode of action and rationally design improved sequences for use against important plant pathogens affecting these plant species.

Genética de poblaciones, análisis genético y genómica: contribuciones en la caracterización de la interacción *Botrytis cinerea – Vitis vinifera*

Wilson Acosta[1], Francisco Anta[1], Mike Thon[1], Ricardo Baroncelli[1,2], Jan van Kan[3], José María Díaz- Mínguez[1] y Ernesto Pérez Benito[*1].

[1]*Centro Hispano Luso de Investigaciones Agrarias (CIALE). Dpto. de Microbiología y Genética. Universidad de Salamanca. Villamayor de la Armuña. Salamanca. España.* [2]*Laboratoire Universitaire de Biodiversité et Écologie Microbienne, ESIAB, Université de Brest, Plouzané, Finistère, Francia.* [3]*Laboratorio de Fitopatología. Wageningen University, Wageningen, The Netherlands.*

La vid es un cultivo estratégico en España. *Botrytis cinerea* es el agente causal de la podredumbre gris, una de las principales enfermedades de la vid y de numerosos cultivos de enorme importancia económica. Es un hongo de estilo de vida necrotrofo y tremendamente variable. Estas características, junto con su capacidad de dispersión y su amplio rango de huéspedes determinan que su control en campo resulte muy difícil. Es necesario profundizar en la caracterización genética de los patosistemas en los que participa con el objeto de identificar posibles dianas sobre las que intervenir.

Nuestro grupo de investigación ha llevado a cabo un análisis de las poblaciones naturales de *Botrytis* spp. de los viñedos de Castilla y León y ha estudiado la diversidad inter- e intraespecífica asociada a la podredumbre gris. Se ha constatado que predomina la especie *B. cinerea*, pero ha sido posible recuperar aislados de al menos dos especies diferentes del género no descritas previamente en España: *B. pseudocinerea* y *B. californica*. Este análisis ha demostrado la existencia de una gran diversidad fisiológica y genética en las poblaciones naturales de *B. cinerea*, en particular en relación con el carácter “patogenidad”, y durante su ejecución han sido identificados aislados del patógeno incapaces de infectar a la planta huésped. El análisis genético de éstos, basado en la realización de cruzamientos, ha permitido determinar la existencia de un gen con efecto mayor que controla patogenicidad y esporulación en esta especie. La aplicación de herramientas genómicas que hacen uso de los principios del análisis de segregantes agrupados ha facilitado la caracterización del genoma de diferentes aislados de campo y ha hecho posible la identificación del gen con efecto mayor.

Sesión Simultánea III: Epidemiología & Interacción Planta-Patógeno Oral 60

Efecto de una ola de calor en castaños estresados hídricamente y posteriormente infectados por *Phytophthora cinnamomi*

Álvaro Camisón[1], Ángela Martín[2], Francisco Alcaide[1], Pilar Santamargarita[1], Marina González[1], Francisco de Dios[1], Jesús Rodríguez[1], David Morcuende[3], Beatriz Cuenca[4], Alejandro Solla[1*]

[1]Instituto de Investigación de la Dehesa; Ingeniería Forestal y del Medio Natural, Universidad de Extremadura. Av. Virgen del Puerto 2, 10600 – Plasencia, España. [2]Escuela Técnica Superior de Ingeniería Agronómica y de Montes, Universidad de Córdoba. Carretera Nacional IV km 396, 14014 - Córdoba, España. [3]Instituto de Investigación IProCor; Grupo de Investigación TECAL, Universidad de Extremadura. Av. de las Ciencias s/n, 10003 – Cáceres. [4]TRAGSA, Vivero de Maceda, Carretera de Maceda-Baldrei km 2, 32700-Maceda, Ourense, España

Los eventos de estrés hídrico prolongado en combinación con eventos de estrés térmico puntual u olas de calor son cada vez más frecuentes en los ecosistemas forestales. Ante el debilitamiento que estos eventos generan en planta, es posible que determinados patógenos termófilos, tales como *Phytophthora cinnamomi* (*Pc*) incrementen la mortalidad del arbolado. En castaño, dentro del proyecto AGL2014-53822-C2 se plantearon las hipótesis (H_1) los genotipos más susceptibles al estrés hídrico lo son también al calor, (H_2) el estrés hídrico previo influye en la susceptibilidad de plantas ante una ola de calor y (H_3) el estrés hídrico previo a una ola de calor influye en la mortalidad de plantas ante *Pc*. Durante 2016 y principios de 2017, seis genotipos de *Castanea* (tres susceptibles y tres tolerantes a *P. cinnamomi*; n=40) fueron sometidos a estrés hídrico prolongado (D) y riego abundante (C). En julio de 2017, coincidiendo con una ola de calor, la planta fue expuesta a 48-50ºC (tratamiento T) y posteriormente inoculada con *Pc.* Los clones más susceptibles a D no fueron los clones más susceptibles a T, luego H_1 no se confirma. Sí se observó una relación entre la susceptibilidad clonal a D y a D+T (r=0,92; p<0.001). Ante T, todos los clones sometidos a D acusaron mayor marchitamiento foliar que los clones sometidos a C (71 y 31% en D+T y C+T respectivamente; p<0.001), luego se confirma H_2. Se registraron mortalidades similares entre plantas D+T+*Pc* (72%) y C+T+Pc (66%), luego H_3 no se confirma. Los clones más susceptibles a D y D+T fueron los clones más resistentes a D+T+*Pc*, y los más susceptibles a T fueron los más resistentes a T+*Pc*, luego en castaño se aprecia un *trade-off* entre la resistencia a factores de naturaleza abiótica y a *Phytophthora cinnamomi*.

Sesión Simultánea III: Interacción Planta-Patógeno Oral 61

Análisis metabolómico de la producción de compuestos indólicos por bacterias fitopatógenas del complejo *Pseudomonas syringae*.

Adrian Pintado[1], Victoria Pastor[2], Miguel Cerezo[2], Victor Flors[2], Cayo Ramos[1*]

[1]Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea "La Mayora", Universidad de Málaga-CSIC, Área de Genética, Universidad de Málaga, Campus de Teatinos, 29010. [2]Metabolic Integration and Cell Signalling Group, Departament de Ciències Agràries i del Medi Natural, Universitat Jaume I (UJI), Campus del Riu Sec, E-12071-Castelló de la Plana, Spain.

Las bacterias Gram negativas del complejo *Pseudomonas syringae*, entre las que se incluye *Pseudomonas savastanoi*, infectan gran variedad de plantas herbáceas y leñosas de relevancia agrícola y económica. Las cepas de *P. savastanoi* productoras de tumores o excrecencias en las partes aéreas de plantas leñosas se incluyen en los patovares savastanoi (Psv, aislados de olivo), nerii (Psn, aislados de adelfa), retacarpa (Psr, aislados de retama) y fraxini (Psf, aislados de fresno). La mayoría de las cepas de *P. savastanoi* producen ácido indol-3-acético (IAA) a través de la ruta de la indole-3-acetamida, en la cual intervienen los genes *iaaM* e *iaaH*. Esta ruta es la mejor caracterizada en bacterias fitopatógenas, sin embargo, estos genes no se codifican en cepas de Psf ni se encuentran ampliamente distribuidos en el complejo *P. syringae*. Aunque un mutante de Psv afectado en el operón *iaaMH* reduce drásticamente los niveles de IAA producidos, en el sobrenadante de cultivos de esta cepa se detecta una cantidad basal de IAA, similar a la presente en cultivos de cepas de Psf y de *P. syringae* carentes de estos genes. Esto sugiere la presencia de una ruta de biosíntesis de IAA alternativa en estas cepas. Con el fin de identificar dicha ruta hemos llevado a cabo un análisis metabolómico de los compuestos indólicos producidos por cepas pertenecientes a todos los patovares de *P. savastanoi* y por la cepa *P. syringae* DC3000 patógena de tomate (Pto). El agrupamiento de estas cepas según sus perfiles metabólicos es concordante con sus relaciones filogenéticas. Además, hemos observado una mayor similitud metabólica entre las cepas de Psf y Pto con un mutante de Psv carente del operón *iaaMH*.

Financiado por AGL2014-53242-C2-1-R (MINECO-FEDER).

Sesión Simultánea III: Interacción Planta-Patógeno Oral 62

Estudio comparativo de características de las cepas de *Pseudomonas syringae* pv. syringae asociadas a mango.

Aprile F, Gutiérrez-Barranquero J.A, Cazorla F.M, de Vicente A.

Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea "La Mayora" (IHSM-UMA-CSIC), Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias, Universidad de Málaga.

Pseudomonas syringae es una bacteria fitopatógena modelo, de la que se dispone de una gran cantidad de información a todos los niveles. Esta especie está compuesta por más de 60 patovares diferentes, siendo el patovar syringae uno de los más importantes. Cepas de *P. syringae* pv. syringae (Pss) constituyen el agente causal de la necrosis apical del mango, enfermedad que afecta a las principales áreas de cultivo de clima mediterráneo a nivel mundial. El objetivo principal de este trabajo es el estudio comparativo de las propiedades microbianas potencialmente relacionadas con la adaptación de la bacteria al ambiente y a su huésped. Para ello, se llevará a cabo la comparación de dos colecciones de cepas de Pss aisladas de mango en diferentes zonas geográficas, y separadas dos décadas en el tiempo. Ambas colecciones se han caracterizado desde el punto de vista fenotípico y genético en cuanto a sus características más relevantes implicadas tanto es su fase epifítica como patogénica. También se ha analizado la filogenia de las cepas incluidas en nuestro estudio, empleando secuencias parciales de dos genes *housekeeping* (*gyr*B y *rpo*D). Los resultados hasta el momento muestran pocas diferencias entre las dos poblaciones tras las pruebas ensayadas.

Este trabajo ha sido financiado por ayuda de la Consejería de Economía, Innovación y Ciencia, Junta de Andalucía (P12-AGR-1473), cofinanciados con fondos FEDER (UE).

Sesión Simultánea III: Interacción Planta-Patógeno Oral 63

A *Verticillium dahliae* RNA-dependent RNA polymerase plays an important role during mycovirus infection

M. Carmen Cañizares[1], Pilar Prieto[2], Encarnación Pérez-Artés[3], M.Dolores García-Pedrajas[1*]

[1]Depto. Protección de Plantas, Instituto de Hortifruticultura Subtropical y Mediterranea "La Mayora", Universidad de Málaga-Consejo Superior de Investigaciones Cientificas (IHSM-UMA-CSIC), Málaga, España.[2]Depto. de Mejora Genética, Instituto de Agricultura Sostenible, Consejo Superior de Investigaciones Científicas (IAS-CSIC), Córdoba, España.[3]Depto. Protección de Cultivos, Instituto de Agricultura Sostenible, Consejo Superior de Investigaciones Científicas (IAS-CSIC), Córdoba, España

Verticillium dahliae, causal agent of Verticillium wilt, is a pathogen with a broad host range difficult to control. Virus infection can cause a reduction in virulence in phytopathogenic fungi. Fungal viruses, or mycoviruses, have therefore an interest as biological control agents. A good understanding of the complex interaction of mycoviruses and the fungal antiviral defense molecular mechanisms can contribute to the design of successful mycovirus-based control strategies. Dicer-like proteins and Argonautes are known to mediate responses to viral infection in fungi. There is no evidence, however, of the contribution of fungal RNA-dependent RNA polymerases (RdRps) to antiviral defense. In this work, we have studied the role of RdRp1 from *V. dahliae*. For that, we deleted the RdRp1 gene *rdr1* in a virus-free *V. dahliae* strain. Then, two mycoviruses were transferred from naturally infected *V. Dahlia* isolates to *Δrdr1* by hyphal anastomosis. We observed that neither mycovirus infection in the wild type nor deletion of *rdr1* in the uninfected strain resulted in any phenotypic alteration. By contrast, mycovirus infection in *Δrdr1* induced changes in colony morphology, reduced sporulation rates, an inability to penetrate cellophane paper, and a significant reduction in virulence. An *in vivo* analysis of the colonization of the plant, using confocal microscopy, showed delayed conidium germination on root surfaces in the mycovirus-infected *Δrdr1* strain. Our results indicate that the absence of *rdr1* greatly impacts the mycovirus-*V. dahliae* interaction and that RdRp1, therefore, plays a relevant role in *V. dahliae* during mycovirus infection. This is the first report of the involvement of an RdRp in antiviral defense responses in fungi.

Sesión Simultánea III: Interacción Planta-Patógeno Oral 64

Papel del HPR como molécula señal en las interacciones multitróficas.

S. Tienda*[1], C. Vida[2], E. Arrebola, A. de Vicente y F.M. Cazorla

Instituto de Horticultura Subtropical y Mediterránea "La Mayora"[1], Consejo Superior de Investigaciones Científicas (IHSM-UMA-CSIC)[2], Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias, Universidad de Málaga. Campus de Teatinos s/n, 29071 Málaga, España.

Pseudomonas chlororaphis PCL1606 es una rizobacteria aislada de arboles sanos de aguacate localizados en fincas afectadas de podredumbre blanca radicular, enfermedad causada por *Rosellinia necatrix*. PCL1606 muestra capacidad antagonista y de biocontrol frente a diferentes hongos fitopatógenos de suelo, mediada por la producción de un compuesto antifúngico denominado 2 hexil, 5 propil resorcinol (HPR), el cual resulta crucial para la actividad antagonista y de biocontrol característica de esta cepa. Además se ha comprobado que el HPR también influye en los procesos de colonización de PCL1606 en la raíz de aguacate.

Estudios recientes han demostrado que los resorcinoles, a los que pertenece el HPR, pueden actuar como molécula señal uniéndose a receptores LuxR y regulando distintos aspectos de la virulencia del patógeno.

Con estos antecedentes y teniendo en cuenta que el compuesto HPR, participa activamente en procesos claves de la biología de PCL1606, se analizarán los fenotipos dependientes de la producción de HPR durante el proceso de interacción multitrófica, que se produce durante el control biológico. Para abordar este objetivo, se llevará a cabo un análisis tanscriptómico que determinará el nivel de expresión/represión de los genes cuando se compara un mutante defectivo en la producción de HPR (debido a la interrupción por inserción plasmídica del gen *darB*) frente a la cepa silvestre, durante el control biológico de la podredumbre blanca radicular.

*Este trabajo está siendo financiado por el Plan Nacional de I+D+I del Ministerio de Economía (AGL2014-52518-C2-1-R; MINECO, España) y cofinanciado con fondos FEDER (EU). S. Tienda está siendo financiada con una ayuda del programa FPI del MINECO.

Sesión Simultánea III: Interacción Planta-Patógeno Oral 65

La deleción parcial del cromosoma pequeño determina la pérdida de patogenicidad en *Fusarium oxysporum*

Virginia Casado del Castillo*[1], Riccardo Baroncelli[2], Michael R. Thon[1], Ernesto P. Benito[1], José M. Díaz-Mínguez[1]

[1]*Instituto Hispano-Luso de Investigaciones Agrarias (CIALE), Departamento de Microbiología y Genética, Universidad de Salamanca, Villamayor de la Armuña, Salamanca, España;* [2]*Laboratoire Universitaire de Biodiversité et Écologie Microbienne, ESIAB, Université de Brest, Plouzané, Finistère, Francia*

El cromosoma 14, el más pequeño, de la estirpe 4287 de *F. oxysporum f. sp. lycopersici* (cuyo genoma es el de referencia de *F. oxysporum*) se considera un "cromosoma de patogenicidad" por contener numerosos *loci* que codifican factores de virulencia/patogenicidad, y por conferir patogenicidad a una estirpe no patógena tras ser transferido a la misma desde una estirpe patógena. Recientemente se ha demostrado que la pérdida de este cromosoma conlleva una pérdida de patogenicidad, aunque las deleciones parciales que afectan al supercontig 22 (uno de los cuatro que forman el cromosoma) no causan reducción en la virulencia. Este cromosoma es probablemente el equivalente al cromosoma pequeño de *F. oxsyporum* f.sp. *phaseoli* (FOP).

La familia génica *FTF* está formada por dos factores de transcripción implicados en la virulencia/patogenicidad de *F. oxysporum*: *FTF1*, gen multicopia con todos sus parálogos localizados en el cromosoma pequeño de FOP, y *FTF2*, gen monocopia localizado en el genoma central. En este trabajo describimos el aislamiento y la caracterización de un conjunto de estirpes que portan una deleción parcial del cromosoma pequeño (FOP-SP1sChr-pΔ) en la estirpe muy virulenta FOP-SP1. Las estirpes FOP-SP1sChr-pΔ muestran una pérdida completa de patogenicidad sobre plantas de judía común, lo que sugiere que el fragmento delecionado contiene un conjunto relevante de genes necesarios para la patogenicidad, incluyendo todos los parálogos *FTF1*. Aunque las plantas inoculadas con estas estirpes no presentan síntomas de fusariosis, el análisis mediante microscopía láser confocal indica que estas estirpes son capaces de colonizar el hospedador mostrando un comportamiento similar al descrito previamente en estirpes endófitas de este hongo.

Sesión Simultánea III: Interacción Planta-Patógeno Oral 66

Evaluación de la inducción de genes de defensa, mediante `priming con estrés hídrico en portainjertos de aguacate.

Moreno-Ortega G.,Zumaquero A., Martínez-Ferri E., Pliego C.

IFAPA. Centro de Churriana. Cortijo de la Cruz s/n, 29140 Churriana, Málaga, Spain.

Estudios previos han demostrado que la exposición de las plantas a un factor inductor de estrés les permite volverse más tolerantes frente a futuros eventos de estrés, mecanismo conocido como '*priming*'. En este trabajo, se ha llevado a cabo un tratamiento de priming en portainjertos de aguacate, mediante la exposición a diferentes niveles de estrés hídrico, para aumentar la tolerancia a la podredumbre blanca radicular (PBR) causada por *Rosellinia necatrix*; principal enfermedad que afecta a este cultivo en el litoral andaluz. Las plantas se sometieron a dos niveles de estrés hídrico; moderado y severo (25% y 50% de la capacidad de campo, respectivamente) y a continuación se recuperaron hasta alcanzar su estatus hídrico inicial. Se cuantificó la expresión relativa en raíces y hojas de 20 genes relacionados con la defensa del aguacate a los hongos patógenos *P. cinammoni* y *R.necatrix*. La cuantificación se llevó a cabo, mediante qRT-PCR, tanto en las fases de estrés como en la de recuperación de las plantas. Las plantas recuperadas tras la inducción de un estrés moderado fueron las que mostraron mayor expresión de genes relacionados con defensa, tales como Thaumatin, PR4, NPRI, metallothionin y profilin-like protein.

Para evaluar el efecto del priming en el desarrollo de la PBR, las plantas recuperadas tras la inducción de ambos niveles de estrés se inocularon con *R. necatrix*. En el grupo sometido a estrés moderado se observó un retraso en la evolución de la enfermedad con respecto al control; por el contrario, el desarrollo de la enfermedad fue más acusado en las plantas sometidas a estrés severo. Estos resultados indican que sería recomendable el uso de 'priming' mediante estrés hídrico moderado, como herramienta para disminuir la incidencia de la enfermedad en las explotaciones afectadas por *R. necatrix.*

Proyectos AVA2016.01.14 y RTA2017-00040-00-00. Dr. C. Pliego disfruta de un contrato Doctores INIA-CCAA 2017. Guillermo Moreno Ortega disfruta de un contrato MINECO.

Resúmenes de Pósteres
por Área Temática

Área Temática: Gestión de Enfermedades Póster 001

Virome NGS analysis of pests and pathogens for plant protection

María A. Ayllón[1*], Cristina Marzachì[2] and Massimo Turina[2]

[1] Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas, Universidad Politécnica de Madrid (UPM)-Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria (INIA); Departamento de Biotecnología-Biología Vegetal, Escuela Técnica Superior de Ingeniería Agronómica, Alimentaria y de Biosistemas, Madrid, Spain; [2] Institute for Sustainable Plant Protection, Torino, Italy.

Viruses are important pathogens that cause numerous diseases in different hosts, such as bacteria, fungi, and insects, which are also significant plant pathogens. The H2020 VIROPLANT project (call SFS17) has the aim of applying NGS technology with empirical biological experiments to develop new environmentally-friendly virus-based control strategies to manage bacterial, fungal and insect vector-transmitted diseases (phytoplasmas and viruses) as well as insect pests. Plant protection through viruses has relied on limited successful model systems, such as baculoviruses for insect pests, and mycoviruses for fungal diseases; moreover, viruses infecting bacteria (phages) are also state of the art tools with potential to cope with antibiotic resistant bacterial strains in human and veterinary medicine. VIROPLANT will create a database of new viruses to increase the arsenal for the biocontrol of plant diseases caused by the most important biotic stresses. Protocols of risk assessment will be implemented for virome-based model control strategies. The project will address the social perception of the use of virome-based techniques as alternatives to traditional pesticides. A business plan for representative categories of virome-based control strategies will be included. Small and Medium Enterprises (SME) and Stakeholders will be involved in bringing the most promising products to the market. Interdisciplinary approaches involving sociological and communication expertise will specifically address the issue of how to convey to the general public the complex beneficial aspects that viruses can bring to plant biotic stress control, overcoming possible societal reluctance towards the use of virus-related new technologies. The Consortium involves 11 research organizations with complementary expertise from eight EU Countries, four SMEs and two stakeholders. Acknowledgments: This project has received funding from the European Union's Horizon 2020 research and innovation programme under grant agreement No 773567.

Área Temática: Gestión de Enfermedades Póster 002

Efecto del agente de biocontrol Pf909 sobre las poblaciones patógenas y no patógenas de la microbiota epifita de huertos comerciales de fruta de hueso

Belén Guijarro, Inmaculada Larena, Raquel Castillo, Paloma Melgarejo, Antonieta De Cal*

Departamento de Protección Vegetal. Instituto Nacional de Investigación Agraria y Alimentaria (INIA), Carretera de La Coruña Km 7,5, 28040, Madrid.

La comercialización de biofungicidas requiere conocer su efecto sobre las dinámicas de población de los patógenos y microorganismos no-diana. Se ha estudiado el efecto del agente de biocontrol, *Penicillum frequentans* (Pf909), sobre las poblaciones del patógeno *Monilinia* spp y la microbiota epifita de huertos comerciales de diferentes frutales de hueso en cuatro países europeos durante cuatro campañas consecutivas. El efecto de la evolución de estas poblaciones se analiza sobre la microbiota que convive con ellas en la superficie del fruto como cambios en su diversidad genética (mediante electroforesis en gradiente desnaturalizante) y densidad (cuantificación de la actividad enzimática) poblacional. La incidencia de enfermedad se evaluó 15 días antes de cosecha (% de infecciones latentes) y en cosecha (% de frutos infectados).

El análisis multivariable de la diversidad genética de bacterias y hongos así como su evolución muestran diferencias significativas entre tratamientos fungicidas y biológicos, momentos de aplicación y campos. La diversidad microbiana y el patrón de la microbiota dominante se mantienen constantes para una misma densidad de población de Pf909 estimada en fruto. Estas poblaciones de Pf909 son adecuadas para un control efectivo de la podredumbre parda para las poblaciones de *Monilinia* spp presentes en fruto.

Investigación financiada por 612713 BIOCOMES fondos FEDER.

Área Temática: Gestión de Enfermedades Póster 003

Efecto del uso de tricomas glandulares en tomate para el control de *Bemisia tabaci* en la dispersión del crinivirus *Tomato chlorosis virus*

Isabel M. Fortes[1]*, Rafael Fernández-Muñoz[2], Enrique Moriones[1]*

[1]Depto. Protección Vegetal. [2]Depto. Mejora Genética y Biotecnología, Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea "La Mayora", IHSM-UMA-CSIC, Avda. Dr. Wienberg s/n, 29750 Algarrobo-Costa, Málaga (España)

Hemos demostrado que la presencia en líneas de tomate (*Solanum lycopersicum*) de tricomas glandulares tipo IV productores de acilsacarosas introgresados desde el silvestre *S. pimpinellifolium* resulta beneficiosa para el control de las poblaciones de *Bemisia tabaci* por efectos tanto de antixenosis como de antibiosis. Además, la menor preferencia de esta mosca blanca hacia tomates con tricomas tipo IV y la alteración del patrón de alimentación en los mismos se ha revelado efectiva para reducir la dispersión tanto primaria como secundaria del begomovirus (*Begomovirus, Geminiviridae*) *Tomato yellow leaf curl virus* (TYLCV) asociado a la enfermedad del rizado amarillo del tomate (TYLCD). Gracias a ello, se han podido demostrar importantes reducciones de la incidencia de TYLCD en tomates portadores de estos tricomas. La transmisión de TYLCV es de tipo persistente, circulativa. Sin embargo, se plantea la duda de si el empleo de dicha estrategia de control podría alterar el patrón de dispersión de virus transmitidos por *B. tabaci* de forma semipersistente, que requiere menores tiempos para la adquisición e inoculación del virus. En este trabajo se presentan los estudios realizados con el crinivirus (*Crinivirus, Closteroviridae*) *Tomato chlorosis virus* (ToCV), transmitido por *B. tabaci* de forma semipersistente, no circulativa y cuya emergencia en tomate está ocasionando graves pérdidas en numerosos países del mundo. Se mostrarán resultados que indican que la presencia de dichos tricomas no resulta efectiva para el control de la dispersión primaria de ToCV, al contrario de lo observado con TYLCV, pero tampoco inducen un incremento de la misma. Se discutirán los resultados obtenidos en el caso de la dispersión secundaria.

Área Temática: Gestión de Enfermedades Póster 004

Eficacia nematicida de la Milbemectina sobre *Meloidogyne*

Soledad Verdejo-Lucas,*, Miguel Talavera

Instituto de Investigación y Formación Agraria y Pesquera (IFAPA)

Se evaluó la eficacia nematicida de la Milbemectina sobre *Meloidogyne javanica* en ensayos *in vitro* e *in planta* para determinar su efecto sobre i) la eclosión de los huevos del nematodo, ii) la movilidad de los juveniles y iii) la capacidad infectiva del nematodo en tomate. Se prepararon diluciones seriadas de Milbeknock ® (0,93% de Milbemectina, p/v), proporcionado por Belchim Crop Protection España, conteniendo 27,90, 13,95, 6,98, 2,79, 0,79 y 0 ppm de Milbemectina. Cada tratamiento se repitió cinco veces y los ensayos se repitieron una vez. La exposición de las masas de huevos a la Milbemectina durante 72 h redujo la eclosión de los huevos en un 19% a la máxima concentración de 27,90 ppm. El incremento del tiempo de exposición a 240 h redujo la eclosión de los huevos a todas las concentraciones ensayadas, observándose el mayor efecto a 27,90 ppm (38% juveniles eclosionados) respecto al control no tratado (79% juveniles eclosionados). El efecto inhibidor de la Milbemectina sobre la movilidad de los juveniles osciló entre 41% y 87%, y este efecto era persistente ya que el porcentaje de recuperación de la movilidad en agua fue inferior al 2%. El modelo probabilístico de dosis-respuesta indicó que la dosis letal de Milbemectina para la movilidad de los juveniles DL50 era 4,5 ppm y la DL95 era 30,7 ppm. La aplicación de la Milbemectina a suelos infestados con el nematodo redujo su capacidad infectiva entre un 97% y 99% respecto a las plantas no tratadas. La Milbemectina muestra un alto nivel de eficacia frente *M. javanica* ya que reduce la eclosión de los huevos, inmoviliza persistentemente a los juveniles del nematodo y reduce la infección en tomate. La actividad nematicida de la Milbemectina debe verificarse en infestaciones naturales en condiciones de campo.

Área Temática: Gestión de Enfermedades Póster 005

La raíz de *Musa acuminata* (cv. Pequeña Enana): un importante reservorio de endófitos con potencial como agentes de control biológico frente el Mal de Panamá

Carmen Gómez-Lama Cabanás[1*], Antonio Valverde-Corredor[1], Javier López Cepero[2], Jesús Mercado- Blanco[1].

[1]*Instituto Agricultura Sostenible (IAS-CSIC), Córdoba.* [2]*Departamento Técnico de Coplaca, Sta. Cruz de Tenerife.*

Fusarium oxysporum f. sp. *cubense* (*Foc*), causante de la Fusariosis de la platanera (Mal de Panamá; MP), constituye uno de los principales problemas bióticos de un cultivo con una amplia distribución en regiones (sub)tropicales. Los tratamientos químicos no son una opción sostenible para su control, y muchos de ellos se han retirado del mercado o son de uso restringido. Actualmente se plantean alternativas más respetuosas con el medio ambiente, como el uso de microorganismos beneficiosos con capacidad antagonista frente al patógeno. Los endófitos beneficiosos, al ser capaces de colonizar y persistir en el mismo nicho ocupado por *Foc*, presentan gran potencial como agentes de biocontrol (ACBs) contra el MP. El objetivo de este estudio fue aislar, identificar y caracterizar una colección de bacterias y hongos endófitos naturales de raíces de platanera que pudieran usarse como ACBs dentro de una estrategia de control integrado del MP. Se muestrearon raíces de diferentes plantas en 5 fincas representativas del cultivo en la isla de Tenerife, generándose a partir de macerados de raíces una colección de bacterias (696) y hongos (162). Ensayos de antagonismo *in vitro* frente a la raza 4 subtropical de *Foc* (cepa *Foc* CAV-095) indicaron que unos 200 aislados inhibían el crecimiento del patógeno, demostrándose que las raíces de platanera son una importante fuente de potenciales ACBs frente a *Foc*. La evaluación de la efectividad frente al MP (condiciones controladas y de campo) de aislados representativos de los géneros bacterianos y fúngicos de la colección constituyen nuestros próximos retos. Financiado por el proyecto MUSA (Topic H2020-SFS-2016-2017; H2020-SFS-2016-2), del programa de la UE “Horizon 2020 Research and Innovation” (No. 727624).

Área Temática: Gestión de Enfermedades Póster 006

Síntesis verde *in vitro* de nanopartículas de plata por hongos del género *Trichoderma sp* y su uso como fungicida frente al hongo fitopatógeno de la vid *Neofusicoccum parvum*.

Sergio Astudillo-Calderón[1], Beatriz Pintos López[1], Marisa Tello Mariscal[2], Luisa Martín Calvarro[1], Elena Pérez-Urria Carril[1], Arancha Gómez-Garay[1*]

[1]Facultad de CC Biológicas. UCM. Madrid; [2]INIA. Madrid

Los hongos fitopatógenos provocan anualmente graves pérdidas económicas y los métodos tradicionales de control de dichos hongos, basados en agroquímicos resultan altamente contaminantes y perjudiciales. Por ello, en los últimos años se han desarrollado alternativas entre las que se encuentra la síntesis verde de nanomateriales como nanopartículas de plata (AgNPs) por acción de organismos biológicos. Entre los organismos que se han utilizado para este fin, se encuentran los hongos del género *Trichoderma*. En el presente estudio, se ha comprobado *in vitro* la eficacia de diferentes cepas de especies del género *Trichoderma* (T. *viride, T. harzianum, T. asperellum* y *T. virens*) para biosintetizar AgNPs, así como la capacidad de éstas como agente de control del hongo fitopatógeno *Neofusicoccum parvum*, causante de enfermedades en madera de vid (*Vitis vinifera*). Se ha comprobado que cepas pertenecientes a la especie *T. harzianum*, son aquellas que exhiben un rendimiento mayor a la hora de sintetizar AgNPs, así como *N. parvum* muestra cierta tolerancia a los diferentes tratamientos con dichas nanopartículas.

Área Temática: Gestión de Enfermedades Póster 007

Control biológico *in vitro* de *Diplodia seriata*

Marina García Companys[1], Sergio Astudillo-Caldeón[1], Beatriz Pintos López[1] Marisa Tello Mariscal[2], Luisa Martín Calvarro[1], Arancha Gómez-Garay[1]

[1]Facultad de CC. Biológicas. UCM; [2]INIA. Madrid

Las enfermedades de las plantas, entre ellas, las producidas por hongos fitopatógenos, resultan dañinas para los productos vegetales de los que nos alimentamos y, en definitiva, para la salud humana. Los métodos tradicionales de control de los hongos fitopatógenos basados en agroquímicos resultan altamente contaminantes y perjudiciales para nuestra salud. Por ello, en los últimos años se han desarrollado alternativas entre las que se encuentra el control biológico mediante organismos antagonistas. El presente estudio se centra en el uso de hongos endófitos para controlar las enfermedades producidas por hongos fitopatógenos de madera de vid (*Vitis vinifera*), uno de los cultivos con más importancia económica a nivel global. En concreto, se ha escogido el hongo *Penicillium chrysogenum*, debido a que es un endófito de la vid y a su conocida capacidad antimicrobiana, para estudiar su potencial antagónico frente al hongo fitopatógeno de madera de vid *Diplodia seriata*.

Área Temática: Gestión de Enfermedades Póster 008

Fitoquímicos de interés en sanidad vegetal, producidos por embriones somáticos de *Quercus suber*

David González-Campo, Sergio Astudillo-Caldeón, Beatriz Pintos López, Luisa Martín Calvarro, Elena Pérez-Urria Carril, Arancha Gómez-Garay*

Facultad de CC. Biológicas. UCM

Los fitoquímicos son metabolitos secundarios sintetizados de forma natural por las plantas. Tienen propiedades bioactivas que evitan la aparición de enfermedades en los vegetales. Varios estudios han demostrado que el uso de extractos vegetales con elevada cantidad de fitoquímicos retrasa la aparición de cepas resistentes de fitopatógenos, con alta eficacia y baja toxicidad para el humano, plantas y ambiente. El objetivo de este estudio es analizar la capacidad antioxidante y los compuestos fitoquímicos en los embriones somáticos de *Quercus suber* que han sido producidos *in vitro* por un proceso de embriogénesis somática directa. Para ello, se recogieron bellotas inmaduras de alcornoque de las que se extrajo el embrión cigótico inmaduro, en el cual se indujo la embriogénesis somática directa. El proceso es rápido y muy eficaz generando una gran cantidad de embriones somáticos. Para analizar la presencia de fitoquímicos, se prepararon extractos acuosos y mediante test fitoquímicos se reveló la presencia de terpenoides, flavonoides, taninos, emodinas, antraquinonas y antocianinas. La presencia de compuestos antioxidantes induce actividades antibacterianas y antifúngicas. Los extractos de embriones somáticos de alcornoque se han ensayado en el control in vitro de diferentes fitopatógenos.

Área Temática: Gestión de Enfermedades Póster 009

Inyección de desinfectantes químicos en el agua de riego para combatir la Verticilosis del olivo

Francisco Jesús Gómez-Gálvez, Juan Carlos Hidalgo-Moya, Javier Jesús Hidalgo-Moya, Victorino Vega-Macías, Dolores Rodríguez-Jurado*

Instituto de Investigación y Formación Agraria y Pesquera (IFAPA) Centro "Alameda del Obispo", Avd. Menéndez Pidal, s/n. 4080, Córdoba.

El tratamiento químico del suelo a través del riego podría ser una práctica recomendada dentro del manejo integrado de la Verticilosis del olivo. OX-VIRIN® (OV) y OX AGUA AL25® (OA) son dos desinfectantes peroxigenados eficaces frente a *Verticillium dahliae* en el agua de riego. Ambos productos han mostrado también potencial en reducir al hongo en el suelo, ocasionando una reducción parcial de la enfermedad en condiciones controladas y sin mostrar indicios de fitotoxicidad. En este trabajo se evaluaron varias estrategias de aplicación de OV (mensual, quincenal alterna y quincenal consecutiva) y OA (mensual y quincenal alterna) sobre la densidad de inóculo de *V. dahliae* en el suelo (DI), el desarrollo de la enfermedad y el crecimiento del olivo en ambiente natural durante 2 años. Los productos fueron inyectados (o no, control) a un sistema de riego por goteo que regó olivos 'Picual' dispuestos en suelo infestado (o no, control) por el patotipo defoliante del hongo. Al final del experimento, se observó una DI significativamente menor (> 70 %) en suelos sujetos a OV en aplicación quincenal alterna, o sujetos a cualquier aplicación de OA, que en suelos del control. La incidencia de Verticilosis fue del 100% solo cuando se regó con agua no tratada. La aplicación quincenal alterna de OA redujo significativamente (47.6%) el desarrollo de enfermedad respecto al control. La mayoría de los tratamientos promovieron un incremento significativo de la recuperación de los síntomas. El riego con agua tratada no afectó al crecimiento del olivo en suelo no infestado, y la ausencia de fitotoxicidad fue corroborada.

Financiado por el proyecto del IFAPA PP.TRA.TRA201300.5 parcialmente financiado por FEDER 2007-2013. F.J. Gómez Gálvez agradece a FPI-INIA su formación.

Área Temática: Gestión de Enfermedades Póster 010

Exploring new derivatives of pyridine as potential fungicides against *Botrytis cinerea* and *Phytophthora capsici*

Raquel Núñez[1], Breogán Villar[1], Néstor Carrillo-Barral[1], Marta Lois[1], Ismael Marcos[2], Alberto Fernández[2], Jesús José Fernández[2], José Díaz[1*]

[1]Grupo de Investigación de Fisioloxía e Aplicacións das Plantas (FISAPLANT), Departamento de Bioloxía, Facultade de Ciencias, Universidade da Coruña, Campus de A Zapateira, 15071 A Coruña, Spain; [2]Grupo de Investigación de Química Molecular y de Materiales (QUIMOLMAT), Departamento de Química, Facultade de Ciencias, Universidade da Coruña, Campus de A Zapateira, 15071 A Coruña, Spain.

Botrytis cinerea (a true fungi) and *Phytophthora capsici* (a fungal-like organism: an oomycete) are pathogens that cause diseases in different crops. One of the management practices to fight against them is the application of fungicides, but usually resistant strains arise in the field after some time. In the present study, we have assayed several hydrazone derivatives of pyridine, some of them holding a metal. The first step in the assays was carried out by growing the pathogens in Potato Dextrose Agar amended with the compounds at a relatively high concentration. The second step was to calculate the ED50 for the most active compounds. Two of the compounds (L1 and L2) show strong activity against *Botrytis cinerea*, but less (L1) or no (L2) activity against *Phytophthora capsici*, suggesting strong specificity in the case of L2. ED50 for both compounds was in the micromolar range when assayed against *Botrytis cinerea*. Some additional metabolic assays were done to explore their possible mode of action. Finally, a last step was to test the ability of the compounds protect bean (*Phaseolus vulgaris*) against the pathogens, both locally and systemically. The severity of the diseases was measured as the diameter of lesions. Our results suggest a possible practical application of these derivatives in the management of plant diseases, which could be useful in agriculture.

Área Temática: Gestión de Enfermedades Póster 011

Evaluación de extractos vegetales con actividad frente a *Meloidogyne sp.*

Cristina García-Cano, Juan Carlos Vera-Urbina, Andrés Pedro Sempere-Hernández

Grupo Iñesta, Ctra. de Novelda – La Romana Km2, Novelda, 03660, España.

En este estudio se determinó la efectividad 6 extractos vegetales, ES, EC, EQ, EB, EK1 y EK2, frente a nematodos del género *Meloidogyne,* evaluando la movilidad y la inhibición de la eclosión de huevos en condiciones *in vitro* y la incidencia del agallado en plantas de tomate.

En ensayos *in vitro*, nematodos J2 se expusieron a diferentes concentraciones de los extractos durante 10 días y huevos sin eclosionar durante 6 días de incubación. Nematodos y huevos sin eclosionar sin tratamiento fueron utilizados como control negativo. El extracto EC a los 6 días de incubación redujo la movilidad hasta un 77% con una posterior recuperación de la movilidad similar al control a los10 días. El extracto EQ inhibió la eclosión de huevos a los 4 días entre un 70-80% en las tres concentraciones evaluadas (0.25, 0.5 y 2%) frente al control (38%).

Plantas de tomate Raf fueron infectadas con nematodos J2 y huevos. 12 días después de la inoculación (ddi) se realizó la aplicación de los extractos (3 concentraciones por extracto) vía riego frente a un control sin nematodos (CS) y otro con nematodos (CN). La evaluación de la incidencia del agallado se realizó a los 34 ddi, Todos los extractos redujeron la incidencia de agallado en diferente grado frente al control, destacando el EQ, EC y EK1 coincidiendo con un aumento de la permeabilidad radicular y favoreciendo el desarrollo vegetativo aéreo.

Por tanto, estos extractos podrían ser incluidos en formulaciones de productos y ser utilizados como una alternativa para el control de nematodos frente al uso continuado de nematicidas sin liberar residuos perjudiciales al medio ambiente.

Área Temática: Gestión de Enfermedades Póster 012

Evaluación de extractos de fermentación obtenidos a partir de residuos agroalimentarios frente *Fusarium oxysporum* y *Pseudomonas* sp.

Juan Carlos Vera-Urbina*, Cristina García-Cano, Andrés Pedro Sempere-Hernández

Grupo Iñesta, Ctra. de Novelda – La Romana Km2, Novelda, 03660, España

Los residuos agroalimentarios son una problemática de gestión ambiental para muchas empresas. A pesar de eso, también son una fuente de nutrientes debido a su alto contenido en nitrógeno y carbono que pueden ser utilizados como materia prima en procesos de fermentación. De estos procesos se puede obtener biomasa microbiana, y compuestos con posibles propiedades bactericidas, fungicidas, bioestimulantes entre otras.

En este trabajo se evaluaron 73 extractos procedentes de fermentaciones fúngicas, se utilizó la técnica de antibiograma frente a dos fitopatógenos de plantas *Fusarium oxysporum* y *Pseudomonas sp* para evaluar el efecto fungicida y bactericida; las concentraciones utilizadas de los extractos con esta técnica fueron 1%, 25%, 50% y 100%, realizándose 3 réplicas de cada extracto; un fungicida y bactericida comercial fueron utilizados como control positivo y agua destilada como control negativo; se evaluó el halo de inhibición producido durante un tiempo de incubación de 24 y 48 h a 27ºC.

Sólo 4 extractos de 73 presentan actividad bactericida frente a *Pseudomonas* sp cuando son aplicados al 50% o 100% y 11 de ellos presentan actividad fungicida frente a *F. oxysporum* cuando son aplicados al 100% y 2 de ellos destacan cuando son aplicados al 50%.

Los resultados obtenidos en este trabajo nos han permitido realizar un cribado de los procesos de fermentación, el microorganismo, el residuo agroalimentario y la concentración utilizada del mismo que nos permitirá optimizar el rendimiento de los compuestos bioactivos y los parámetros del proceso. Por otro lado, se valoriza un residuo como materia prima, contribuyendo a resolver de esta forma una parte de la problemática ambiental.

Área Temática: Gestión de Enfermedades Póster 013

Efecto de la desinfestación química del suelo de bajo riesgo sobre *Sinapis alba* como biofumigante

Dolores Rodríguez-Jurado*, Francisco Jesús Gómez-Gálvez, Antonio Santos-Rufo, Juan Carlos Hidalgo-Moya, Victorino Vega-Macías, Javier Jesús Hidalgo-Moya

Instituto de Investigación y Formación Agraria y Pesquera (IFAPA) Centro "Alameda del Obispo", Avd. Menéndez Pidal, s/n. 4080, Córdoba

La aplicación de desinfectantes de bajo riesgo al suelo y la biofumigación con *Sinapis alba* (*Sa*) son respectivamente eficaces contra *Verticilllium dahliae* (*Vd*) al pie y en la calle de los olivos. Conocer si los desinfectantes causan perjuicio a la cubierta vegetal de *Sa* es de interés para integrar ambas medidas. Se planteó determinar el efecto de la desinfestación química del suelo sobre el crecimiento de *Sa* y valorar si la desinfestación modifica la eficacia supresiva de *Sa* contra *Vd*. Suelo infestado y no infestado con *Vd* tratado con OX-VIRIN® (3 estrategias de aplicación) y con OX-AGUA AL25® (OA; 2 estrategias de aplicación) en marzo-septiembre de 2 años, fue utilizado como sustrato de crecimiento de *Sa* (12 macetas por tratamiento) en dos siguientes periodos noviembre (siembra)- marzo. Las plantas se regaron por goteo superficial. *Sa* se aplicó troceada en fresco al suelo de 4 y 8 macetas por tratamiento en marzo del primer y segundo año (suelo de 4 macetas enmendado por segunda vez), respectivamente. El crecimiento de las plantas se estimó en el resto de las macetas y la densidad de inóculo (DI) de *Vd* se monitoreó en el suelo enmendado cada año. Ningún tratamiento químico causó perjuicio significativo al crecimiento de *Sa* o a su potencial biofumigante. La aplicación quincenal alterna de OA incrementó significativamente la emergencia (13%) y el peso fresco (76%) y seco (77%) promedio de *Sa* al final del primer año y similar tendencia se encontró en el segundo año. Los pesos de las plantas en suelo infestado disminuyeron alrededor del 50% el segundo año. La DI fue similarmente reducida (>94%) por la enmienda con *Sa* para la mayor parte de los tratamientos químicos ambos años.

Financiado por el proyecto PP.TRA.TRA201600.2 del IFAPA y fondos FEDER 2014-2020.

Área Temática: Gestión de Enfermedades Póster 014

Efecto de la desinfección anaeróbica del suelo y del empleo de agentes de control biológico en el cultivo del espárrago en la zona centro de España.

Juan Manuel Arroyo, José Soler, Laura Gálvez y Daniel Palmero*.

Departamento de Producción Agraria, Universidad Politécnica de Madrid, Avda. Puerta de Hierro 4, 28040, Madrid, España.

El síndrome del decaimiento del espárrago es el principal problema fitosanitario del cultivo del espárrago. Este trabajo pretende evaluar el empleo de diferentes formulados con *Trichoderma* y de enmiendas orgánicas combinadas con solarización del suelo (biosolarización) en condiciones de anoxia para evitar el problema de la replantación. Para ello se ha implementado un diseño de bloques al azar con 24 parcelas de 48 m^2 (4 repeticiones). Los tratamientos fueron i) desinfección del suelo con Dazomet®, ii) biosolarización con pellets de gallinaza, iii) biosolarización con pellets de *Brassica*,
iv) aplicación en semillero y campo de Tusal® (*T. asperellum* y *T. atroviride*) y v) aplicación en semillero y campo de Tribon® (*T. saturnisporum*). Los efectos de los tratamientos se han evaluado midiendo la densidad del inóculo de las diferentes especies de *Fusarium* junto con parámetros relacionados con el crecimiento de la planta, como la intercepción de la radiación PAR o la producción de biomasa total. Las colonias de *Fusarium* fueron mayores en el tratamiento control que en los tres tratamientos de desinfección del suelo evaluados, siendo altamente significativa la reducción de propágulos de *Fusarium* del suelo tratado con Dazomet. Aunque en menor medida, la biosolarización con pellets de brassica y gallinaza ha demostrado reducir la infección por *Fusarium* y aumentar el peso seco y la intercepción de radiación de las plantas de espárrago durante el primer año de cultivo. Los tratamientos con *Trichoderma* redujeron las poblaciones de FOA y la incidencia de la infección por *Fusarium*, pero no promovieron el crecimiento de las plantas.

Trabajo financiado por el "Programa Operativo de Crecimiento Inteligente" INIA y FEDER 2014-2020. RTA2015-00008-C02-02.

Área Temática: Gestión de Enfermedades Póster 015

Efecto de la biofumigación con pellets de *Brassica carinata* en la progresión de la enfermedad causada por *Phytophthora cinnamomi* en *Lupinus luteus*

Mª Carmen Rodríguez-Molina[1]*, Paula Serrano-Pérez[1], R. Santiago[2], Enrique Cardillo[1], Belén Godoy[1], Ana de Santiago[1]

[1]*Centro de Investigaciones Científicas y Tecnológicas de Extremadura (CICYTEX). Autovía A5, km 372. 06187 Guadajira, Badajoz;* [2]*Servicio de Sanidad Vegetal de la Junta de Extremadura. Carretera san Vicente s/n. 06071 Badajoz*

La enfermedad que causa *P. cinnamomi* en encinas y alcornoques, conocida como Seca, es actualmente el principal problema fitosanitario de las dehesas. El altramuz amarillo o tremosilla (*Lupinus luteus*) es un cultivo habitual en las dehesas y es muy susceptible a este patógeno, por lo que es un hospedador adecuado para ensayar métodos de control. La biofumigación con pellets de *B. carinata* (BioFence) es una medida potencial de control de enfermedades causadas por *P. cinnamomi*. Para determinar su eficacia se planteó un ensayo con plántulas de *L. luteus* que, tras germinar en cámara húmeda se sembraron en un sustrato previamente inoculado con *P. cinnamomi* y al que se habían incorporado dos dosis de BioFence: (B1): 1,5 g de pellets/l de sustrato y (B2): 3 g/l. La inoculación se realizó mediante la incorporación de una dilución de clamidosporas al sustrato y se incluyeron testigos sin inocular (TN) e inoculados (TP). Se ensayaron dos concentraciones de inóculo: (D1): 75 clamidosporas/l de sustrato y (D2): 150 clamidosporas/l. Con la dosis D1 se prepararon 4 repeticiones con 5 plantas por repetición y con la dosis D2 se prepararon 3 repeticiones con 10 plantas por repetición. Los síntomas y mortalidad se anotaron cada 4-5 días durante los 45 días que duró el ensayo.

Para ambas concentraciones de inóculo, la dosis B1 retrasó la mortalidad respecto a los testigos, pero tras 45 días la mortalidad total fue similar a la de los testigos. La dosis B2 también reatrasó la aparición de síntomas y además, la mortalidad total se redujo significativamente respecto a los testigos con las dos concentraciones de inóculo ensayadas. Como contrapartida, con la dosis más elevada de Biofence (B2) se observaron síntomas de fitotoxicidad en las plantas.

Financiado con el proyecto RTA2014-00063-C04 y fondos FEDER

Área Temática: Gestión de Enfermedades Póster 016

Implementación de la protección de heridas de poda como estrategia de gestión integrada contra las enfermedades de la madera de la vid

Ariadna Marmol[1], Rafael Roda[1], Fco. Javier Castaño[1], Rebeca Cobos[2], Laura Martín [1,3]*

[1]Fundació Parc Tecnològic del Vi (VITEC), Ctra. De Porrera km 1, 43730 Falset, Tarragona (Spain). [2]Instituto de Investigación de la Viña y el Vino (IIVV), Escuela de Ingeniería Agraria, Universidad de León, León, (Spain). [3]Área de Fitopatología. Centro de Investigaciones Científicas y Tecnológicas de Extremadura (CICYTEX). Instituto de Investigaciones Agrarias Finca La Orden-Valdesequera 06187 Guadajira, Badajoz (Spain).

El impacto económico de las enfermedades de la madera de la vid (EMV) en la producción mundial del sector vitivinícola, es cada vez mayor. Las EMV son un conjunto de complejas enfermedades causadas por hongos que infectan la madera y ocasionan la muerte prematura de la vid. No existen materias activas capaces de erradicar los hongos en el interior de la planta. La operación de poda y las heridas realizadas constituyen una de las principales vías de entrada de los patógenos en la vid. En viñedos establecidos, la protección anual de las heridas de poda se perfila como un proceso crítico en la gestión integrada de las EMV. El objetivo del presente trabajo fue implementar una serie de ensayos de protección de los cortes de poda en viñedos comerciales de distintas zonas vitivinícolas. Los productos ensayados fueron formulados comerciales de cepas de *Trichoderma* como agente de biocontrol; y quitosano como antifúngico natural. Tras su aplicación, los niveles de infección natural de los hongos *Diplodia seriata, Phaeomoniella chlamydospora y Phaeoacremonium minimum*, fueron comparadas mediante aislamiento en medio de cultivo y posterior identificación morfológica y molecular. Paralelamente se re-aisló *Trichoderma spp*. En las muestras analizadas, el hongo *D. seriata* fue el aislado con mayor frecuencia. En general, la protección de las heridas de poda minimizó la tasa de las infecciones naturales, con resultados variables dependiendo de la zona de ensayo y el grado de incidencia de EMV.

Área Temática: Gestión de Enfermedades Póster 017

Eficacia de la biofumigación con pellets de *Brassica carinata* combinada con aplicaciones de $CaCO_3$ en el control de la enfermedad causada por *Phytophthora cinnamomi* en alcornoque

Mª Carmen Rodríguez-Molina[1*], Paula Serrano-Pérez[1], Enrique Cardillo[1], Ana de Santiago[1], Belén Godoy[1], R. Santiago[2]

[1]Centro de Investigaciones Científicas y Tecnológicas de Extremadura (CICYTEX). Autovía A5, km 372. 06187 Guadajira, Badajoz; [2]Servicio de Sanidad Vegetal de la Junta de Extremadura. Carretera San Vicente s/n. 06071 Badajoz

La enfermedad que causa *P. cinnamomi* en encinas y alcornoques, conocida como Seca, es actualmente el principal problema fitosanitario de las dehesas. Debido a su complejidad son necesarias estrategias que integren las medidas disponibles para el control. Se ha ensayado el efecto del $CaCO_3$ y de los pellets de *B. carinata* (BioFence) en la severidad de la enfermedad, pero se desconoce el efecto de su aplicación combinada.

Para determinar si existe un efecto sinérgico entre estas enmiendas se realizó un ensayo con plantones de alcornoque de 2 meses y medio que se trasplantaron un sustrato previamente inoculado con *P. cinnamomi* y al que se había aplicado los distintos tratamientos: (B1): 1,5 g/l de sustrato de pellets de *B. carinata* (BioFence); (C1): 1,5 g/l de $CaCO_3$; (C2): 3 g/l de $CaCO_3$; (BC1): B1+C1; (BC2): B1+C2. La inoculación se realizó mediante la incorporación de una dilución de clamidosporas al sustrato y se incluyeron testigos sin inocular (TN) e inoculados (TP). Se emplearon 10 plantas por tratamiento y el ensayo se repitió tres veces. Las plantas se mantuvieron en invernadero y se realizaron encharcamientos semanales. Se determinó el efecto de los tratamientos en las propiedades del suelo. Después de 3 meses no se apreciaron síntomas aéreos, pero la longitud de los tallos del tratamiento BC2 fue significativamente menor que la de TN. La severidad de los daños en las raíces de las plantas de todos los tratamientos inoculados, independientemente de la enmienda aplicada, fue significativamente mayor que en TN y tan solo el tratamiento BC2 redujo significativamente los daños con respecto a los testigos inoculados (TP). Esto sugiere un efecto sinérgico de las enmiendas cuando se aplican a las dosis correspondientes.

Financiado con el proyecto RTA2014-00063-C04 y fondos FEDER.

Área Temática: Gestión de Enfermedades Póster 018

Resistance to SDHI fungicides in *Botrytis cinerea* from strawberry fields in Spain

Dolores Fernández-Ortuño[1*], Alejandro Pérez-García[1], Alejandra Vielba-Fernández[2], Antonio de Vicente[1], Juan Antonio Torés[2]

[1]*Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea "La Mayora"-Universidad de Málaga-Consejo Superior de Investigaciones Científicas (IHSM-UMA-CSIC), Dpto. de Microbiología, Facultad de Ciencias, Bulevar Louis Pasteur s/n, Campus de Teatinos, 29071 Málaga, Spain.* [2]*IHSM-UMA-CSIC, Estación Experimental "La Mayora", 29750 Algarrobo-Costa (Málaga), Spain.*

Gray mold, caused by *Botrytis cinerea* Pers., is one of the most economically important diseases of strawberries and its control involves the application of fungicides throughout the strawberry growing season. Succinate dehydrogenase inhibitors (SDHIs) constitute a novel class of fungicides representing new alternatives for strawberry growers. In the present study, *B. cinerea* isolates were used to determine the effective concentration that reduces mycelial growth by 50% (EC_{50}) and to obtain discriminatory doses to monitor SDHI fungicides over the course of three-year monitoring period. The overall frequencies of resistance to the SDHI fungicides boscalid, fluopyram, fluxapyroxad and penthiopyrad were 56.9, 6.9, 12.9, and 24.6%, respectively. Four SDHI resistance patterns were observed in our population. Patterns I (resistance to boscalid) and II (resistance to boscalid and penthiopyrad) were associated with the amino acid substitutions H272R/Y; pattern III (resistance to boscalid, fluxapyroxad, and penthiopyrad) was associated only with the H272Y mutation; and finally, pattern IV (resistance to boscalid, fluopyram, fluxapyroxad and penthiopyrad) was associated with the N230I allele in the SdhB subunit. For gray mold management, it is suggested that the simultaneous use of boscalid and penthiopyrad should be limited to one application per season. The use of fluxapyroxad and fluopyram could be used as valid SDHI alternatives for our strawberry growers, but they should be applied with caution.

This work has been supported by Fundación General CSIC (Programa ComFuturo).

Área Temática: Gestión de Enfermedades Póster 019

Selección de brinzales de *Quercus suber* y *Q. ilex* tolerantes a *Phytophthora cinnamomi* y al estrés hídrico

Beatriz Cuenca[1], F. Javier Dorado[2], Álvaro Camisón[2], Laura Luquero[3], Luís Ocaña[3] y Alejandro Solla[2*]

[1] TRAGSA, Vivero de Maceda, Carretera de Maceda-Baldrei km 2, 32700-Maceda, Ourense, España.[2] Instituto de Investigación de la Dehesa (INDEHESA), Ingeniería Forestal y del Medio Natural, Universidad de Extremadura, Av. Virgen del Puerto 2, 10600 - Plasencia, Cáceres, España.[3] TRAGSA, Subdirección de Soporte Técnica e Innovación, Calle Maldonado 58, 28006-Madrid.

Existe demanda de alcornoques y encinas tolerantes a las actuales circunstancias de cambio global por parte de propietarios de fincas afectadas por seca. En el marco del proyecto RTA2014-00063-C04- 04, en noviembre de 2015 se recogió bellota de 84 encinas y 15 alcornoques asintomáticos ubicados en focos seca de Extremadura, abarcando la mayor variabilidad edáfica y climática posible. La bellota fue sembrada en alveolos según un diseño en bloques al azar y se realizaron cuatro ensayos: (1) 3000 brinzales se inocularon con *Phytophthora cinnamomi* en junio de 2016 y 2017, y al final de ambos períodos vegetativos las mortalidades registradas para *Q. ilex* fueron 26 y 97%, mayores que las de 15 y 65% observadas en *Q. suber* (P<0,01). En *Q. ilex* y *Q. suber* las heredabilidades estimadas del 'tiempo en morir' fueron 0,57±0,02 y 0,69±0,04 respectivamente. (2) Otros 3000 brinzales inoculados en 2016 fueron sometidos en 2017 a estrés hídrico severo durante un mes y reinoculados. Se registraron mortalidades finales de 97 y 98% para *Q. ilex* y *Q. suber*, respectivamente, por lo que se concluye que ante eventos de estrés hídrico las diferencias de susceptibilidad entre especies desaparecen. (3) Un tercer grupo de plantas fue dejado de regar para determinar la tolerancia de cada progenie al estrés hídrico. No se observó relación entre la resistencia a *P. cinnamomi* y la resistencia al estrés hídrico. (4) Finalmente, en 2018 se instalaron en medio de focos de seca, dos parcelas con 18 brinzales por progenie para constatar en campo los resultados obtenidos en invernadero. En la actualidad se clonan 304 genotipos correspondientes a 11 y 76 progenies de *Q. suber* y *Q. ilex* candidatos a formar parte del material seleccionado para su registro y comercialización.

Área Temática: Gestión de Enfermedades Póster 020

Respuestas al riego del olivo que influyen en la verticilosis

Antonio Santos-Rufo*, Javier Jesús Hidalgo, Juan Carlos Hidalgo, Victorino Vega, Dolores Rodríguez-Jurado

Instituto de Investigación y Formación Agraria y Pesquera (IFAPA) Centro "Alameda del Obispo", Avd. Menéndez Pidal, s/n. 8080, Córdoba

Los cambios morfo-fisiológicos del olivo a diferentes regímenes de riego podrían esclarecer los efectos del riego sobre la verticilosis, en particular los que no pueden ser explicados por la densidad de inóculo del hongo en el suelo. Se estimaron parámetros morfológicos y fisiológicos en plantones de olivo inoculados (+V) y no inoculados (-V) regados para capacidad de campo (rango alto; RA) y 65% de cc (rango bajo; RB) a frecuencia de riego diaria (FD, ~2 días/evento), semanal (FS) y diaria- semanal (FDS), en condiciones naturales durante 3 años. Parámetros morfológicos, de biomasa relativa y eficiencia en el uso del agua (EUA) fueron más altos en RB que en RA y en FD que en otras frecuencias en los plantones +V y -V, aunque el hongo redujo estos parámetros en 17.0-38.5%. Un menor ratio de peso raíz/planta, biomasa y longitud de brotes presentaron los plantones -V regados a RA, lo cual pudo favorecer la acumulación de infecciones de raíz y la cantidad de hongo por longitud de tejido en plantones +V, ya que la infección fue mayor en RA. Además, mayor biomasa y longitud aérea en FD pudo evitar la expresión severa de síntomas que se observó en otras frecuencias. Se encontraron correlaciones negativas entre los parámetros indicados y la enfermedad. La disminución del estrés hídrico y una mayor conductividad estomática (g_S) promovida a FD pudo limitar la enfermedad al mejorar el estado hídrico de los plantones. La enfermedad y la g_S fueron negativamente correlacionadas. El tratamiento RB-FD minimizó la enfermedad y mantuvo el crecimiento, la EUA y los parámetros fisiológicos en los plantones +V a niveles cercanos a los -V.

Financiado por los proyectos RTA2011-00019-00-00 del INIA y PP.TRA.TRA2013.5 del IFAPA parcialmente financiados por el FEDER 2007-2013.

Área Temática: Gestión de Enfermedades Póster 021

La resistencia inducida por PO212 en tres cultivos hortícolas está relacionada con los niveles de lignina y fenólicos

María Carreras[1], Marta Lois[2], Yolanda Herranz[1], José Díaz[2], Inmaculada Larena[1*]

[1]*Departamento de Protección Vegetal, SGIT-INIA, Carretera de La Coruña 7, 28040, Madrid.*
[2]*Grupo de Investigación de Fisioloxía e Aplicacións das Plantas (FISAPLANT), Departamento de Bioloxía, Facultade de Ciencias, Universidade da Coruña, Campus de A Zapateira, 15071 A Coruña, Spain.*

Penicillium rubens cepa 212 (PO212) es un agente de control biológico eficaz frente a patógenos vasculares en varios cultivos. En este trabajo estudiamos su efecto en las interacciones tomate-*Fusarium oxysporum*, alcachofa- *Verticillium dahliae* y berenjena-*V. dahliae*. En los tres casos el tratamiento con PO212 redujo la sintomatología de las enfermedades. Además, se analizó el contenido en fenoles solubles (potenciales defensas con actividad antimicrobiana) y lignina (defensa de tipo estructural). En la raíz de los tres cultivos no se detectaron cambios importantes en los fenoles solubles tras el tratamiento con PO212 antes de inocular las plantas con los patógenos. En cambio, la lignina se incrementó en las raíces de berenjena y tomate tratadas con PO212. Tras la inoculación con los patógenos, los fenoles sufrieron algunas variaciones, pero lo más relevante fueron los cambios en los niveles de ligninas. PO212 incrementó el contenido en ligninas de las raíces de tomate, berenjena y alcachofa a distintos tiempos tras la inoculación con *Fusarium* o *Verticillium,* lo que refleja el papel protector del reforzamiento de las paredes celulares para evitar la penetración y colonización por estos patógenos. Otro aspecto resaltable es que *Fusarium*, pero no *Verticillium*, provoca en ausencia de PO212 una reducción en ligninas respecto del control no inoculado. Es posible que una estrategia de ataque de *Fusarium* sea la interferencia con el reforzamiento de la pared.

Investigación financiada por los proyectos RTA2013-00060-C05-01 y RTA2013-00060-C05-02 (Ministerio de Economía y Competitividad-INIA, co-financiado con fondos FEDER de la Unión Europea).

Área Temática: Gestión de Enfermedades Póster 022

Extractos proteicos crudos de *Penicillium rubens* (PO212) inducen resistencia contra *Fusarium oxysporum* f.sp. *lycopersici* en tomate

María Carreras[1], Eduardo A. Espeso[2], Yolanda Herranz[1], Paloma Melgarejo[1], Inmaculada Larena[1]*

[1]*Departamento de Protección Vegetal, SGIT-INIA, Carretera de La Coruña 7, 28040, Madrid.*
[2]*CIB-CSIC, Departamento de Biología Celular y Molecular, Ramiro de Maeztu 9, 28040 Madrid.*

Algunas proteínas y péptidos de origen microbiano poseen propiedades "elicitoras", jugando un papel vital en el desarrollo de las resistencias sistémica y local en plantas. Se ha evaluado el papel elicitor de extractos crudos proteicos totales (ECPT) de *Penicillium rubens* (PO212) en la respuesta de defensa en plantas de tomate frente a *Fusarium oxysporum* f.sp. *lycopersici* (FOL).

Los ECPT proceden de cultivos de entre 1 y 7 días de PO212 en medio Morton B y separación del extracto crudo mediante centrifugación y filtración. Verificado que los ECPT carecen de efectos negativos para la planta, se comprobó la implicación de compuestos termolábiles y proteicos en el efecto elicitor. El ECPT de 7 días fue 1) autoclavado (120ºC 30 min), 2) digerido con proteasas ó 3) congelado.

La eficacia de los ECPT frente a FOL fue evaluada en ensayos en cámara de cultivo en condiciones de luz y temperatura controlada utilizando semillas de tomate (cv. San Pedro), aplicándose mediante riego en semillero 7 días antes de la inoculación con FOL. Los procesos de autoclavado, digestión y congelación redujeron significativamente ($p \leq 0,05$) la eficacia del ECPT frente al patógeno, por lo que se deduce la implicación de compuestos termolábiles y de naturaleza proteica en la inducción de resistencia contra FOL en plantas de tomate. Técnicas proteómicas y la disponibilidad del genoma de PO212 han permitido identificar a distintas hidrolasas, oxidasas y peptidasas en el ECPT. Estas son potenciales responsables de la inducción de resistencia en tomate.

El presente trabajo ilustra la capacidad de ECPT de PO212 para inducir el mecanismo de resistencia a enfermedad en plantas de tomate contra FOL.

Este trabajo ha sido financiado con el proyecto RTA2013-00060-C05-01(Ministerio de Economía y Competitividad-INIA, co-financiado con fondos FEDER de la Unión Europea)

Área Temática: Gestión de Enfermedades Póster 023

Evaluación del efecto de distintos tratamientos de agua ozonizada en plantas de vid con síntomas de enfermedades de madera

Víctor Manuel Tolosa [1], Purificación Castillo[1], María Luisa Lerma[1], Kortes Serrano-De La Hoz[2], Gonzalo Luis Alonso[3], María Rosario Salinas[3], Ramona María Muñoz[1*]

[1]Servicio de Diagnóstico y Asistencia Fitosanitaria (SEDAF), Instituto Técnico Agronómico Provincial de Albacete (ITAP). Parque Empresarial Campollano, Segunda Avenida, 61, 02007 Albacete; [2]Better Research, Innovation and Development, S.L. (BetterRID), Spin-off UCLM; [3]*Dpto. Ciencia y Tecnología Agroforestal y Genética. E.T.S.I.A.M. de Albacete, UCLM.*

Las enfermedades de la madera de la vid representan un grave problema para el sector vitivinícola, especialmente desde finales del siglo pasado, coincidiendo con un momento de rápida expansión del viñedo y la prohibición del arsenito sódico, el único producto que se había mostrado eficaz para el control de estas patologías. En este sentido, el uso de agua ozonizada se postula como una posible alternativa de control. El ozono es un biocida de amplio espectro utilizado como agente sanitario para usos diversos, además no genera residuos químicos, por lo que su uso se ajustaría a la tendencia actual de protección integrada.

Este trabajo ha sido realizado en diez parcelas de diversas zonas de Castilla La Mancha, correspondientes a variedades de interés cultivadas en la región (Airén, Tempranillo, Macabeo, Cabernet Sauvignon y Bobal). En ellas se realizaron tratamientos con agua ozonizada mediante distintas estrategias de aplicación (pulverización aérea, riego y endoterapia por inyección, de forma individual o en combinación), sobre plantas con distintos niveles de síntomas.

Los datos de expresión de síntomas de un total de 1153 plantas fueron recogidos la campaña previa al tratamiento así como después del mismo. Estos datos han sido comparados estadísticamente para evaluar el efecto del tratamiento. En general, se ha obtenido una menor expresión de síntomas en las plantas tratadas en comparación con el control, siendo significativas estadísticamente ($p<0,05$) en una parcela de la variedad Airén tratada mediante una combinación de endoterapia y riego.

Este trabajo ha sido financiado por CDTI y FEDER (00093497/ITC-20151026) y ha sido realizado en colaboración con las empresas DCOOP-BACO, FINCA ANTIGUA, VIALCON y NUTRICONTROL.

Área Temática: Gestión de Enfermedades Póster 024

Biofumigación con brassicas como método de lucha contra *Phytophthora cinnamomi* en dehesa. Producción de biomasa y concentración de sinigrina

Pilar Fernández Rebollo[1*], José Ramón Leal Murillo[1], Mª Teresa Hidalgo Fernández[1], José Alza Aramburu[2], Mª Dolores Carbonero Muñoz[3].

[1]Dpto. Ingeniería Forestal, ETSIAM, Universidad de Córdoba. [2] Área de Producción Agraria, IFAPA Centro Alameda del Obispo, Córdoba. Junta de Andalucía. [3] Área de Producción Agraria, IFAPA, Centro Hinojosa del Duque, Córdoba. Junta de Andalucía.

Phytophthora cinnamomi es un patógeno de suelo presente en la dehesa que está ocasionando una elevada mortalidad en su arbolado (*Quercus*). Trabajos recientes han puesto de manifiesto que el glucosinolato sinigrina, presente en algunas especies de *Brassicaceae*, disminuye significativamente la capacidad de este patógeno de causar enfermedad, al reducir la viabilidad de las esporas de resistencia y la producción de zoosporas infectivas. El cultivo de estas plantas en la dehesa para su enterrado en verde puede ser una técnica posible a incorporar en los programas de lucha contra este patógeno. Sin embargo, es escasa la información sobre el potencial productivo de estas especies vegetales en la dehesa. El objetivo de este trabajo fue evaluar la producción de biomasa y la concentración de sinigrina en tejidos aéreos de *Brassica juncea* y *Brassica nigra* cuando se cultivan en la dehesa. Las siembras se realizaron en dos parcelas experimentales ubicadas en Córdoba. Se consideró como factores, además de la especie, el método de siembra (líneas, voleo) y la fertilización con S (con o sin yeso agrícola). El diseño utilizado fue strip-split-plot, parcela experimental de 3 x 2 m y 4 repeticiones. Se evaluó la cobertura ocupada por el cultivo, la fenología, la biomasa en plena floración y la concentración de sinigrina en los principales estadíos fenológicos. Las dos especies mostraron una evolución diferente. *B. juncea* fue más precoz en ambas localidades alcanzando mayor cobertura y biomasa sin ser significativo el método de siembra ni la fertilización. La concentración de sinigrina fue similar en ambas especies y disminuyó con el tiempo. El yeso agrícola aumentó la concentración de sinigrina en la parcela con baja concentración de S en suelo.

Área Temática: Gestión de Enfermedades Póster 025

¿Mantienen las plantas de mostaza su efectividad frente a *Phytophthora cinnamomi* una vez que han sido henificadas y deshidratadas?

Pilar Fernández Rebollo*[1], José Ramón Leal Murillo[1], Mª Teresa Hidalgo Fernández[1], José Alza Aramburu[2], Mª Dolores Carbonero Muñoz[3], Belén Godoy Cancho[4], Mª Carmen Rodríguez Molina[5]

[1] Dpto. Ingeniería Forestal, ETSIAM, Universidad de Córdoba. [2] Área de Producción Agraria, IFAPA Centro Alameda del Obispo, Córdoba. Junta de Andalucía. [3] Área de Producción Agraria, IFAPA, Centro Hinojosa del Duque, Córdoba. Junta de Andalucía. [4] Área de Tecnología de Recursos Forestales, CICYTEX. Instituto del Corcho, la Madera y el Carbón Vegetal. Mérida, Badajoz. [5] Área de Fitopatología, CICYTEX. Centro de Agricultura Ecológica y de Montaña (CAEM). Plasencia, Cáceres.

Distintas especies del género Brassica han sido utilizadas como cultivos biofumigantes frente a patógenos del suelo. La sinigrina, glucosinolato presente en algunas, disminuye la capacidad de *Phytophthora cinnamomi* de causar enfermedad en los *Quercus*, por lo que la biofumigación con estas especies podría incluirse en los programas de lucha contra este patógeno en la dehesa. Una baja humedad del suelo al enterrar el cultivo dificulta la mezcla y la hidrólisis eficaz de la sinigrina hacia los productos activos, pudiendo ser recomendable su cosecha, conservación y uso posterior. El objetivo de este trabajo fue analizar si la concentración de sinigrina y la actividad de la mirosinasa se ven afectadas por dos procesos de conservación: henificado y deshidratado. Plantas completas de *Brassica juncea* y *Brassica nigra* se cosecharon en floración y se dividieron en tres lotes. Un lote fue liofilizado y se determinó el contenido de sinigrina; el segundo se deshidrató en estufa a 150 ºC durante 15 minutos, simulando el proceso industrial de deshidratación de forraje; y el tercero se henificó dejándolo secar en campo al sol durante 48 h. El material henificado y deshidratado se almacenó en tres tipos de contenedores (papel, polietileno y polietileno al vacío) y a tres temperaturas (25 ºC, 5 ºC y -20ºC) durante ocho meses, determinándose la concentración de sinigrina en distintos momentos y la liberación de alil-isotiocianato (AITC). Comparando con la planta verde, la deshidratación redujo la concentración de sinigrina en un 32% y el henificado en un 11% en ambas especies. La concentración de sinigrina se mantuvo constante en el tiempo independientemente de la forma de conservación. Las muestras de heno liberaron AITC pero no fue detectable en las deshidratadas.

Área Temática: Gestión de Enfermedades Póster 026

Variabilidad de especies de *Colletotrichum* asociadas con la antracnosis del olivo y del almendro

A. López-Moral, C. Xavier, A. Escalona, A. Vioque, C. Agustí-Brisach, J. Moral, A. Trapero

Departamento de Agronomía, ETSIAM, Universidad de Córdoba (UCO), Campus de Rabanales, Edif. C4, 14071 Córdoba, España

La Antracnosis es una de las enfermedades foliares y de fruto más importantes de los cultivos leñosos mediterráneos, incluyendo olivo y almendro. Esta enfermedad está causada por gran diversidad de especies fúngicas de los complejos *Colletotrichum acutatum* y *C. gloeosporioides*. La especialización patogénica y la sensibilidad a ciertos fungicidas de aislados de *Colletotrichum* spp. ha sido tradicionalmente usada en la identificación intra- e inter-específica de este género. Estudios previos demuestran que *Colletotrichum* spp., independientemente de su huésped de origen, causan síntomas en aceituna y almendra, existiendo diferencias significativas de virulencia entre especies. Los objetivos de este trabajo han sido dilucidar el efecto de la diversidad de especies de *Colletotrichum* en la infección de aceitunas y almendras, y conocer su sensibilidad a fungicidas. Para ello, aceitunas y almendras de diversos cultivares comerciales, se inocularon con diferentes aislados de *C. acutatum*, *C. godetiae*, *C. nymphaeae* y *C. gloeosporioides*. Se detectaron grandes diferencias de virulencia entre aislados, aunque una escasa o nula especialización de huésped, excepto para los aislados de *C. acutatum* procedentes de almendro que resultaron más virulentos en almendra que en aceituna. La sensibilidad a compuestos cúpricos, fungicidas protectores y sistémicos se evaluó *in vitro* y mediante bioensayos en manzana. El tebuconazol fue el fungicida más efectivo frente a todos los aislados evaluados, aunque hubo diferencias de sensibilidad a varios fungicidas entre especies de *Colletotrichum*, e incluso entre aislados de la misma especie dependiendo del huésped de procedencia. Estos resultados son de gran transcendencia en el control de la enfermedad

Área Temática: Gestión de Enfermedades Póster 027

Susceptibilidad de variedades del almendro a la antracnosis causada por *Colletotrichum* spp.

A. López-Moral[1], C. Agustí-Brisach[1], M. Lovera[2], F. Luque[1], O. Arquero[2], A. Trapero[1].

[1]Departamento de Agronomía, ETSIAM, Universidad de Córdoba (UCO), Campus de Rabanales, Edif. C4, 14071 Córdoba, España; [2]Departamento de Fruticultura Mediterránea, IFAPA, Alameda del obispo s/n, 14004 Córdoba, España.

La Antracnosis del almendro, causada por *Colletotrichum* spp., se considera una enfermedad emergente en Andalucía desde que en 2014 se observaran graves ataques en Huelva y Sevilla. La resistencia varietal se encuentra entre una de las medidas de control más eficaces en la protección de cultivos dentro del marco de la gestión integrada. Por este motivo, se evaluó en condiciones controladas la susceptibilidad de 19 variedades de almendro a la antracnosis. Para ello, almendras separadas, verdes y con el mismo grado de maduración, fueron inoculadas con una suspensión de conidios de *C. acutatum sensu stricto*. Las almendras inoculadas se incubaron en cámara húmeda a 23ºC y fotoperiodo alterno de 12 horas. Periódicamente, se midió el diámetro de la lesión producida en la superficie de las almendras. Se determinó el porcentaje de superficie afectada, y se calculó el área bajo la curva del progreso de la enfermedad relativa. Todas las variedades se evaluaron en dos años consecutivos. Los resultados obtenidos permitieron agrupar las variedades en cuatro grupos de susceptibilidad, siendo las variedades representativas de dichos grupos, de mayor a menor susceptibilidad, 'Tarraco', 'Vayro' 'Guara' y 'Ferraduel'. Debido a la ausencia de años epidémicos, la susceptibilidad varietal no pudo ser determinada en campo. No obstante, se evaluó un grave ataque de antracnosis en un campo comercial de la provincia de Huelva en el que habían plantadas tres variedades de almendro. Estas observaciones de campo mostraron que 'Tarraco' fue la más susceptible a la enfermedad, 'Vayro' fue algo menos afectada y 'Marinada' la que presentó menor susceptibilidad, corroborando los resultados obtenidos en inoculaciones artificiales.

Área Temática: Gestión de Enfermedades Póster 028

Caracterización de una colección bacteriana en base a sus actividades de biocontrol

Natalia Rodríguez-Fernández, Berta de los Santos y María Camacho*

Centro IFAPA Las Torres, Apdo. Oficial, 41200 Alcalá del Río, Sevilla

La creciente demanda de productos agrícolas provoca un uso excesivo de fertilizantes y fungicidas lo que origina serios problemas ambientales así como un aumento en los costes de producción. Además, la tendencia actual de la política agraria de la Unión Europea tiende a disminuir el uso de productos de síntesis en los cultivos. Con todo esto, se plantea como alternativa viable, cada vez más demandada, el empleo de inoculantes bacterianos. Entre ellos se encuentran aquellos que podrían ser empleados como agentes de biocontrol contra hongos patógenos, por producir compuestos que inhiben el crecimiento de estos hongos (ácido cianhídrico u otros compuestos volátiles) o por poseer una serie de enzimas que impiden el desarrollo de los mismos.

Previamente nuestro grupo de investigación ha determinado la capacidad de inhibir el crecimiento *in vitro* del hongo fitopatógeno de fresa *Macrophomina phaseolina* en una colección de 280 bacterias, y ha seleccionado aquellas (35) que inhibieron en gran medida el crecimiento del micelio. Este trabajo tiene como objetivo caracterizar en profundidad estos aislamientos. Para ello, se han determinado tanto sus actividades enzimáticas de biocontrol (celulasa, proteasa, amilasa, quitinasa y β-glucanasa), como la producción de ácido cianhídrico. Igualmente se ha secuenciado el ARN16S de aquellas cepas cuya identidad se desconocía. Los resultados muestran que la mayoría de los aislamientos poseen una o varias actividades de biocontrol, y que el 20% de ellos (7 cepas) produce ácido cianhídrico en proporciones altas o moderadas, perteneciendo la mayoría al género *Pseudomonas*.

Área Temática: Gestión de Enfermedades Póster 029

Alternativas naturales para el control de las enfermedades de madera de vid.

Rebeca Cobos[1*], Laura Martín[2], Alba Diez-Galán[1], Ana Ibáñez[3], Sandra González-García[3], Jose Manuel Álvarez-Pérez[3], Miguel Ángel Olego[3], Mario Sánchez[1], Jesús Esteban Medina-Turienzo[3]; Jose Enrique Garzón-Jimeno[1,3] y Juan José R. Coque[1,3].

1 RGA bioinvestigación S.L. Instituto de Recursos Naturales. Av. Portugal, 42, 24071 León, España. 2 Fundació Parc Tecnològic del Vi (VITEC), Ctra. de Porrera km 1, 43730 Falset, Tarragona, España. 3 Instituto de Investigación de la Viña y el Vino, Universidad de León, Av. Portugal, 42, 24071 León, España.

Las enfermedades de madera de vid (EMV) constituyen uno de los principales problemas sanitarios del cultivo de la vid. Engloban un conjunto de sintomatologías causadas por el crecimiento de hongos fitopatógenos en el interior de los vasos del xilema que provocan el colapso de éstos y en ocasiones la muerte de la planta. Las vías de penetración de los hongos en las plantas son diversas. En el caso de enfermedades que afectan a planta adulta (Yesca, Eutipiosis etc.) la principal vía de entrada son las heridas de poda, mientras que en el caso de las enfermedades que afectan a planta joven (enfermedad de Petri y Pie negro, principalmente) la principal vía de entrada es el sistema radicular o bien la infección durante el proceso de producción de planta en los viveros.

El principal objetivo del presente trabajo fue la búsqueda de alternativas naturales para el tratamiento de las enfermedades de madera. Para ello se ensayaron dos tipos de tratamientos. Por un lado, tratamientos con productos de origen vegetal, principalmente aceites esenciales, para prevenir la penetración de los hongos por las heridas de poda. En segundo lugar, se ensayaron diferentes microorganismos antagonistas como agentes de biocontrol que se aplicaron al sistema radicular para evitar la penetración de los hongos por esta vía.

Como resultado del estudio se han seleccionado dos tratamientos, uno a base de compuestos naturales y un bioabono a partir de microorganismos aislados de los viñedos, que permitirán combatir las enfermedades de madera desde una perspectiva respetuosa con el medio ambiente.

Área Temática: Gestión de Enfermedades Póster 030

Evaluación de la susceptibilidad frente a la fusariosis vascular de los cultivares de fresa más utilizados en la provincia de Huelva (España)

Manuel Avilés*, Manuel A. Gallardo, Silvia Pérez, Celia Borrero

Dpto. Ciencias Agroforestales, E.T.S.I.A. Universidad de Sevilla, Ctra. Utrera, km 1, 41013, Sevilla, España.

La Fusariosis vascular de la fresa ha aumentado recientemente su incidencia y distribución geográfica en la zona productora onubense. Este incremento de la incidencia y prevalencia de la enfermedad también ha ocurrido en la mayoría de las zonas freseras del mundo. Por ello, nos planteamos como medida inicial para su manejo la evaluación de la susceptibilidad a esta enfermedad de los cultivares más utilizados en Huelva. Los nueve cultivares seleccionados fueron: 'Benicia', 'Camarosa', 'Florida- Fortuna', 'Primoris FNM', 'Rociera FNM', 'Sabrina', 'Sabrosa-Candonga', 'San Andreas' y 'Splendor'. El diseño experimental fue totalmente al azar con 6 repeticiones. La repetición consistió en una maceta de 0,8 L con una planta joven. Los ensayos se realizaron en invernadero y fueron repetidos tres veces. La inoculación se realizó mediante baño de raíces durante 30 minutos en una suspensión de conidias ajustada a 6×10^6 conidias/ml, participada en la misma proporción por tres aislados locales de *Fusarium oxysporum* f. sp. *fragariae*. El análisis del conjunto de los datos de los tres ensayos reveló que los cultivares 'Rociera FNM', 'San Andreas', 'Camarosa', 'Sabrina' y 'Sabrosa-Candonga' son los menos susceptibles. Estos cultivares son los recomendables para suelos con posible presencia del patógeno.

Área Temática: Gestión de Enfermedades Póster 031

Efecto de la introducción de la lombriz de tierra en la fusariosis vascular de la fresa

Manuel Avilés[1]*, Jair Alves[2], Mario Gámiz[1], Silvia Pérez[1], Celia Borrero[1]

[1]Dpto. Ciencias Agroforestales, E.T.S.I.A. Universidad de Sevilla, Ctra. Utrera, km 1, 41013, Sevilla, España. [2]Departamento de Solos e Engenharia Agrícola, Universidade Federal do Paraná, Rua dos funcionários, 1540 – Bairro Juvevê CEP. 80.035-050, Curitiba, PR, Brasil.

Numerosos trabajos revelan efectos positivos de las lombrices de tierra (*Lumbricus terrestris*) sobre el crecimiento de las plantas. No obstante, pocos de éstos versan sobre su interacción en patosistemas vegetales. La Fusariosis vascular de la fresa inducida por *Fusarium oxysporum* f. sp. *fragariae* (*Fof*) es una enfermedad global que puede causar daños severos. El objetivo de este trabajo fue evaluar los efectos de la introducción de lombrices de tierra sobre esta enfermedad. El bioensayo se realizó en invernadero con un diseño completamente al azar y 5 repeticiones. La repetición consistió en una maceta de 2,8 L de capacidad donde se cultivó una planta. En los tratamientos con lombrices se introdujeron dos ejemplares por maceta antes de la plantación. En los tratamientos con *Fof* la inoculación se realizó mediante riego al sustrato de una suspensión de conidias en cuatro momentos a lo largo del ensayo. Se cuantificó cosecha, peso fresco y seco de la parte aérea de las plantas al final del ensayo y la severidad de la enfermedad a lo largo del mismo. Así, resultó que la introducción de lombrices en ausencia de *Fof* dio lugar a la mayor producción de fruta y en presencia de *Fof* redujo la severidad de la Fusariosis vascular.

Área Temática: Gestión de Enfermedades Póster 032

Characterization of glucosinolates extracts, from cruciferous sprouts, with potential antifungal activity

Francisco Teodoro Arroyo[1], Rafael Guillén Bejarano[2], Ana Jiménez Araujo[2], Carmen Barrau[1], MªJosé Basallote[1], Rocío Rodríguez Arcos[2*]

[1]IFAPA Centro Las Torres-Tomejil. Apartado Oficial, 41200 Alcalá del Río (Sevilla); [2]Instituto de la Grasa (CSIC). Campus Universitario Pablo de Olavide, Edificio 46. Carretera de Utrera Km 1, 41013 Sevilla

Glucosinolates from Brassicas are proposed as one of the more effective phytochemicals for the control of crop disorders caused by fungi and oomycetes. Glucosinolates convert into degradation products, mainly isothiocyanates, when vegetables are chopped and they come in contact with the enzyme myrosinase. Based on the fact that Brassicas are a good source of glucosinolates and myrosinase, this plant material has traditionally been used for the bioremediation of soils. We have gone a step further and prepared natural extracts partially purified and enriched in glucosinolates.

The plant material consisted in sprouts from *Brassica nigra, Brassica juncea, Brassica carinata and Sinapis alba*, which were grown under light and saline stress and harvested at 3, 5 and 7 days post- sowing. Glucosinolates were isolated by microwave-assisted extraction (MAE) method, and analyzed by reversed phase high-performance liquid chromatography–diode array detection-mass spectrometry (HPLC–DAD-MS). Quantification was made from concentration curves constructed with authentic standards. Total glucosinolate contents were much higher in *S. alba* (491-1180 mmol/g dry weight) than in Brassicas (91-344 mmol/). There were also significant differences on glucosinolate profiles. Brassicas contained aliphatic glucosinolates, mostly Sinigrin, which was the unique glucosinolate detected in *B. nigra* and represented 80-90% of glucosinolates in *B. juncea* and *B. carinata. S. alba* only contained the aromatic glucosinolate Sinalbin. These structural differences are important to their specific biological activities, as allyl-isothiocyanates released from Sinigrin shown much higher antifungal capacity than benzyl-isothiocyanates from Sinalbin.

Área Temática: Gestión de Enfermedades Póster 033

Glucosinolates produced by *Brassicas* spp. as biocontrol products II. Antifungal activity of the glucosinolate-myrosinase system against soil-borne pathogens.

Rocío Rodríguez-Arcos[1*], Ana Jiménez Araujo[1], Rafael Guillén Bejarano[1], Carmen Barrau[2], M. José Basallote[2], Francisco Teodoro Arroyo[2]

[1]Centro IFAPA Las Torres-Tomejil. Apartado oficial, 41200 Alcalá del Río (Sevilla); [2]Instituto de la Grasa (CSIC). Campus universitario Pablo de Olavide, Edificio 46. Carretera de Utrera Km1, 41013 Sevilla.

Glucosinolates are secondary metabolites which are hydrolyzed by the enzyme myrosinase to yield volatile isothiocyanates with potent biocidal activity. Natural extracts from cruciferous sprouts, partially purified and enriched in glucosinolates, mainly sinigrin and sinalbin, were used to know their potential antifungal activity. For that purpose, the effect of the glucosinolate-myrosinase system on in vitro mycelial growth of the oomycetes *Phytophthora cinnamomi* Rands and *Pytium spiculum* was assessed. The relationship between substrate concentration and enzyme activity was adjusted to 1 mg of glucosinolate/0.16 units of enzyme. The natural extracts from *B. nigra, B. juncea*, and *B. carinata*, which contained 344 mmoles/g dry weight of glucosinolates (100 % sinigrin), 288 mmoles/g (92 % sinigrin and 8 % gluconapin) and 159 mmoles/g (85 % sinigrin, 5 % gluconapin, 3 % glucotropaeolin and 7 % other glucosinolates not identified) respectively, were the most effective, with 100 % inhibition of mycelial growth at 3 mg×ml-1/0.48units×ml-1×(substrate/enzyme). However, the extract from *S. alba*, containing 491-1180 mmoles/g of dry weight of glucosinolates (100 % sinalbin) was not effective, and it did not even inhibit at the highest tested doses of 6 mg×ml-1/0.96 units×ml-1.

The use of minced or macerated tissues of Brassicas and/or pure isothiocyanates to evaluate the antifungal activity of glucosinolates has been reported extensively. For further understanding of this mechanism, the use of glucosinolate-myrosinase system provides important additional information to advance in the implementation of organic amendments from Brassicas into soils as an alternative to chemical fumigation against soil-borne agents.

Área Temática: Gestión de Enfermedades Póster 034

Evaluación en campo de genotipos procedentes del programa IFAPA de mejora de olivo para resistencia a Verticilosis

Alicia Serrano-Gómez[1], Rocío Arias-Calderón[1,3], Dolores Rodríguez-Jurado[1*], Belén Román-Castillo[1], José Bejarano-Alcázar[1], Juan Cano-Rodríguez[2] y Lorenzo León-Moreno[1]

[1]IFAPA Centro "Alameda del Obispo", Avda Menendez Pidal s/n, Córdoba. [2] IFAPA Centro "Venta del Llano", Ctra. Bailen-Motril, Km. 18,5, Mengíbar, Jaén. [3] Dirección actual: INIAV, Herdade do Reguengo, Apartado 6, Elvas, Portugal

La etapa final del programa de mejora de olivo para resistencia a Verticilosis desarrollado en el Centro IFAPA "Alameda del Obispo", incluye la evaluación en condiciones de campo de los genotipos seleccionados por su elevado nivel de resistencia en condiciones estandarizadas. Para ello, se instalaron cuatro ensayos en parcelas localizadas en Arjona, Begíjar, Úbeda y Villatorres, dónde se evalúan un total de 19 genotipos. Se realizó un seguimiento de los síntomas de Verticilosis. Además, la heterogeneidad genética de 260 aislados de *Verticillium dahliae* obtenidos de árboles con síntomas se determinó por PCR utilizando tres pares de primers que reproducen patrones moleculares específicos del patotipo defoliante (ED), no defoliante (END) y no específico de patotipo (NS) de olivo y algodón en Andalucía. La incidencia media de enfermedad fue del 5,4%, 22,3%, 16% y 3,3%, respectivamente, en los campos antes citados. El 15,8% de los genotipos no han mostrado síntomas después de dos años de evaluación. El patrón molecular más frecuente fue el ED, mostrándose en un 73% de los aislados evaluados, seguido del patrón NE en un 20% de aislados y del END en el resto. Para una identificación más detallada se ha amplificado y secuenciado un fragmento de 800pb de una región intergénica (IGS), en un total de 20 aislados representativos de los diferentes patrones. El análisis filogenético señala una clara separación entre los aislados con patrón END y el resto de aislados.

Financiado con los proyectos RTA2013-00019 del INIA y AVA.201601.2 del IFAPA, parcialmente financiados con fondos FEDER. Agradecer la colaboración a los agricultores. Alicia Serrano agradece los fondos recibidos del Programa FPI-INIA.

Área Temática: Gestión de Enfermedades Póster 035

Efecto *in vitro* de *Clonostachys rosae* frente a *Botrytis cinerea* y su compatibilidad con la cepa T22 de *Trichoderma harzianum*.

Magda Galeano * y Francisco Marín

Koppert España, S.L. Centro de Investigación. Paraje Piedra Roda, nº 470. 04738 Vícar (Almería)

Se ha analizado la eficacia de dos cepas diferentes del hongo *Clonostachys rosae* frente a *Botrytis cinerea*, mediante ensayos *in vitro* de *Clonostachys rosae* f. *rosae* y *Clonostachys rosae* f. *catenulata* gracias a la técnica de enfrentamiento de cultivos duales en placa de Petri propuesta por Bell *et al*. (1982) y Howell (2003), frente a un aislado del patógeno. Y posteriormente se ha evaluado también la compatibilidad de estos hongos con el antagonista *Trichoderma harzianum*.

Se determinó la competencia de nutrientes y espacio, el micoparasitismo y el porcentaje de inhibición del crecimiento radial (PICR), así como el nivel de antagonismo según la escala de Bell *et al.,* (*loc cit.).*

De los resultados se desprende que hay un efecto antagonista de ambas cepas de *Clonostachys* frente a *B. cinerea*. Los porcentajes de inhibición de crecimiento radial (PICR) de *Clonostachys rosae*

f. *rosae* y *Clonostachys rosae* f. *catenulata* sobre *Botrytis cinerea* fueron 47,22 % y 47,68%, respectivamente. Y se concluye también que el tipo de antagonismo es del tipo 2. Debido al crecimiento muy lento de las cepas de *Clonostachys rosae*, se recomienda la acción preventiva de estos hongos frente *Botrytis*. Por otra parte, los ensayos *in vitro* de compatibilidad con el hongo antagonista *Trichoderma harzianum,* cepa T22 (base del producto biofungicida TRIANUM) con las 2 cepas de *Clonostachys rosae* muestran que son completamente compatibles, si bien la cepa T22 es mucho más rápida en su colonización como característica inherente, no hay competencia entre ambos hongos.

Área Temática: Gestión de Enfermedades Póster 036

Efecto de algunos agentes biológicos fúngicos sobre *Meloidogyne javanica* (Treub, 1885) Chitwood, 1949

Magda Galeano*, Maria Victoria Rodriguez, Alicia Ruiz y María Rodriguez.

Koppert España, S.L. Centro de Investigación. Paraje Piedra Roda, nº 470. 04738 Vícar (Almería)

Se han llevado a cabo dos ensayo *In Planta* en el laboratorio del Centro de Investigación de Koppert España, con el fin de evaluar el efecto de diferentes agentes microbianos sobre el nematodo agallador *Meloidogyne javanica* en plántulas de pepino.

En un primer ensayo se evaluaron los hongos *Lecanicillium muscarium* (Mycotal) y *Trichoderma harzianum* (Trianum). A partir de los resultados de este primer ensayo con los dos productos comerciales mencionados no se pudo concluir que éstos puedan evitar la entrada del nematode fitoparásito en la raíz. Sin embargo, a pesar de que ninguno de los dos mostró un efecto nematicide estricto, las plantas tratadas con Mycotal presetnaron un menor número de juveniles de tercer estadío y menor número de agallas en el inicio del ciclo del nematode, lo que se tradujo en un número de agallas menor al final del ensayo. Por otra parte, Trianum pudo también reducir el número de agallas.

En un segundo ensayo se evaluó además de los dos hongos del primer ensayo, *Lecanicillium muscarium* y *Trichoderma harzianum,* dos especies de *Pleurotus* y *Clonostachys rosae* f. *rosae*, cuyos resultados positivos fueron mostrados por la cepa de *Clonostachys* que sin evitar la entrada de los nematodos en la raíz de la plántula de pepino, si pudo evitar la multiplicación del nematodo, y por tanto, el desarrollo del ciclo del mismo.

Área Temática: Gestión de Enfermedades Póster 037

IBMA España, 10 años apoyando el biocontrol

IBMA España: comité formado por: Hinarejos, E., Altube, A., Roura, L., Perez, J.L., Vera, N., Soriano, F., Vera, L., Galeano, M.

IBMA España, Avda. Diputación, 4-Bajo, 46810 Enguera (Valencia).

IBMA España se constituyó en 2008 (registro oficial como asociación en 2011, CIF G-85524783) y tras

10 años de existencia, actualmente esta joven asociación consta de 39 empresas vinculadas al Biocontrol.

Dentro de la asociación se distinguen 4 líneas de trabajo: grupo de macroorganismos, grupo de microorganismos, grupo de extractos naturales y grupo de semioquímicos o feromonas, todas bajo el objetivo común de potenciar el control biológico en nuestra agricultura.

El mercado del biocontrol en España solo suma un pequeñísimo porcentaje (no llega a un 5% lo que representa el mercado de los productos fitosanitarios sin incluir los OCB's) debido en gran parte al propio marco regulatorio, redactado para moléculas químicas, y que no se ha adaptado a esta tipología de herramientas. No obstante, el control biológico de plagas con insectos auxiliares y beneficiosos es hoy una práctica habitual en los principales cultivos protegidos. Esto demuestra que se pueden asumir nuevas estrategias en el control de plagas y enfermedades, y que estas nuevas estrategias tienen y tendrán que ver en los próximos 10 años con el sector de los "biológicos". Así pues, la industria del biocontrol representa una apuesta en el catálogo de cualquier empresa dedicada a la fabricación o distribución de productos para la protección de cultivos.

No hay que olvidar que el uso y desarrollo de los productos de biocontrol para mejorar la resistencia a plagas y enfermedades, nos trae de la mano un mejor entendimiento de la biotecnología vegetal, y un mejor aprovechamiento de la ciencia y la investigación, pues sólo estamos empezando a comprender las complejas relaciones metabólicas y ecológicas entre los microorganismos de la rizosfera y el lenguaje de comunicación de las plantas y de los insectos.

Área Temática: Gestión de Enfermedades Póster 038

Eficacia *in vitro* de tres especies de *Trichoderma* nativas de suelos de viñedo en el control de *Armillaria mellea*

Olga Aguín[1*], Vanesa Ferreiroa[1], María Abuín[2], M. Jesús Sainz[3], Pedro Mansilla[1]

[1]*Estación Fitopatolóxica Areeiro, Deputación Pontevedra. Subida á Carballeira s/n. 36153. Pontevedra.* [2]*Centro Tecnológico Agroalimentario, c/ Montirón nº154, 27002 Lugo.* [3]*Departamento de Producción Vegetal y Proyectos de Ingeniería, Universidad de Santiago de Compostela, Campus Universitario s/n, 27002 Lugo.*

Armillaria mellea es el agente causal de la podredumbre blanca radicular en vid, una enfermedad para la que no existe ningún tratamiento fungicida químico eficaz. Aislados de *T. hamatum*, *T. harzianum* y *T. virens* han mostrado efectos antagonistas *in vitro* contra *A. mellea*, pero con diferencias entre ellos. En este trabajo se estudió la eficacia *in vitro* de tres especies de *Trichoderma* aisladas en suelos de viñedo de Galicia en el control de *A. mellea*, que permitan en un futuro desarrollar productos comerciales eficaces. Se utilizó un aislado de las siguientes especies: *T. gamsii*, *T. spirale* y *T. virens*. El efecto antagónico se determinó mediante confrontaciones duales en medio PDA con once aislados de *A. mellea* procedentes de viñedos de Galicia. Hubo dos métodos de confrontación: 1) sembrando la pareja de hongos confrontados de forma simultánea; 2) sembrando primero *A. mellea* y siete días después el aislado de *Trichoderma*. Para cada método, se dispusieron 5 repeticiones por confrontación. Los tres aislados de *Trichoderma* inhibieron completamente el crecimiento micelial de los once aislados de *A. mellea* en las confrontaciones simultáneas. Para cada aislado de *A. mellea*, no hubo diferencias entre aislados de *Trichoderma* en el tiempo necesario para inhibir el 100% del crecimiento del patógeno. Las especies de *Trichoderma* necesitaron 4-6 días para inhibir el crecimiento de seis de los aislados de *A. mellea*, 9 días para otros dos, y 14-17 días para los tres restantes. En confrontaciones no simultáneas, los tres aislados de *Trichoderma* también consiguieron inhibir al 100% el crecimiento de los once aislados de *A. mellea*, si bien con diferencias entre aislados de *Trichoderma* en el tiempo necesario para la inhibición de la mayoría de los aislados de *A. mellea*.

Área Temática: Gestión de Enfermedades Póster 039

Extractos de *Lycium europaeum* con alto contenido de ácido clorogénico inhiben el crecimiento de hongos fitopatógenos y reducen la marchitez tardía del maíz

Rabeb Tej[1,2], Carlos Rodríguez-Mallol[2], Rocío Rodríguez-Arcos[3], Najoua Karray-Bouraoui[2], Leire Molinero-Ruiz*[,1]

[1] Instituto de Agricultura Sostenible, CSIC. Alameda del Obispo s/n, 14004 Córdoba (España); [2] Facultad de Ciencias de Túnez, Universidad de Túnez El Manar, 1060 Túnez El Manar (Túnez); [3] Instituto de la Grasa, CSIC. Universidad Pablo de Olavide Ed. 46, Ctra. de Utrera, Km.1, 41013 Sevilla (España).

Las intensas restricciones al uso de pesticidas sintéticos limitan mucho el control de patógenos de suelo en agricultura. La alelopatía o actividad antimicrobiana de extractos de plantas, es una opción prometedora frente a estos patógenos. Extractos de *Lycium* spp. poseen propiedades biológicas y terapéuticas. En este trabajo se obtuvieron extractos metanólicos de hojas y/o tallos *L. europaeum*, se caracterizó su composición fenólica, y se evaluaron contra *Verticillium dahliae* (Vd), *Sclerotinia sclerotiorum* (Ss) y *Harpophora maydis* (Hm). Todos los extractos redujeron significativamente el crecimiento miceliar de los tres hongos a dosis equivalentes a 1 y 3 mg tejido vegetal seco (TVS) mL^{-1}. Los extractos también inhibieron la esporulación de Hm, pero uno de ellos estimuló la de Vd a dosis de 1 y 3 mg TVS mL^{-1}. Se obtuvieron menos esclerocios de Ss, y de mayor peso, a dosis equivalentes a 1 mg TVS mL^{-1} y mayores. En invernadero, el perjuicio de Hm sobre las raíces de maíz fue contrarrestado por uno de los extractos de hojas añadido por riego a las plantas inoculadas. De los 11 compuestos fenólicos identificados en los extractos, los de la familia del ácido hidroxicinámico, principalmente el ácido clorogénico, supusieron más del 50% del contenido total. La rutina fue el flavonoide más abundante. Este trabajo muestra el efecto perjudicial de extractos de *L. europaeum* frente a Hm, Ss y Vd, y resalta su potencial en la protección de cultivos si se desarrollan de manera adecuada y se utilizan en combinación con otras opciones.

Área Temática: Gestión de Enfermedades Póster 040

Una visión integral del efecto de la infección de *Harpophora maydis* en maíz

Carmen Ortiz-Bustos[1], Luca Testi[2], Alvaro López-Bernal[2], Leire Molinero-Ruiz*,[1]

[1] *Departamento de Protección de Cultivos, Instituto de Agricultura Sostenible, CSIC. Alameda del Obispo s/n, 14004 Córdoba (España);* [2] *Departamento de Agronomía, Instituto de Agricultura Sostenible, CSIC. Alameda del Obispo s/n, 14004 Córdoba (España).*

La marchitez tardía limita la producción de maíz en zonas cálidas como el sur de la Península Ibérica, Egipto o India. Aunque *Harpophora maydis* (Hm) infecta las plantas al poco tiempo de la siembra, los síntomas de marchitez y secado de hojas no aparecen hasta la floración. Mediante experimentos en maceta al aire libre, se estudió la alteración del crecimiento vegetativo y reproductivo del maíz por Hm, determinando además la influencia que puede tener el estrés hídrico en el desarrollo de los síntomas. Los resultados mostraron que Hm tiene un efecto inicial principal sobre el desarrollo de las raíces, y que la severidad de los síntomas foliares tiene una importancia secundaria en comparación con la alteración del crecimiento (altura y área foliar) y la producción de las plantas. Además de los síntomas en órganos aéreos como consecuencia de la penetración radical y el progreso vascular de Hm, éste también parece reducir drásticamente el crecimiento de las raíces. La expresión de la enfermedad depende enormemente de la disponibilidad de agua (riego óptimo o estrés moderado). Con riego óptimo no se observaron síntomas de marchitez y necrosis foliar, aunque se identificó molecularmente la presencia del hongo y se registraron pérdidas de biomasa y menores producciones en las plantas enfermas. Este trabajo sugiere que las pérdidas de producción en maíz por Hm pueden estar subestimadas y que con eventos de sequía asociados al cambio climático, es posible la intensificación de síntomas y aparición de nuevos y/o más graves brotes de marchitez tardía.

Área Temática: Gestión de Enfermedades Póster 041

Búsqueda de fuentes de resistencia a oídio y fusariosis en sandía autóctona

Vicente Gonzalez[1*], Ana Garcés-Claver[1], María Luisa Gómez-Guillamón[2]

[1]Centro de Investigación y Tecnología Agroalimentaria de Aragón. Instituto Agroalimentario de Aragón- IA2 (CITA-Universidad de Zaragoza), 50059- Zaragoza. [2] Dpto Mejora Vegetal y Biotecnología, IHSM-La Mayora, UMA-CSIC, 29750-Algarrobo, Málaga.

La fusariosis vascular en sandía es causada por el hongo *Fusarium oxysporum* f. sp. *niveum* (*Fon*) y es considerada como una de las enfermedades fúngicas más importantes de este cultivo a nivel mundial. Por otro lado, el oídio causado por *Podosphaera xanthii* se ha convertido en un problema importante para los cultivos de sandía. A pesar de la incidencia de estas enfermedades y de la importante e inexplorada diversidad genética existente en sandía en nuestro país no se han realizado muchos trabajos para la localización de resistencia/tolerancia en material autóctono. Como resultado de las inoculaciones artificiales con *P. xanthii* realizadas en 121 entradas de sandía (y relativos) mediante la pulverización de las plantas con una suspensión de conidios (4,2 x 10^4 cel/mL) del aislado ALM1 no se ha encontrado ninguna entrada inmune. La mayoría de las entradas han resultado ser muy susceptibles observándose una profusa esporulación del hongo. Solo dos entradas de *C. lanatus citroides* (NC079249 y NC0100745) y dos de *C. lanatus lanatus* (NC054847 y NC082460) mostraron un nivel de esporulación muy bajo y pueden ser consideradas como moderadamente resistentes. La ausencia de inmunidad a *P. xanthii* en tal número de entradas parece indicar un cambio en la patogenicidad de este hongo, que no afectaba a los cultivos de esta especie hasta hace relativamente poco tiempo. Paralelamente, 64 de estas entradas fueron inoculadas artificialmente con una suspensión conidial (3 x 10^6 cel/mL) de un aislado perteneciente a la raza 2 de *Fon*. La mayoría de las entradas resultaron ser susceptibles y sólo cuatro entradas de *C. lanatus lanatus* NC042492, NC026156, NC054866 y NC047502 mostraron un nivel alto de resistencia.

Área Temática: Gestión de Enfermedades Póster 042

Uso de productos bioactivos derivados de olivo como una estrategia de control sostenible de *Verticillium dahliae* en plantas de tomate

Daniel Marchena[1], Manuel Alejandro Pinto-Bustillos[2], Marín Pródanov[2], Clara Lago[1], Paloma Melgarejo[1], Inmaculada Larena[*1]

[1]*Departamento de Protección Vegetal, SGIT-INIA, Carretera de La Coruña 7, 28040, Madrid.*
[2]*Departamento de Química Física Aplicada, Universidad Autónoma de Madrid (UAM) Ciudad Universitaria de Cantoblanco, Ctra. Colmenar, km 15, 28049 Madrid*

Actualmente se plantea la necesidad de desarrollar productos de bajo impacto ambiental para el control de las enfermedades vegetales, que den lugar a producciones de calidad. Una materia prima para el desarrollo de estos productos son los derivados de extractos vegetales, como los extractos de hojas de olivo y los alpechines de la industria oleícola que destacan por su elevada actividad bactericida y/o fungicida. La marchitez causada por *Verticillum dahliae* es un serio problema en los cultivos hortícolas por su alta persistencia y dificultad de control. Por ello nos planteamos el desarrollo de un método de control alternativo no contaminante contra la verticilosis en tomate que además reduzca los residuos contaminantes derivados de la producción del aceite. Evaluamos el efecto de 12 fracciones procedentes de alpechines y hojas de olivo, obtenidas mediante tecnología no contaminante, sobre la germinación y crecimiento de *V. dahliae*. Las fracciones 5 y 6, derivadas del alpechín, mostraron un mayor efecto antifúngico y una mayor eficacia a una menor dosis. Por ello, se evaluó la eficacia de estas 2 fracciones frente a *V. dahliae* en plantas de tomate. Se aplican a dos dosis en 3 momentos: 1) inmersión de semillas en la siembra, 2) riego 7 días antes del trasplante e inoculación con el patógeno, e 3) inmersión de raíces justo antes del trasplante e inoculación con el patógeno. Los resultados obtenidos ponen de manifiesto que la inmersión de raíces antes del trasplante es el tratamiento más efectivo, ya que reduce la incidencia de la enfermedad a valores similares a los del fungicida metiltiofanato. También se observó un incremento significativo ($p<0,05$) del peso aéreo, radicular y consumo de solución nutritiva en las plantas tratadas con las fracciones.

Luego, la aplicación de estas fracciones en el momento del trasplante, podría ser una alternativa sostenible al uso de químicos de síntesis contaminantes.

Área Temática: Gestión de Enfermedades Póster 043

Efecto del sustrato empleado en los "nidos" de plantaciones truferas sobre las poblaciones microbianas del suelo

Daniel Marchena[1], Sergio Sánchez[2], María Martín-Santafé[2], Sergi García-Barreda[2] y Marco Pedro[2], J. Barriuso[3], Antonieta De Cal[1], Inmaculada Larena[1*]

[1]Departamento de Protección Vegetal, SGIT-INIA, Carretera de La Coruña 7, 28040, Madrid. [2]Unidad de Recursos Forestales, Centro de Investigación y Tecnología Agroalimentaria de Aragón (CITA), Instituto Agroalimentario de Aragón – IA2 (CITA-Universidad de Zaragoza), Avda. Montañana 930, 50059, Zaragoza. [3]Departamento de Ciencias Agrarias y del Medio Natural, Universidad de Zaragoza, Instituto Agroalimentario de Aragón – IA2 (CITA-Universidad de Zaragoza), Ctra. de Cuarte s/n, 22071, Huesca.

Existe un gran desconocimiento sobre los microorganismos que comparten hábitat con la trufa negra y sus interacciones. El objetivo es estudiar la influencia de la práctica de "nidos" (aplicación puntual de sustratos a base de turba junto con esporas de trufa a las plantaciones) sobre la microbiota (beneficiosa y no beneficiosa) presente en el suelo. En 2017 se tomaron 3 tipos de muestras de suelo trufero de una plantación turolense donde se han realizado nidos. Se realizó la extracción de ADN de cada tipo de muestra (4 por muestra). Tras lo cual se pusieron a punto las amplificaciones con cebadores específicos de hongos y de bacterias. En bacterias se emplearon los cebadores específicos 907-R (0,2µM), 341-GC-F (0,5µM). Tras lo cual se visualizaron los productos de PCR en geles de poliacrilamida (DGGE) con un gradiente desnaturalizante de urea-formamida 0%-20%-80%, a 50V durante 16h. En el caso de hongos se está poniendo a punto una PCR anidada, donde la primera reacción emplea los cebadores ITS4/EF4 (50pmol/ml). Tras lo cual se visualizaran los productos de PCR en geles de poliacrilamida en gradiente desnaturalizante (DGGE) cuyas condicione están siendo puestas a punto. Los patrones de bandas resultantes serán comparados. Las bandas serán cortadas y secuenciadas para conocer las especies de hongos y bacterias más abundantes relacionándolas con el tipo de muestra. Los resultados obtenidos serán discutidos en función del tipo de muestra.

Área Temática: Gestión de Enfermedades Póster 044

Estudio de la patogenicidad de poblaciones de *Meloidogyne incognita* de pimiento de invernadero de la Región de Murcia

Adriana Esteban, M. Carmen Martínez, M. Ángeles Hernández, Victoriano Martínez, Alfredo Lacasa, Caridad Ros*.

Dpto. Protección de Cultivos, IMIDA, C/ Mayor s/n 30150. La Alberca. Murcia

Meloidogyne incognita es uno de los principales patógenos del suelo en los invernaderos de pimiento (*Capsicum annuum*) del Campo de Cartagena. El empleo de resistencias genéticas se contempla como un método eficaz de control del nematodo. Sin embargo, la reiteración del cultivo de genotipos portadores del gen *Me3* en el mismo suelo ha provocado la selección de poblaciones capaces de remontar la resistencia conferida por dicho gen, por lo que es necesario estudiar la patogenicidad de poblaciones del patógeno para establecer estrategias integradas de control. En condiciones controladas se evaluó la incidencia y severidad de daños producidos por poblaciones de *M. incognita* en genotipos portadores de genes *Me1* y *Me3* y de un genotipo con resistencia parcial. Las poblaciones evaluadas se aislaron de raíces de plantas de pimiento sin resistencia de invernaderos en los que no se había cultivado plantas portadoras de resistencia excepto una en la que se reiteró el cultivo de plantas injertadas sobre el porta-injertos Oscos durante dos campañas consecutivas. El material utilizado fue HDA 330 (*Me1/Me1*), HDA 149 (*Me3/Me3*), Terrano (*Me1/me1* Syngenta seeds), Osco (*Me3/me3* de Ramiro Arnedo), Alcos (resistencia parcial) y Lamuyo (sin resistencia). El diseño fue de bloques al azar con cinco repeticiones. Los parámetros cuantificados fueron el índice de agallas, el número de masas de huevos y el porcentaje de plantas afectadas. Los resultados muestran que todas las poblaciones son avirulentas a los genotipos portadores del gen *Me1*, una población afectó a los genotipos portadores del gen *Me3* además de la población aislada del invernadero donde se había cultivado Osco y una parte de las poblaciones infectaron Alcos al mismo nivel que la variedad susceptible.

Área Temática: Gestión de Enfermedades Póster 045

Combinación de la biosolarización en octubre con subproductos agroindustriales e injerto para el control de *Meloidogyne incognita* en pimiento

Victoriano Martínez [1], Adriana Esteban[1], Pedro Fernández[2], Carmen M. Lacasa[1], Ana Cano[3], Carmen Beltrán [3], M. Carmen Martínez[1], Alfredo Lacasa [1], Caridad Ros[1*]

1. Dpto. Protección de Cultivos, IMIDA, C/ Mayor s/n 30150 La Alberca Murcia. 2 Oficina Comarcal Agraria Cieza, Crta de Murcia, s/n 30530 Cieza. Murcia.3. Servicio de Sanidad Vegetal, Ctra. de Mazarrón km 2. El Palmar 30120 Murcia

Se evaluó la combinación de la biosolarización (BS) en octubre empleando torta de colza (TC) o bagazo de cerveza (BC) + estiércol fresco de ovino (EFO) como enmiendas orgánicas y el injerto en porta-injertos portador del gen *Me3* de resistencia a *Meloidogyne incognita*. Los ensayos se realizaron en un invernadero experimental del Campo de Cartagena (Murcia), con el suelo naturalmente infectado de una población de *M. incognita* virulenta a *Me3*. La biosolarización se inició en octubre durando 6 semanas, repitiendo los tratamientos en las mismas parcelas durante dos años consecutivos. El diseño experimental fue de bloques al azar con tres repeticiones, teniendo como referencia la BS con TC y BC+ EFO en agosto y plantas sin injertar y el testigo sin desinfectar ni injertar. La BS en octubre con TC resultó más eficaz que la BS con BC + EFO y similar a la BS con TC en agosto cuando se combina con el injerto. La eficacia de BS con TC en octubre + injerto se ha mantenido estable en el tiempo. La BS con BC + EFO en octubre + injerto resultó menos eficaz que BS con BC + EFO en agosto. En la segunda campaña en la BS con BC+EFO en octubre la incidencia fue similar a la del testigo. La altura de las plantas y la producción en BS con ambas enmiendas en octubre más el injerto fueron similares a las de BS en agosto con las dos enmiendas y plantas sin injertar. La BS con TC en octubre más el injerto ofrece buenas prestaciones para el control del *M. incognita* en el cultivo del pimiento en los invernaderos del Campo de Cartagena.

Área Temática: Gestión de Enfermedades Póster 046

Influencia de pesticidas en el desarrollo de *Trichoderma* spp.

Sara Mayo-Prieto[1*], Alessandra Squarzoni[2], Álvaro Rodríguez-González[1], Alicia Lorenzana[1], Mª Piedad Campelo[1], Guzmán Carro-Huerga[1]; Samuel Álvarez-García[1], Víctor Suárez-Villanueva[1], Santiago Gutiérrez[3], Pedro Antonio Casquero[1]

[1] Grupo Universitario de Investigación en Ingeniería y Agricultura Sostenible (GUIIAS), Instituto de Medio Ambiente, Recursos Naturales y Biodiversidad, Universidad de León, Avenida Portugal 41, 24071 León, España; [2] Scuola di Agraria e Medicina Veterianaria, Università di Bologna - Via Zamboni, 33 - 40126 Bologna; [3] Grupo Universitario de Investigación en Ingeniería y Agricultura Sostenible (GUIIAS), Área de Microbiología, Escuela de Ingeniería Agraria y Forestal, Universidad de León, Campus de Ponferrada, Avenida Astorga s/n, 24401 Ponferrada, España.

Trichoderma es un género de ascomicetes filamentosos que se encuentra entre los hongos saprofitos más aislados. Está presente en la rizosfera de las plantas, apareciendo con frecuencia en el suelo. Éste es oportunista, un simbionte no virulento con la planta y parásito y antagonista de muchos hongos fitopatógenos, así como de plagas, con lo que podría proteger a la planta de distintos factores bióticos. Se utiliza como agente de control biológico, pudiéndose emplear solo o bien con dosis reducidas de productos de síntesis u otros agentes de biocontrol para poder controlar a los organismos que afecten a la planta y así reducir al mínimo el impacto sobre el medio. En este trabajo se han probado, en condiciones *in vitro,* diferentes insecticidas y acaricidas para ver la influencia de los mismos en el desarrollo de los aislamientos *T. harzianum* T019 y *T. virens* T032. Se han utilizado las materias activas: abamectina 1,8%, azufre, deltametrín 1,5%, clorpirifos 48%, imidacloprid 20%, pirimicarb 50% y *Beauveria bassiana*. De dichos productos se ha añadido la dosis comercial al medio patata-dextrosa-agar y se sembrado un disco de micelio de cada aislamiento. Se ha medido en diámetro a los 2, 5 y 7 días tras la siembra. Se ha comprobado que el azufre y *B. bassiana* no afectan al desarrollo de ambos aislamientos. Cuando han estado en contacto con deltametrín y, imidacloprid, ambos aislamientos han reducido su desarrollo en día 2, pero en el último día de medición no han tenido diferencias significativas respecto al control. Sin embargo, abamectina, clorpirifos y pirimicarb reducen significativamente el desarrollo de *Trichoderma* respecto al control.

Área Temática: Gestión de Enfermedades Póster 047

Los hongos entomopatógenos en la protección del girasol: más allá del control de insectos fitófagos

Pedro Miranda-Fuentes*,[1,2], Enrique Quesada-Moraga[1], Leire Molinero-Ruiz[2]

[1] Departamento de Ciencias y Recursos Agrícolas y Forestales, ETSIAM, Universidad de Córdoba. Campus de Rabanales, 14071 Córdoba (España); [2] Instituto de Agricultura Sostenible, CSIC. Alameda del Obispo s/n, 14004 Córdoba (España)

Los hongos entomopatógenos (HE), herramienta habitual en el control biológico de insectos fitófagos que ocasionan daños en los cultivos, tienen además otras funciones ecológicas, como el efecto antagonista de *Metarhizium brunneum* (Mb) y *Beauveria bassiana* (Bb) frente a hongos fitopatógenos. En este trabajo se ha estudiado el efecto de HE frente a la Verticilosis del girasol, causada por *Verticillium dahliae* (Vd). Los objetivos fueron: a) estudiar el efecto de HE sobre el crecimiento de Vd in vitro, b) evaluar la eficacia de HE en el control de la enfermedad. En los ensayos in vitro se enfrentaron seis aislados de Vd contra tres cepas de Mb y dos de Bb en cultivos duales que se incubaron durante un mes. Además de anotarse periódicamente su crecimiento, se determinó al microscopio la naturaleza de la interacción entre las hifas de ambos hongos. El patógeno fue inhibido en diferentes grados dependiendo de la cepa del HE, con valores promedio que oscilaron entre 16,7% (Mb, 01/158) y 42,5% (Bb, 01/33). Se observaron cuatro patrones de interacción: crecimiento del HE sobre Vd, inhibición del HE, inhibición de Vd y ausencia de interacción. La cepa 01/158 de Mb indujo halos de inhibición frente a todos los aislados de Vd; su efecto de antibiosis está siendo estudiado. La capacidad de los HE para controlar la Verticilosis en girasol se está estudiando en invernadero a 25ºC y 14 h de luz. Plántulas de girasol crecidas durante 4 semanas en suelo infestado con HE (las cinco cepas anteriores) se inocularon por inmersión de raíces con un aislado de Vd y se trasplantaron individualmente a macetas. Dado que el experimento está en curso, la evaluación de la enfermedad y las cuantificaciones de las poblaciones de HE en los sustratos se llevarán a cabo en los próximos dos meses.

Área Temática: Gestión de Enfermedades Póster 048

New plant extracts application in the control of phytopathogens in tomato crops

M. Noguera-Manzano, J.J. Ariza, E. González-Gragera, E. Guillamón, A. Baños*

DMC Research Center. Camino de Jayena 82, 8620 - Granada, Spain

Crop diseases and pests control by chemical methods is a common practice in the fruit and vegetable sector. Nevertheless, the European Directive on the Sustainable Use of Phytosanitary Products forces member states to adopt measures to rationalize the use of pesticides in order to reduce pollution problems and consumers health risks due to the presence of residues in fruits and vegetables. This new legal framework prioritize the use of non-chemical pest control methods such us phytosanitary products from vegetables. In this work we have evaluated the effectiveness of two commercial extracts; AGROCu® based on the organosulfur compounds from alliaceae and FLAVONIN® (DOMCA), a citrus extract rich in flavonoids.

Firstly, in vitro assays (agar diffusion and determination of Minimum Bactericidal Concentration) were performed to assess the antimicrobial efficacy of products against a wide variety of pathogens. Both products showed an important antimicrobial activity against *P. syringae, C. michiganensis, B. cinerea, F. oxysporum, A. dauci and P. fulva.*

Finally, resistance tests to infections in hydroponic cultures of *Solanum lycopersicum* have been carried out, demonstrating a significant protective effect of both products against *F. oxysporum* and *P. syringae*. The best results were provided by citrus extract with a survival percentage of almost 90% against *F. oxysporum*. In the case of *P. syringae* infection, the degree of protection of both products was very similar, with survival rates above 40% over the controls. Based on these results we can conclude that extracts rich in organosulfur compounds and cito-flavonoids are presented as a natural alternative for the control of infectious pathologies in tomato crops.

Acknowledgment; project HORTOVITALIS FEDER-Innterconecta Program

Área Temática: Gestión de Enfermedades Póster 049

Estudios sobre el control del corazón negro de la granada causado por *Alternaria alternata*

Antonio Vicent[1*], Julian Bartual[2], Jose Luis Mira[1], Victoria Beltrán[2], Lluís Palou[3]

[1]Centre de Protecció Vegetal i Biotecnologia, Institut Valencià d'Investigacions Agràries (IVIA), Carretera CV-315, Km. 10'7, 46113 Moncada. [2]Estació Experimental Agrària d'Elx, Servei de Transferència de Tecnologia, Conselleria d'Agricultura, Medi Ambient, Canvi Climàtic i Desenvolupament Rural. [3]Laboratori de Patologia, Centre de Tecnologia Postcollita (CTP), Institut Valencià d'Investigacions Agràries (IVIA), Carretera CV-315, Km. 10'7, 46113 Moncada.

El corazón negro de la granada, causado por *Alternaria alternata*, se ha descrito recientemente en España afectando a cultivares de frutos rojos como 'Wonderful' y 'Acco'. El hongo establece infecciones latentes en las flores en primavera e induce posteriormente la pudrición interna del fruto. De 2014 a 2016 se realizaron ensayos de campo en las provincias de Alicante y Valencia para el control del corazón negro en parcelas de granada 'Wonderful'. Se ensayaron los fungicidas piraclostrobin, difenoconazol, tebuconazol, boscalida, ciflufenamid, fluopiram, clortalonil, mancozeb y oxicloruro de cobre, así como también los agentes de biocontrol *Thichoderma* spp. y *Bacillus subtilis*. Se realizaron cuatro aplicaciones en el mes de mayo coincidiendo con el estadio fenológico BBCH 61 (flores abiertas). En 2014-2015 se realizaron aplicaciones al árbol completo y en 2015-2016 directamente a las flores con un pulverizador manual. Los frutos se recolectaron en septiembre- octubre, se cortaron ecuatorialmente en dos mitades y se evaluó la incidencia de la podredumbre interna. Los datos de incidencia se analizaron mediante regresión logística, utilizando el testigo sin tratar como el nivel de referencia para calcular el odds-ratio de cada tratamiento. Cuando se aplicaron al árbol completo, ninguno de los fungicidas o agentes de control biológico redujeron significativamente ($P>0.05$) la incidencia de la enfermedad respecto al testigo sin tratar. Cuando se aplicaron directamente a las flores, solo piraclostrobin redujo significativamente la incidencia de corazón negro ($P< 0.01$). La floración escalonada del granado y la baja eficiencia de los actuales sistemas de aplicación de fungicidas dificultan notablemente en control de la enfermedad.

Área Temática: Gestión de Enfermedades Póster 050

Efecto de fluazinam sobre oomicetos y hongos patógenos y no patógenos habitantes en suelo del cultivo de aguacate: *Phytophthora cinnamomi, Rosellinia necatrix, Entoleuca sp*. Y *Neofusicoccum sp*.

Juan Manuel Arjona-López, Isabel Arjona-Girona, Carlos José López-Herrera*

Departamento de Protección de Cultivos, Instituto de Agricultura Sostenible, C.S.I.C. C/Alameda del Obispo s/n, Apartado 4084, Córdoba.

Las podredumbres radiculares en el cultivo de aguacate son causadas por el ascomiceto patógeno *Rosellinia necatrix* y el oomiceto patógeno *Phytophthora cinnamomi*, causando graves problemas en plantaciones de la costa sur de España. También se encuentran en la rizosfera de este cultivo en la provincia de Málaga otros novedosos hongos antagonistas (NHA) como *Entoleuca sp*. que ejerce un efecto biocontrol sobre patógenos de suelo y *Neofusicoccum sp*. como un patógeno causante de enfermedades emergentes como la seca de ramas. Una herramienta de control para solucionar las amenazas provocadas por estos patógenos, puede ser la combinación de fungicida junto con NHA. Se evaluó el efecto *in vitro* de Fluazinam (0; 0.01; 0.05; 0.1 y 0.5 mg/L) sobre el crecimiento de nueve aislados de *R. necatrix*, *P. cinnamomi*, *Entoleuca sp*. y *Neofusicoccum sp*. Además, se estudió *in vitro* el efecto combinado de 4 aislados de *Entoleuca sp*. como NHA junto con fungicida (0, 0.01 y 0.05 mg/L) sobre *R. necatrix* y *P. cinnamomi*. También el efecto de estos NHA sobre *Neofusicoccum sp*. Fluazinam comienza a inhibir *in vitro* el crecimiento de forma notable para todos los patógenos a dosis superiores a 0,05 mg/L. Fluazinam afecta al crecimiento de NHA pero a la dosis de 0,01 mg/L existen dos aislados que se muestran tolerantes al efecto del fungicida. *Entoleuca sp*. por sí solo reduce el crecimiento significativamente de *R. necatrix*, *P. cinnamomi* y *Neofusicoccum sp*. Al añadir dosis del fungicida hay un efecto variable en cuanto al crecimiento ya que para algunos aislados de *R. necatrix* se reduce al aumentar la dosis y para otros no hay reducción. En la actualidad se están realizando las pruebas del efecto combinado de fungicida con NHA sobre *P. cinnamomi*. La combinación de fungicida a dosis bajas junto con NHA, son una herramienta de control integrado para reducir los patógenos que afectan al cultivo de aguacate.

Área Temática: Gestión de Enfermedades Póster 051

Control integrado mediante la combinación de métodos biológico y químico para el control de la podredumbre blanca en aguacate

Juan Manuel Arjona-López[1], Sandra Tienda[2], Isabel Arjona-Girona[1], Francisco Manuel Cazorla[2], Carlos José López-Herrera[*1]

[1] Departamento de Protección de Cultivos, Instituto de Agricultura Sostenible, C.S.I.C. C/Alameda del Obispo s/n, Apartado 4084, Córdoba; [2] Instituto de Horticultura Subtropical y Mediterránea "La Mayora", Consejo Superior de Investigaciones Científicas (IHSM-UMA-CSIC), Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias, Universidad de Málaga. Campus de Teatinos s/n, 29071 Málaga, España.

En este trabajo se ha pretendido obtener una combinación del empleo químico del fungicida Fluazinam y el biológico con Rizobacterias (*Pseudomonas chlororaphis* y *Bacillus subtilis*) para controlar la Podredumbre blanca de raíz en aguacate, reduciendo a la mínima dosis efectiva el fungicida sin afectar a la rizobacteria. En el congreso SEF 2016 se describió la eficacia del fungicida combinada con rizobacterias sobre 9 aislados de *R. necatrix* no provocando inhibición sobre ninguna cepa de rizobacterias. Recientemente, se han realizado dos experimentos en plantas de aguacates de 4 meses de edad en condiciones controladas de invernadero. En un primer experimento se empleó una dosis del fungicida de 0.01% con tres cepas de rizobacterias y un aislado de *R. necatrix* (Rn400). El fungicida aislado ejerció una alta eficacia sobre *R. necatrix*, las tres cepas bacterianas controlaron significativamente la enfermedad destacando la 1606 y la combinación de ambos (fungicida + rizobacterias) tuvieron el mismo comportamiento que el fungicida por sí solo, por lo que se diseñó un segundo experimento reduciendo la dosis del fungicida. Se utilizó una dosis de Fluazinam de 0.001%, junto con las mismas tres cepas de rizobacterias y el aislado Rn400. Para este caso, las bacterias continúaron ejerciendo biocontrol sobre *R. necatrix* de forma significativa y la dosis 0.001% mejoró el control de las rizobacterias. Con la combinación de ambos, dos cepas bacterianas (1606 y 1601) junto con Fluazinam, mejoraron el efecto del fungicida por sí solo. Con lo cual, se ha demostrado que se ejerce un control integrado mediante la sinergia del fungicida y rizobacterias reduciendo 100 veces la dosis de Fluazinam utilizada en campo (0.1%), y obteniendo una alternativa de control eficaz sobre la podredumbre blanca del aguacate.

Área Temática: Gestión de Enfermedades Póster 052

Caracterización y biocontrol de novedosos hongos antagonistas sobre la podredumbre blanca del aguacate

Juan Manuel Arjona-López, Carlos José López-Herrera*

Departamento de Protección de Cultivos, Instituto de Agricultura Sostenible, C.S.I.C. C/Alameda del Obispo s/n, Apartado 4084, Córdoba.

La podredumbre blanca (PB) de raíz es una enfermedad causada por el hongo ascomiceto *Rosellinia necatrix*, que afecta al cultivo de aguacate en la zona de la costa subtropical de las provincias de Málaga y Granada. Al ser un inóculo endémico de la zona y su difícil control hacen que sea uno de los mayores problemas que se encuentran los agricultores. Por lo que una alternativa al control químico y físico son las nuevas herramientas de biocontrol como los novedosos hongos antagonistas (NHA). Entre los años 2016 y 2017 se han aislado 31 posibles NHA mediante brotes trampa, enterrados en suelo alrededor de árboles escape. Estos aislados se han identificado tanto de forma morfológica como molecular como pertenecientes al género *Entoleuca sp*. dentro de la misma familia que *R. necatrix*, es decir, Xylariaceae. Tras su identificación se han realizado pruebas de crecimiento *in vitro* a diferentes temperaturas (15 °C, 20 °C, 25 °C, 30 °C y 35 °C), se han determinado los grupos de compatibilidad micelial (GCM) mediante cultivos duales de aislados procedentes del mismo brote trampa y del mismo árbol y se ha evaluado el efecto *in vitro* de cada uno de estos NHA sobre el crecimiento de un aislado patogénico de *R. necatrix* (Rn400) mediante cultivos en celofán. En general, el óptimo de temperatura ha sido 25°C para todos los aislados de NHA, mostrando un menor crecimiento a temperaturas más bajas que ésta y paralizando su crecimiento a 35 °C. La mayoría de estos aislados que proceden del mismo brote y árbol forman barreras de incompatibilidad. Todos los aislados ejercen biocontrol *in vitro* sobre el aislado Rn 400. Actualmente se está evaluando los GCM de NHA procedentes de árboles y fincas distintas, y su posible control sobre la PB en plantas de aguacate.

Área Temática: Gestión de Enfermedades Póster 053

La resistencia al *Tomato leaf curl New Delhi virus* (ToLCNDV) en calabaza (*Cucurbita moschata*) está controlado por un QTL mayor localizado en el cromosoma 8.

Cristina Sáez[1], Cecilia Martínez[1], Cristina Esteras[1], María Ferriol[2], Javier Montero-Pau[1], José Blanca[1], Joaquín Cañizares[1], Carmelo López[1*], Belén Picó[1*]

Instituto de Conservación y Mejora de la Agrodiversidad Valenciana (COMAV-UPV), Universitat Politècnica de València, Valencia. [2] *Instituto Agroforestal Mediterráneo, Universitat Politècnica de València, Valencia.*

El virus del rizado de la hoja del tomate de Nueva Delhi (*Tomato leaf curl New Delhi virus*, ToLCNDV), es un begomovirus bipartito identificado en España durante la campaña 2012-2013. ToLCNDV causa daños importantes en los cultivos de la familia de las cucurbitáceas, principalmente calabacín (*Cucurbita pepo*) y melón (*Cucumis melo*). Aunque con menor impacto económico, también afecta a otras especies del género *Cucurbita*, tales como *C. maxima* y *C. moschata*.

En un trabajo anterior se cribó una colección de entradas de diferentes especies del género *Cucurbita* y únicamente se identificó resistencia en la especie *C. moschata,* siendo todas las entradas de *C. pepo* altamente susceptibles. Para estudiar el control genético de la resistencia, dos entradas resistentes (R) se cruzaron entre sí, y con un control altamente susceptible (S). Los híbridos F_1 derivados del cruzamiento entre las entradas R x R fueron asintomáticos, mientras que los derivados de los cruzamientos entre las entradas R x S se comportaron como el parental susceptible. Estos híbridos se autofecundaron y retrocruzaron hacia ambos parentales para obtener las poblaciones F_2, BC_{1R} y BC_{1S}. Las poblaciones se fenotiparon por severidad de síntomas y contenido viral (qPCR) y se genotiparon con un panel de marcadores de SNPs repartidos por todo el genoma. Se encontró un QTL en el cromosoma 8 de *C. moschata* que controla la resistencia a ToLCNDV. Esa región es sinténica con el QTL del cromosoma 11 que controla la resistencia a ToLCNDV en melón (Sáez *et al*., 2018, Plant Cell rep. 36:1571–1584). La resistencia derivada de *C. moschata* y los SNP seleccionados se están empleando para obtener nuevos cultivares resistentes de *C. moschata* y calabacín, puesto que *C. moschata* es parcialmente compatible con *C. pepo*.

Agradecimientos al INIA y a la Unión Europea (FEDER) por financiar los proyectos E_RTA2013- 00020-C04-03, y RTA2017-00061-C03-03 y a la Generalitat Valenciana por financiar el proyecto Prometeo 2017/078.

Área Temática: Gestión de Enfermedades Póster 054

Bacterial consortium interactions in the rhizosphere of different model plants

Carmen Vida*, Sandra Tienda, Antonio de Vicente and Francisco M. Cazorla.

Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea "La Mayora (IHSM - UMA- CSIC). Departamento de Microbiología, Universidad de Málaga. Málaga, Spain

Induced microbial soil community after organic amendment, have a key role in suppressiveness against avocado white root rot (WRR) caused by the fungus *Rosellinia necatrix*. This suppressive phenotype is the result of the soil microorganisms activities where different kind of interactions could take place. In this study, a bacterial synthetic community, formed by previously isolated biological control agents against *R. necatrix*, have been designed in order to improve the knowledge of the multitrophic interactions that occur during biological control process.

Stability and compatibility among the members of this artificial consortium have been confirmed, and the production of compounds with importance in microbial communication and antifungal activity will be studied. Furthermore, roots visualization assays will reveal the colonization pattern of the synthetic community and the stability of the bacterial consortium along the roots of different model plants. Additionally, plant assays will be used in order to check the biological control activity, plant growth promotion and induced tolerance to different abiotic stress.

Finally, transcriptomic experiments directed to analyze the RNA sequences from microbial consortium interactions on avocado roots would be carried out to better understand the microbial ecology of the synthetic bacterial consortium.

This work was supported by Plan Nacional I+D+I (MINECO, Spain; AGL2014-52518-C2-IR) and co- financed by FEDER funds (EU). C. Vida was supported by a PhD fellowship from the FPI program of MINECO.

Área Temática: Gestión de Enfermedades Póster 055

Xanthomonas citri subsp. *citri* y *Xanthomonas arboricola* pv. pruni, causantes de la cancrosis de los cítricos y la mancha bacteriana de la fruta de hueso y almendro: diferencias en algunos aspectos relacionados con los primeros estadíos de infección

Pilar Sabuquillo[1], Marta Sena-Vélez[1,2], María Salazano[3], Jerson Garita-Cambronero[1,4], Paola Caruso[3], Jaime Cubero[1]

[1]*Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria (INIA), Madrid, España.*

[2]*Department of Biological Science, Florida State University, Biology Unit I, Tallahassee, USA.*

[3]*Consiglio per la ricerca in agricoltura e l'analisi dell'economia agraria, Centro di Olivicoltura, Frutticoltura e Agrumicoltura, Italia.* [4]*Centro de Investigación de Biocombustibles y Bioproductos, Instituto Tecnologico Agrario de Castilla y Leon (ITACyL), Villarejo de Orbigo, España.*

Xanthomonas arboricola pv. *pruni* (Xap) y *Xanthomonas citri* subsp. *citri* (Xcc) causan la cancrosis de los cítricos y la mancha bacteriana de los frutales de hueso y el almendro. Ambas enfermedades se producen en especies leñosas y están caracterizadas por la aparición de lesiones en ramas, frutos y hojas. Aunque presentan características similares por ser producidas por especies del género *Xanthomonas*, se trata de enfermedades con tipologías diferentes. En este trabajo se presentan algunos resultados obtenidos en relación a mecanismos iniciales de infección que podrían definir aspectos como la virulencia o lq gama de huésped de estas bacterias. Nuestros resultados indican que tanto Xcc como Xap son capaces de formar biopelículas aunque de forma diferente, mientras Xcc preferiblemente forma agregados ante bajas concentraciones de nutrientes, en el caso de Xap, la agregación se favorece en condiciones de crecimiento y alta concentración de los mismos. Xcc forma más biopelícula en un medio que mimetiza el apoplasto de la planta, justo al contrario que Xap. Los resultados son concordantes con la diferente finalidad que parecen tener las biopelículas en cada uno de los modelos; mientras que en Xcc éstas serían el desencadenante de los mecanismos de infección en el interior del tejido vegetal, en el caso de Xap estarían más relacionadas con la supervivencia de la bacteria en la superficie de la hoja. Estos resultados coincidirían con el distinto comportamiento de estas bacterias en la superficie vegetal; Xap parece ser una bacteria con una fase epifita clara mientras que Xcc sobrevive con dificultad en este ambiente y dicha fase no es estrictamente necesaria para el desarrollo de la enfermedad. Este trabajo ha sido financiado por los proyectos ERA67-ORPRAMED-INIA y RTA2014-00018 MINECO (cofinanciados por FEDER)

Área Temática: Gestión de Enfermedades Póster 056

Mecanismos implicados en la eficacia del compost de orujo de vid para el control de la Verticilosis del olivo.

Antonio Mulero-Aparicio*, Fco. Javier López-Escudero, Mario González, Antonio Trapero.

Grupo de Patología Agroforestal, Departamento de Agronomía, Universidad de Córdoba, Campus Universitario de Rabanales, Edificio Celestino Mutis (C4), 14071 Córdoba, España.

En estudios previos en los que se evaluó la eficacia de más de 200 productos de origen natural contra *V. dahliae*, una enmienda orgánica a base de compost de orujo de vid (COV) resultó ser uno de los más efectivos. El objetivo de este trabajo es determinar los mecanismos implicados en la acción supresiva del COV sobre *V. dahliae*. A partir de dicho compost se obtuvieron varios extractos y tés y se aislaron un total de 10 cepas fúngicas y 18 cepas bacterianas. Con los microorganismos aislados del COV se realizó un ensayo de cultivos duales y se evaluó el efecto de los compuestos orgánicos volátiles en el crecimiento micelial de *V. dahliae.* Con el COV y los distintos extractos y microorganismos se evaluó la eficacia en la viabilidad de los microesclerocios de *V. dahliae* en suelo naturalmente infestado. Además, se realizó un ensayo *in-vivo* para evaluar la eficacia de los distintos tratamientos frente a la Verticilosis del olivo en condiciones controladas mediante la inoculación artificial de plantones de olivo con un aislado virulento de *V. dahliae*. Por último, se realizó una enmienda con el COV en suelo naturalmente infestado para estudiar el efecto en la reducción de inóculo y en el progreso de la enfermedad en condiciones semi-controladas. Varias cepas bacterianas mostraron una reducción significativa del crecimiento micelial del patógeno por antibiosis, llegando a inhibir el 100% en el caso de una cepa de *Pseudomonas fluorescens*. El COV redujo significativamente el progreso de la enfermedad en condiciones controladas y semi-controladas, donde además redujo la densidad de inóculo en suelo. Los datos obtenidos indican que el efecto supresivo del COV se debe a una combinación de sus propiedades químicas y a la presencia de microorganismos que compiten por espacio y nutrientes a la vez que producen compuestos que inhiben la actividad del patógeno.

Área Temática: Gestión de Enfermedades Póster 057

Interacción entre la cepa no patogénica de *Fusarium oxysporum* "FO12" y *Verticillium dahliae* en huéspedes herbáceos y en olivo.

Antonio Mulero-Aparicio*, Mª del Carmen Raya-Ortega, Fco. Javier López-Escudero, Antonio Trapero.

Grupo de Patología Agroforestal, Departamento de Agronomía, Universidad de Córdoba, Campus Universitario de Rabanales, Edificio Celestino Mutis (C4), 14071 Córdoba, España.

La cepa no patogénica de *Fusarium oxysporum* FO12 ha sido estudiada como agente de biocontrol frente a la Verticilosis del olivo, mostrando una alta eficacia tanto en condiciones controladas como en semi-controladas. El objetivo de este trabajo es estudiar los mecanismos de acción presentes durante la interacción entre *Verticillium dahliae* y la cepa FO12. Se realizó un ensayo en condiciones controladas donde se trataron plantas de algodón, berenjena, lechuga y tomate con FO12. Posteriormente, las plantas se inocularon con el patógeno. Para estudiar mecanismos de inducción de resistencia se realizó un ensayo con plantas de olivo con la raíz dividida. Una de las raíces se trató con FO12 y la otra se inoculó con *V. dahliae* en diferentes tiempos: al mismo día del tratamiento con FO12, a los 7 y a los 15 días. En ambos ensayos se incluyeron plantas inoculadas sólo con FO12 o con el patógeno como controles y se realizaron aislamientos microbiológicos para confirmar la presencia de FO12 y/o del patógeno. Se tomaron muestras para cuantificación con qPCR y se evaluó el progreso de la enfermedad. En el ensayo con plantas herbáceas, las plantas inoculadas sólo con *V. dahliae* mostraron síntomas de enfermedad, mientras las tratadas con FO12 no. El aislamiento del patógeno fue más consistente en las plantas inoculadas sólo con *V. dahliae* que en las plantas tratadas previamente con FO12, indicando un efecto protector de dicha cepa frente al patógeno. En el ensayo con olivo, se observó la presencia tanto de FO12 como de *V. dahliae* en el tallo de las plantas. La presencia del patógeno fue más consistente en las plantas inoculadas con *V. dahliae* a los 15 días después de ser tratadas con FO12, lo que indica que el agente de biocontrol es más efectivo si comparte el mismo espacio en la rizosfera con *V. dahliae* aunque no se descarta un efecto de inducción de resistencia.

Área Temática: Gestión de Enfermedades Póster 058

Manejo del riesgo de resistencia a fungicidas

Beatriz Beroiz*, Jesús Jiménez-Ruiz, Elena Gutiérrez-Martín, José Luis Alonso-Prados

Unidad de Productos Fitosanitarios (UPF) - DTEVPF. Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria (INIA), Ministerio de Economía, Industria y Competitividad, 28040-Madrid, España

Los productos fitosanitarios (PPFF) son una herramienta más en la protección de los cultivos, garantizando la producción sostenible de alimentos. Los requisitos de datos que se exigen para el registro de PPFF se recogen en el Reglamento (UE) 284/2013 de conformidad con el Reg. (CE) 1107/2009 relativo a la comercialización de los PPFF que hace referencia a los PPFF químicos y a base de microorganismos. Su objetivo es regular la autorización de los PPFF exigiendo que se cumplan una serie de condiciones sobre eficacia, ausencia de fitotoxicidad, seguridad para las personas, animales y el medio ambiente, entre otros.

Recientemente, el Ministerio de Agricultura y Pesca, Alimentación y Medio Ambiente ha publicado la encuesta sobre comercialización de los PPFF en España para el año 2016. Por sexto año consecutivo, los fungicidas han sido los más utilizados (50,5%) del total de PPFF. Esta encuesta es una herramienta fundamental dentro del Plan de Acción Nacional para el uso sostenible de PPFF desarrollado según el Real Decreto 1311/2012 que establece el marco de actuación para conseguir un uso sostenible de los PPFF y fomentar la gestión integrada de plagas.

Sin embargo, la disminución de la disponibilidad de fungicidas en el mercado supone un problema para la agricultura por el riesgo potencial de aparición de resistencias. Según la FRAC (Fungicide Resistance Action Committee) actualmente hay 230 fungicidas (64 modos de acción (MoA)). Debemos alcanzar un equilibrio entre pérdida y uso de fungicidas con diferentes MoA, para identificar enfermedades con problemas de control a corto y medio plazo, incluyendo las que no puedan contenerse por otros medios de defensa disponibles (art. 4.7) incluidos los de índole no química, información que se evalúa según el protocolo de EFSA de 2017.

Área Temática: Gestión de Enfermedades Póster 059

E f e c t o in vitro de formulados fungicidas sobre aislados de *Phytophthora capsici procedentes de pimiento y calabacín*

Pérez-Muñoz, M.C. [1], Ayala-Doñas, A. [1], Badillo-López, E.[2], Fernández-Plaza, M. [1], de Cara, M.[1*]

[1]*IFAPA. Centro La Mojonera. 04745, Almería.* [2]*Universidad Autónoma Chapingo, CP 56230, México.*

Se estudió la eficacia *in vitro* de ocho formulados fungicidas comerciales, frente a cuatro aislados de *Phytophthora capsici*, obtenidos de plantas de calabacín y pimiento de invernaderos de la provincia de Almería. Se evaluó la inhibición del crecimiento radial (ICR) de las colonias de los aislados en medio agar-V8, adicionado con las dosis mínima y máxima recomendadas de cada fungicida por separado, respecto al crecimiento de las colonias en agar-V8 sin adicionar. También se analizó la capacidad de las colonias expuestas a los formulados, para producir esporangios con zoosporas móviles. Adicionalmente, se comprobó la acción de los fungicidas disueltos a modo de caldo de aplicación, directamente sobre zoosporas emergidas de esporangios en agua estéril. La respuesta de los aislados a los fungicidas se clasificó como: Sensible, >70% ICR; Moderadamente sensible, 10-70% ICR; Insensible, 0-10% ICR. Los cuatro aislados de *P. capsici* resultaron sensibles a los formulados de oxicloruro de cobre, etridiazol, azoxistrobin, fosetil-Al, y a 3 formulados diferentes con *Trichoderma*. Por otro lado, se mostraron moderadamente sensibles al formulado de propamocarb, con valores para la dosis máxima que no superaron una ICR=68%. Oxicloruro de cobre y etridiazol fueron fungicidas incluso a las dosis mínimas, mientras que el resto de formulados actuaron como fungistáticos.

Proyecto RTA2014-00078-00-00, financiado por INIA y FEDER 2014-2020 "Programa Operativo de Crecimiento Inteligente".

Área Temática: Gestión de Enfermedades Póster 060

Cultivo de la fresa: eficacia de tratamientos de desinfestación de suelo en el control de poblaciones de *Macrophomina phaseolina* y *Fusarium* spp.

B. De los Santos[1*], L. Miranda[1], J.A. Gómez-Mora[1], A. Aguado[1] y J.J. Medina[2]

[1] *Centro IFAPA Las Torres, Apdo. Oficial, 41200 Alcalá del Río, Sevilla.*

[2] *Centro IFAPA Huelva, c/ Julio Caro Baroja s/n, 21002 Huelva*

Durante la campaña 2016-17, se ha estudiado la eficacia de diferentes tratamientos de desinfestación en el control de *Macrophomina phaseolina* y especies de *Fusarium*, así como su influencia en parámetros agronómicos. Los tratamientos incluyeron distintos fumigantes, y formas de aplicación, y se compararon con un tratamiento de biosolarización, técnica mixta de biofumigación, en este caso con gallinaza, y solarización. El ensayo se realizó en una finca situada en el término municipal de Palos de la Frontera, cuyos suelos no han sido desinfestados con bromuro de metilo u otro desinfestante químico desde 2008, fecha desde la que se superponen tratamientos de similares características en cada parcela elemental. El diseño experimental fue de bloques al azar con 3 repeticiones y un tamaño de parcela elemental de 80 m^2. Se tomaron muestras de suelo antes y después de la aplicación de los tratamientos, coincidiendo con la plantación. Todos los tratamientos disminuyeron significativamente la población de *Fusarium* spp. con respecto al control no tratado, siendo el tratamiento con biosolarización tan eficaz como los tratamientos químicos. Sólo el tratamiento con 1,3 dicloropropeno:cloropicrina disminuyó de forma significativa la densidad de inóculo de *M. phaseolina*. Los rendimientos fueron similares en todas las parcelas tratadas.

Proyecto PP.AVA.AVA201601.10 con 80% financiación del Fondo Europeo de Desarrollo Regional, "Programa Operativo FEDER de Andalucía 2014-2020”.

Área Temática: Gestión de Enfermedades Póster 061

Incidencia de patógenos fúngicos en variedades de fresa cultivadas en suelo biosolarizado

B. de los Santos[1], L. Miranda[1], A. Aguado[1], J.A. Gómez-Mora[1], C. Soria[2] y J.J. Medina[3]

[1] Centro IFAPA Las Torres, Apdo. Oficial, 41200 Alcalá del Río, Sevilla; [2] Centro IFAPA Churriana, Cortijo de la Cruz, Churriana, Málaga; [3] Centro IFAPA Huelva, c/ Julio Caro Baroja s/n, 21002 Huelva

El cultivo de frutos rojos es un motor económico y social esencial para la provincia de Huelva, con casi 13.000 ha bajo plástico dedicadas a los mismos, correspondiendo 6.545 ha a fresa. El sector fresero de Huelva apuesta por la ampliación del mapa varietal, de una única variedad 'Camarosa' en el 2000, hasta las más de cuarenta en la actualidad. Es necesario incrementar el conocimiento sobre el comportamiento de variedades en las condiciones de cultivo de la provincia. En la campaña 2016-17, se llevó a cabo un ensayo de campo en la Finca Experimental El Cebollar (Moguer, Huelva). El suelo fue desinfestado mediante biosolarización con estiércol fresco de pollo. El diseño experimental fue de bloques al azar con tres repeticiones. Se evaluó la mortalidad acumulada y la incidencia de patógenos fúngicos en doce variedades comerciales de fresa procedentes de distintos Programas de Mejora. En todas las variedades se observó decaimiento y muerte de plantas, pero los patógenos aislados difirieron entre variedades. La tasa de mortalidad más baja (inferior al 5%) se observó en plantas de las variedades 'Flaminia' y 'Primoris'. Las pérdidas de planta se debieron principalmente a *Macrophomina phaseolina*, con una incidencia entre el 80% de las plantas sintomáticas, en el caso de 'Melissa', y el 55% de 'Primoris', siendo más tolerantes a podredumbre carbonosa 'Rabida', 'Flaminia', 'Flavia' y 'Marquis'. En distintos porcentajes, según variedades, se detectaron: *Colletotrichum acutatum*, *Pestalotiopsis clavispora*, *Fusarium* spp., *Phoma* spp., *Rhizoctonia solani* y *Pythium* spp. Este trabajo incrementa el conocimiento sobre la tolerancia de variedades de fresa a las enfermedades ocasionadas por hongos en condiciones de campo.

Proyecto PP.AVA.AVA201601.10 con 80% financiación del Fondo Europeo de Desarrollo Regional, "Programa Operativo FEDER de Andalucía 2014-2020".

Área Temática: Gestión de Enfermedades Póster 062

Incidencia de la marchitez tardía del maíz (*Zea mays* L.) causada por *Cephalosporium maydis* y *Fusarium* spp. en variedades de maíz en la provincia de Sevilla.

A. Aguado*, M. Aguilar, B. De los Santos, F. Perea, A. Espinosa, J.L. Fernández y M. Aguilar

Centro IFAPA Las Torres, Apdo. Oficial, 41200 Alcalá del Río, Sevilla.

El cultivo de maíz en Andalucía es de gran importancia económica y social, con una superficie de 16.235 ha en la campaña 2017. La zona tradicional de cultivo de este cereal está situada en el Valle del Guadalquivir, con unas 12.085 ha sembradas, que representan el 74,4% del total de Andalucía. La provincia que más superficie se cultiva de maíz es Sevilla con 8.158 ha, el 67,5% del total del Valle. Es de gran relevancia para este cultivo conocer los agentes causales de la marchitez tardía que se produce en el mes de julio, cuando las plantas están en un estado pastoso temprano, con un 40% de humedad en el grano (BBCH), así como conocer el comportamiento varietal respecto a este síntoma en las condiciones de cultivo de Andalucía y en concreto en la provincia de Sevilla. En la campaña de 2017, se evaluó la marchitez tardía en un ensayo realizado en Alcalá del Río (Sevilla), con un diseño experimental en bloques al azar con tres repeticiones. Se estimó la incidencia de este síntoma en veinte variedades comerciales de maíz. La tasa de marchitez más baja fue del 0% en las variedades 'Calgary', 'Hatary' y 'DKC 6532' y la mas alta del 76% en la variedad 'PR32W86'. Este síntoma fue debido principalmente a *Cephalosporium maydi* con una incidencia del 86,84%, *C. maydis* y *Fusarium* spp. del 5,26%, *C. maydis* y *Macrophomina phaseolina* del 2,63% y *Fusarium* spp. del 5,26%, de la valoración total de plantas. Estos hongos se aislaron del primer y segundo entrenudo del tallo, de un total de 38 plantas de distintas variedades y repeticiones con síntomas de marchitez. El objetivo de este trabajo es ampliar el conocimiento sobre las enfermedades fúngicas en condiciones de campo y la tolerancia a las mismas de las diferentes variedades de maíz.

Proyecto PP.AVA.AVA2016.17 con 80% financiación del Fondo Europeo de Desarrollo Regional, "Programa Operativo FEDER de Andalucía 2014-2020".

Área Temática: Gestión de Enfermedades Póster 063

Efecto de nuevos activadores sobre la resistencia a enfermedades de la vid

Rafael Roda[1], Fco. Javier Castaño[1], Ariadna Marmol[1], Laura Martín[1,2*]

[1]Fundació Parc Tecnològic del Vi (VITEC), Ctra. de Porrera km 1, 43730 Falset, Tarragona (España); [2]Área de Fitopatología. Centro de Investigaciones Científicas y Tecnológicas de Extremadura (CICYTEX). Instituto de Investigaciones Agrarias Finca La Orden-Valdesequera 06187 Guadajira, Badajoz (España).

Las enfermedades de la madera de la vid (EMV) constituyen la principal preocupación del sector vitivinícola en materia de sanidad vegetal. Las EMV están causadas por especies de hongos que infectan la madera y provocan un decaimiento progresivo, ocasionando finalmente la muerte de la planta. No existen fungicidas para la completa erradicación de los patógenos. El objetivo de este trabajo fue determinar el efecto de tres nuevos productos sobre la resistencia de la vid a las EMV. Para ello se estableció un viñedo experimental y la mitad de las plantas fueron artificialmente inoculadas con los patógenos *Diplodia seriata* y *Phaeocremonium minimum*, causantes de EMV. En todos los casos los productos fueron aplicados vía radicular, siguiendo las instrucciones del proveedor y fueron comparadas con un control (no tratado). El ensayo siguió un diseño en bloques con dos repeticiones y tres plantas por bloque. Se incluyeron ocho condiciones de estudio. Se determinaron los síntomas de EMV, el crecimiento y desarrollo, la respuesta fisiológica (fotosíntesis, transpiración y conductancia estomática) y el grado de infección, por re-aislamiento de los patógenos en medio de cultivo. Las plantas inoculadas no tratadas mostraron un menor desarrollo y disminuyeron la actividad fotosintética. El porcentaje de infección por *D. seriata* fue menor en todas las plantas tratadas. Los productos 2 y 3 inhibieron completamente la infección por *P. minimum*.

Área Temática: Gestión de Enfermedades Póster 064

Evaluación de aceite esencial de clavo frente a *Fusarium oxysporum* (*in vitro*) y de aceite esencial de canela en planta de judía frente a hongos oportunistas

Celia Villaolmillos Abarquero[1], Raul Santamaria Cantero[1], Ana M. Arribas Fernández[2], Fernando M. Alves Santos[2*]

[1]*Instituto de Enseñanza Secundaria Trinidad Arroyo, c/ Filipinos s/n 34004, Palencia, España.*
[2]*Departamento de Producción Vegetal y Recursos Forestales. ETS Ingenierías Agrarias de Palencia / Instituto Universitario de Investigación en Gestión Forestal Sostenible (iuFOR). Universidad de Valladolid. Avenida de Madrid 57, 34071 Palencia, España.*

La incidencia de hongos oportunistas provoca severas pérdidas en numerosas especies cultivadas tanto durante el cultivo como en el producto recolectado. El Real Decreto 1311/2012, por el que se establece el uso sostenible de los productos fitosanitarios indica que los métodos biológicos deben primar sobre otras alternativas químicas y por esta razón trabajamos en esta línea de investigación como una aproximación al desarrollo de productos potencialmente aplicables en control biológico.

En trabajos anteriores hemos obtenido resultados muy prometedores de aceites esenciales vegetales en las pruebas in vitro y pretenderemos refrendar la eficacia del aceite esencial de sándalo en el control biológico de *Fusarium* y la eficacia del aceite esencial de canela contra los hongos *Fusarium*, *Botrytis* y *Penicillium* en pruebas realizadas sobre judías.

Para los ensayos *in vitro*, se aplicaron siete dosis distintas de aceite de sándalo de entre 30 y 3000 ppm (partes por millón) en placas Petri. Para los ensayos *in vivo*, se realizaron dos tratamientos el primero con una dosis de aceite de canela de 300ppm sobre las semillas y otro con una segunda aplicación una semana más tarde.

Los resultados de los ensayos *in vitro* mostraron la eficacia de las dosis más altas para evitar el crecimiento de los hongos. Se observa una tendencia irregular en las dosis más altas que ya habíamos encontrado previamente.

Por otro lado, en un esfuerzo por buscar diferentes alternativas en la aplicación de los aceites esenciales hemos encontrado que sobre plantas de judía no hay diferencias significativas con los tratamientos en *Fusarium* y *Penicillium* mientras que en el tratamiento con *Botrytis* es necesaria una repetición de dosis para obtener plantas más sanas.

Área Temática: Gestión de Enfermedades Póster 065

Evaluación in vitro e in vivo (uva) de aceites esenciales (canela, clavo, citronela y sándalo) para control biológico de hongos oportunistas

María Novoa Bueno [1], Pedro Mediavilla Estébanez [1], Fernando M. Alves-Santos [2*]

[1]Instituto de Enseñanza Secundaria Trinidad Arroyo, c/ Filipinos s/n 34004, Palencia, España.
[2]Departamento de Producción Vegetal y Recursos Forestales. ETS Ingenierías Agrarias de Palencia / Instituto Universitario de Investigación en Gestión Forestal Sostenible (iuFOR). Universidad de Valladolid. Avenida de Madrid 57, 34071 Palencia, España

Los hongos oportunistas afectan a gran variedad de especies cultivadas tanto en campo como después de la cosecha. Estas enfermedades son difíciles de controlar mediante el uso de fitosanitarios ya que la utilización de estos se encuentra muy limitada y su uso es especialmente delicado en productos destinados al consumo. Por ello nos planteamos esta investigación como una búsqueda de productos útiles en control biológico.

El presente trabajo evalúa la capacidad de control biológico de aceites esenciales vegetales frente a hongos patógenos. El uso de estos productos está documentado y su eficacia ha sido probada previamente. En proyectos anteriores se han obtenido resultados prometedores de las pruebas in vitro. En el presente trabajo, pretendemos ajustar con mayor precisión las dosis efectivas para el control biológico de los hongos necrótrofos *Alternaria*, *Botrytis*, *Fusarium* y *Penicillium*.

Los resultados de los aceites sobre *Fusarium* y *Penicillium* comparados con datos previos indican en algunos casos dosis eficientes más bajas: 900 ppm (partes por millón) de citronela y 600 ppm de sándalo en *Fusarium*; y 22 ppm de canela, 240 ppm de clavo, 900 ppm citronela y 100 ppm de sándalo en *Penicillium*. Los aceites esenciales no causaron ningún efecto nuevo en *Alternaria* y *Botrytis* y se mantiene como efectiva la dosis de 300 ppm (30 ppm para canela frente a *Botrytis*) descrita previamente.

El análisis del diámetro de las lesiones en uvas con el factor tratamiento no muestra diferencias significativas dentro de cada patógeno. Cuando el factor analizado es el patógeno las lesiones de *Botrytis* son estadísticamente mayores. A la luz de estos resultados, continuaremos ensayando métodos de aplicación del producto para reproducir la eficiencia mostrada in vitro.

Área Temática: Gestión de Enfermedades Póster 066

Impact of white mustard biofumigation on black-foot disease of grapevine

Carmen Berlanas, Marcos Andrés-Sodupe, Beatriz López-Manzanares, María Mercedes Madonado- González, David Gramaje*

Instituto de Ciencias de la Vid y del Vino (ICVV), Consejo Superior de Investigaciones Científicas - Universidad de la Rioja - Gobierno de La Rioja, Ctra. LO-20 Salida 13, Finca La Grajera, 26071 Logroño, Spain.

The effect of white mustard cover crop residue amendment and chemical fumigation with propamocarb + fosetyl-Al combined with *Trichoderma* spp. root treatment was investigated for the control of black- foot disease of grapevine in two commercial fields under grapevine nursery planting material rotation. Treatments were a factorial combination of three main plots (no soil treatment control, soil amended with white mustard residue, and soil chemical fumigation) and two subplots (application of *Trichoderma* spp. into the roots or untreated control). Inoculum densities of black-foot were measured before and after soil treatments as well as disease incidence, disease severity, and root mass. A total of 876 black-foot pathogens isolates were collected from grafted plants and grapevine seedlings used as bait plants in both fields. White mustard biofumigation reduced inoculum of *Dactylonectria torresensis* and the incidence and severity of black-foot of grapevine, but no added benefit was obtained when biofumigation was used with *Trichoderma* spp. root treatments. The effect of white mustard residues and chemical fumigation on populations of *D. torresensis* propagules in soil was inconsistent, possibly due to varying pretreatment inoculum levels. The results of our research showed that biofumigation with white mustard plants had potential for improving control of black-foot disease in grapevines. These control strategies can reduce soil inoculum levels and protect young plants from infection, providing grape growers and nursery propagators with more tools for developing integrated and sustainable control systems.

Área Temática: Gestión de Enfermedades Póster 067

Desarrollo y validación de PEMAX-qPCR para la monitorización de la población viable del agente de biocontrol *Lactobacillus plantarum* PM411

Núria Daranas*, Anna Bonaterra, Jesús Francés, Jordi Cabrefiga, Emilio Montesinos, Esther Badosa

Instituto de Tecnología Agroalimentaria-XaRTA-CIDSAV, Universidad de Girona, Campus Montilivi, 17071 Girona, España

Lactobacillus plantarum PM411 presenta amplio espectro antagonista frente a diversas bacterias fitopatógenas de cuarentena y una eficacia elevada en el control de enfermedades bacterianas de frutales. Con el fin de estudiar la colonización y supervivencia de PM411, se ha desarrollado y validado la técnica PEMAX-qPCR, específica a nivel de cepa, para la detección y cuantificación de células viables de PM411 en material vegetal.

Inicialmente se identificaron secuencias génicas específicas de PM411. Para ello se abordaron dos aproximaciones basadas en RAPD-PCR y análisis del genoma. Se identificó una región (972 bp) con estructura de mosaico, correspondiente a un supuesto profago, a partir de la cual se localizó un marcador específico de PM411. Para la detección y cuantificación mediante PCR en tiempo real (qPCR) de células de PM411 se diseñaron tres parejas de cebadores para la amplificación de tres fragmentos de 92, 188 y 317 pb y una sonda TaqMan. Se confirmó la especificidad, linealidad y eficiencia de las reacciones de qPCR. Para la detección y cuantificación de células viables se optimizó el uso, previo a la qPCR, del colorante fotorreactivo de unión al ADN PEMAX.

Se evaluó y validó la técnica PEMAX-qPCR para la monitorización de la población de viables de PM411. Los niveles poblacionales en hojas y flores de plantas de peral, fresa y kiwi estimados mediante PEMAX-qPCR se compararon con los obtenidos por qPCR y mediante cultivo en placa. En condiciones favorables para la supervivencia de la bacteria, la población estimada no difería sustancialmente entre los métodos. Sin embargo, en condiciones desfavorables se observaron diferencias significativas entre los métodos (sobreestimación por qPCR e infraestimación por cultivo en placa).

* Este trabajo ha sido financiado por los proyectos AGL2015-69876-C2-1-R del MINECO cofinanciado con fondos FEDER y FP7-KBBE.2013.1.2-04 613678 DROPSA de la UE y por una beca de la Generalitat de Cataluña 2015 FI_B 00515.

Área Temática: Gestión de Enfermedades Póster 068

Nicho ecológico y resiliencia ambiental de diferentes formulaciones del agente de biocontrol *Candida sake* CPA-1 mediante Bioscreen C

Anna Carbó[1], Rosario Torres[1], Neus Teixidó[1*], Josep Usall[1], Naresh Magan[2] y Angel Medina[2]

[1]IRTA, XaRTA-Postharvest, Edifici Fruitcentre, Parc Científic i Tecnològic Agroalimentari de Lleida, 25003 Lleida. [2]Applied Mycology Group, Cranfield Soil and AgriFood Institute, Cranfield University, Cranfield, Bedford MK43 0AL, United Kingdom.

Una de las mayores limitaciones de los agentes de biocontrol (ABC) es su efectividad en condiciones de campo, principalmente por la falta de viabilidad bajo condiciones de estrés ambiental. Uno de los objetivos de este estudio fue optimizar un método turbidimétrico automatizado para evaluar la supervivencia de *Candida sake* CPA-1, Bioscreen C. Una vez definida la metodología, se comparó la resiliencia ambiental de tres formulaciones de CPA-1: una líquida y dos sólidas, estas últimas desarrolladas con lecho fluido-atomizador y formadoras de recubrimiento en la superficie del fruto. Se estudió el efecto de la actividad de agua (a_W: 0.94-0.99), la temperatura (15-30ºC) y el pH (3-7) en el crecimiento de las diferentes formulaciones. Las mejores curvas de crecimiento para CPA-1 se obtuvieron con medio sintético de uva en estado líquido, con agitación continua y a partir de una concentración inicial de 10^5 CFU ml^{-1}. La temperatura y la a_W fueron los parámetros que mayor influencia tuvieron en la resiliencia de *C. sake*, mientras que el efecto del pH fue mínimo. Los resultados obtenidos a partir del tiempo de detección indicaron que la formulación líquida se establece más rápidamente en la mayoría de condiciones ambientales; sin embargo, solo las células de la formulación sólida basada en almidón de patata son capaces de crecer en ciertas condiciones de estrés. Además, Bioscreen C fue una herramienta rápida y eficaz para determinar los nichos ecológicos y la resiliencia ambiental de diferentes formulaciones del ABC *C. sake* CPA-1.

Esta investigación ha sido financiada por el Ministerio de Economía, Industria y Competitividad y el FEDER (RTA2012-00067-C02-01 y beca predoc Anna Carbó), y por el CERCA Programme / Generalitat de Catalunya.

Área Temática: Gestión de Enfermedades Póster 069

Eficacia *in vitro* e *in vivo* de aceites esenciales en el control de la telaraña del champiñón

F. J. Gea[1*], M.J. Navarro[1], M. Santos[2], D. Herraiz-Peñalver[3]

[1]Centro de Investigación, Experimentación y Servicios del Champiñón (CIES), 16220 Quintanar del Rey, Cuenca. [2]Departamento de Agronomía, Escuela Politécnica Superior, Universidad de Almería, 04120 Almería. [3]Centro de Investigación Agroforestal de Albaladejito (CIAF), Instituto Regional de Investigación y Desarrollo Agroalimentario y Forestal de Castilla-La Mancha (IRIAF), 16194 Cuenca.

Los métodos de control de la telaraña del champiñón, agente causal *Cladobotryum mycophilum*, se basan en la adopción de medidas de higiene para prevenir la dispersión de conidios y la aplicación de fungicidas procloraz y metrafenona. Entre las estrategias de control alternativas al uso de fungicidas se encuentra la utilización de aceites esenciales, ya que son una fuente natural de productos antifúngicos. En este trabajo, se presentan los resultados obtenidos sobre la eficacia *in vitro* frente a *C. mycophilum* de los aceites esenciales de cinco plantas aromáticas: *Lavandula x intermedia*, *Thymus mastichina*, *Thymus vulgaris*, *Salvia lavandulifolia* y *Satureja montana*. También se ha valorado la eficacia *in vivo* de los aceites esenciales en un cultivo de champiñón inoculado con *C. mycophilum*.

Los resultados de los ensayos de eficacia *in vitro* mostraron que los aceites esenciales de *S. montana* y *T. vulgaris* son los que presentaron una mayor actividad antifúngica frente a *C. mycophilum* (ED_{50} de 17 y 18,2 mg L^{-1}, respectivamente), y los mejores índices de selectividad entre patógeno y huésped (IS de 0,032 y 0,047, respectivamente). Estos dos aceites esenciales fueron seleccionados para llevar a cabo el ensayo de eficacia *in vivo* inoculado con *C. mycophilum* (10^6 conidios m^{-2}). Los resultados indicaron que los tratamientos con los aceites esenciales de *T. vulgaris*, antes y después de inocular, y de *S. montana* posterior a la inoculación, fueron los más eficaces (97, 100 y 87,9% de eficacia, respectivamente). Por tanto, se puede concluir que la aplicación de aceites esenciales de *T. vulgaris* y *S. montana* puede ser un método de control eficaz de la telaraña del champiñón. Este trabajo ha sido financiado por el proyecto E-RTA2014-00004-C02-01.

Área Temática: Gestión de Enfermedades Póster 070

Nematicidal effects of the endophytic fungus *Guignardia manfigerae*

María Fe Andres[1*], Carmen Elisa Díaz[2], Patricia Bolaños[2], Azucena González-Coloma[1]

[1]Instituto de Ciencias Agrarias, CSIC, Serrano 115-bis, 28006 Madrid. [2]Instituto de Productos Naturales y Agrobiología, CSIC. Avda. Astrofísico F. Sánchez, 3, 38206. Tenerife

Root-knot nematodes (Meloidogyne spp.) are major threats to agriculture worldwide. They are obligate endoparasites that infect a large range of crop plants, leading to considerable economic losses. In the last decades, environmental and human health concerns have steadily reduced the availability of efficient commercial nematicides. Therefore, environmentally friendly substances for nematode control are needed to be developed. Endophytes fungi produce biologically active natural products that may be involved in the host-endophyte relationship. Therefore, these microorganisms represent a biotechnological source of bioactive metabolites.

As part of our ongoing study of the endophyte biodiversity of the Canarian Laurel Forest, we have obtained an isolate of endophytic fungus Guignardia sp from Persea indica, one of the dominant Lauraceae tree species reported as a potential source of insect-control agents. This Guignardia sp. endophytic isolate (YCC4) was fermented in liquid medium for 20 days. The organic extract was obtained by liquid extraction of culture medium with ethyl acetate.

The organic extract (1 µg/µl) showed strong nematicidal in vitro activity against root-knot nematode M. javanica (J2 mortality and long-term egg hatching inhibition effects). Based on bioassay- guided fractionation, three metabolites inducing high nematicidal effects were obtained. Several in vivo tests of the organic extract from Guignardia sp isolate YCC4 on tomato plants showed strong effects on suppression of J2 infection capacity and reduced the reproduction index of the nematode population.

In conclusion, this study demonstrates that secondary metabolites from endophytic fungi are promising sources of new nematicides products.

Área Temática: Gestión de Enfermedades Póster 071

Antagonismo y diferencias nutricionales entre hongos endófitos y patógenos forestales

Juan Antonio Martín*, Juan Sobrino-Plata, Ana Martín-Jiménez, Clara Martínez-Arias, David Medel, Luis Gil

Grupo de Investigación de Genética, Fisiología e Historia Forestal. Escuela Técnica Superior de Ingeniería de Montes, Forestal y del Medio Natural. Universidad Politécnica de Madrid. Ciudad Universitaria s/n, 28040, Madrid.

Ophiostoma novo-ulmi y *Botryosphaeria dothidea* son patógenos que atacan a especies de los géneros *Ulmus* y *Eucalyptus*, respectivamente, si bien *B. dothidea* afecta a un amplio rango de hospedantes. Los organismos endófitos se han propuesto como posibles herramientas de biocontrol de plagas y enfermedades. En este trabajo se evaluó la capacidad de tres hongos endófitos aislados de *U. minor* (YM11, YCB36 y P5) y uno de *E. globulus* (TOR2R1) para inhibir a los patógenos y competir con ellos por distintas fuentes de carbono. Se determinó (i) el antagonismo *in vitro* entre endófitos y patógenos, (ii) la capacidad inhibitoria de filtrados líquidos obtenidos de los endófitos sobre el crecimiento de los patógenos y (iii) el solapamiento nutricional entre endófitos y patógenos. Los micelios de YCB36 y TOR2R1 inhibieron el crecimiento en placa de los patógenos *O. novo-ulmi* y *B. dothidea*, respectivamente, y los filtrados de todos los endófitos, excepto de YM11, inhibieron el crecimiento ambos patógenos en medio líquido. El patrón de crecimiento de los hongos sobre distintas fuentes de carbono (azúcares y metabolitos secundarios) diferenció claramente a patógenos de endófitos. Los primeros metabolizaron tanto azúcares como ciertos metabolitos. Los endófitos, por el contrario, solo fueron capaces de degradar azúcares. Los resultados sugieren que ciertos organismos endófitos secretan sustancias inhibitorias hacia los hongos patógenos, mientras que los patógenos están adaptados a tolerar o degradar metabolitos secundarios que los endófitos son incapaces de utilizar.

Área Temática: Gestión de Enfermedades Póster 072

Bacterias del ácido láctico, nuevos agentes de biocontrol de enfermedades

Gemma Roselló, Núria Daranas, Jordi Cabrefiga, Esther Badosa, Jesús Francés, Emilio Montesinos, Anna Bonaterra*

Instituto de Tecnología Agroalimentaria-XaRTA-CIDSAV, Universitat de Girona, Campus Montilivi, 17071 Girona, España.

La producción de fruta está amenazada por diversas enfermedades entre las que se encuentran el chancro bacteriano del kiwi, el fuego bacteriano de las rosáceas, la mancha bacteriana de los frutales de hueso y la mancha angular de la fresa que causan importantes pérdidas económicas y son difíciles de controlar. Actualmente, existe una necesidad urgente de desarrollar nuevos productos para el manejo sostenible de estas enfermedades. Las bacterias del ácido láctico (BAL) ofrecen buenas cualidades ya que presentan antagonismo de amplio espectro, gracias a diversos mecanismos (antibiosis, exclusión competitiva), y capacidad de supervivencia en la superficie de plantas debido que forman parte de su microbiota. En este trabajo se seleccionaron cinco cepas de BAL pertenecientes a*Lactobacillus plantarum* y *Leuconostoc mesenteroides* que destacaron por su fuerte antagonismo frente a numerosas bacterias indicadoras. Concretamente, las cepas de *L. plantarum* PM411 y TC92 fueron las más efectivas en la prevención de infecciones causadas por *Erwinia amylovora* (fuego bacteriano de las Rosáceas), *Pseudomonas syringae* pv. *actinidiae* (chancro bacteriano del kiwi), *Xanthomonas arboricola* pv. *pruni* (mancha bacteriana de los frutales de hueso) y *Xanthomonas fragariae* (mancha angular de la fresa). Se confirmó la eficacia de ambas cepas en el control de estos patógenos en ensayos en plantas en condiciones de ambiente controlado en invernadero y en condiciones de semi-campo y campo, con una eficacia similar a la de antibióticos o productos cúpricos, y agentes de biocontrol de referencia.

*Este trabajo ha sido financiado por los proyectos AGL2015-69876-C2-1-R del MINECO-FEDER y FP7-KBBE.2013.1.2-04 613678 DROPSA de la UE y por una beca 2015 FI_B 00515 de la Generalitat de Catalunya.

Área Temática: Gestión de Enfermedades Póster 073

BP178, a multifunctional peptide with antimicrobial and plant defence elicitation properties, protects against bacterial and fungal infections in tomato

Laura Montesinos*, Lidia Ruz, Esther Badosa, Aina Baró, Marta Planas, Lidia Feliu and Emilio Montesinos

Institute of Food and Agricultural Technology, XARTA-CIDSAV, and LIPPSO Laboratory University of Girona, Campus de Montilivi, 17003 Girona (Spain).

Plants have the ability to induce defense responses against biotic agents, andthere are plant defense elicitors like functional peptides that have been reported as effective in disease control. We have developed synthetic derivatives from natural antimicrobial peptides, and members of the peptide library CECMEL11 showed strong bactericidal and/or fungicidal properties and have been successfully evaluated against several fungal and bacterial plant pathogens. BP178 peptide (a cecropin-melittin- magainin derivative) was designed and synthesized, exhibited bactericidal effect against plant pathogenic bacteria with low hemolytic and phytotoxic effects. In the present study we elucidated whether the synthetic BP178 peptide is able of triggering plant defense responses. In the experiments consisting of topical application to tomato plants, the elicitor peptide flagellin 15 with no antimicrobial activity, and the lytic undecapeptide BP100 with no significant elicitation activity, were used as references. Increases in transcription levels of Chi, Chi3, Sub1, PR1a, Per1, GluA, GluB, ERF, OLP, Harp and BCB genes, involved in SA, JA and ET-signalling pathways, were observed with BP178. These results indicated that the three pathways may be simultaneously activated in tomato plants after treatment with BP178, in a similar way than flagellin 15. The BP100 peptide did not triggered a significant plant defense response. The preventive spray of tomato plants with BP178 controlled infections by Botrytis cinerea, Pseudomonas syringae pv. tomato and Xanthomonas campestris pv. vesicatoria. It was concluded that BP178 is a multifunctional peptide protecting plants against pathogen infection through antimicrobial and plant defence elicitation.

This work was supported by AGL2015-69876-C2-1-R (01/01/2016-31/12/18) project from the Spanish Ministry of Economy and Competitiveness.

Área Temática: Gestión de Enfermedades Póster 074

Evaluación del efecto de los micovirus VdPV1 y VdRV1en la virulencia de *Verticillium dahliae* frente a algodón y olivo.

Antonio Mulero-Aparicio*[1], Mª del Carmen Cañizares[2], Antonio Trapero[1], Encarnación Pérez-Artés[3], Fco. Javier López-Escudero[1], Mª Dolores García-Pedrajas[2]

[1]*Grupo de Patología Agroforestal, Departamento de Agronomía, Universidad de Córdoba, Campus Universitario de Rabanales, Edificio Celestino Mutis (C4), 14071 Córdoba, España.* [2] *Depto. Protección de plantas, Instituto de Hortifruticultura Subtropical y Mediterranea "La Mayora", Universidad de Málaga-Consejo Superior de Investigaciones Cientificas (IHSM-UMA-CSIC), Málaga, España.*

[3]*Depto. Protección de cultivos, Instituto de Agricultura Sostenible, Consejo Superior de Investigaciones Científicas (IAS-CSIC), Córdoba, España*

A partir de microesclerocios obtenidos de suelo en fincas cultivadas con olivo y/o algodón con una alta incidencia de Verticilosis, y de plantas con síntomas, se generó una colección de aislados de *Verticillium dahliae* en la que se identificaron dos micovirus: VdPV1 y VdRV1. En previos estudios, dichos micovirus fueron transferidos al aislado virulento V937I de *V. dahliae*. Se generaron cepas con infecciones simples y dobles todas ellas en el fondo genético del aislado V937I. El objetivo de este trabajo fue evaluar el posible efecto de inducción de hipovirulencia en el aislado V937I provocado por la infección con los micovirus. Para ello, se inocularon con *V. dahliae* plantas de algodón de la variedad 'Siokra 1-4' y plantas de olivo de la variedad 'Picual', ambas altamente susceptibles a la Verticilosis. Los aislados de *V. dahliae* evaluados fueron el aislado V937I libre de micovirus, así como el mismo aislado infectado con el micovirus VdPV1, con el VdRV1 y con ambos virus. Se incluyeron plantas sin inocular como testigo. Se utilizaron 10 plantas de cada especie por aislado y el diseño experimental fue en bloques completos al azar. El progreso de la enfermedad se evaluó semanalmente y se realizaron muestreos destructivos a los 15, 30, 45 y 60 días tras la inoculación para confirmar la presencia del patógeno en la planta y la presencia de los micovirus en los aislados infectados. Los resultados obtenidos mostraron un retraso en el inicio de síntomas de las plantas inoculadas con los aislados infectados por los micovirus pero no se encontraron diferencias significativas en cuanto a incidencia, severidad y área bajo la curva del progreso de la enfermedad. Estos resultados indican que los micovirus identificados tienen un efecto limitado en la virulencia del hongo para su posible uso como agentes de control de la Verticilosis.

Área Temática: Gestión de Enfermedades Póster 075

Cucumis metuliferus reduces the level of *Meloidogyne incognita* virulence to the Mi1.2 resistance gene after being selected in a tomato-melon rotation sequence.

Alejandro Expósito, Sergi García, Ariadna Giné, Nuria Escudero, Francisco Javier. Sorribas*,

Department of Agri-Food Engineering and Biotechnology, Universitat Politècnica de Catalunya, Esteve Terradas 8, 08860 Castelldefels, Barcelona.

Cucumis metuliferus has proven to be resistant to root-knot nematode *Mi1.2* (a)virulent isolates and a promising melon rootstock. The inclusion of different resistant sources in rotation could be useful to manage root-knot nematode populations, reduce crop yield losses and to increase the resistance durability. Crop rotation of tomato-melon, and melon-tomato was carried out from 2015 to 2017 in a plastic greenhouse infested with *Meloidogyne incognita* at Viladecans (Barcelona, Spain). The susceptible tomato cv. Durinta ungrafted or grafted onto the resistant cv. Aligator, and the susceptible melon cv. Paloma ungrafted or grafted onto *C. metuliferus* BGV11135 were used. Nematode densities were determined at transplanting and at the end of each crop along with the galling index and the number of eggs in root. Tomato and melon yield was assessed. The selection for virulence was evaluated at the end of each crop in 200cm^3-pot experiments. Second stage juveniles (J2) from eggs produced in each germplasm (subpopulations) were used to inoculate the tomato cv. Durinta and cv. Monika (resistant), the melon cv. Paloma and *C. metuliferus* with 1J2 cm^{-3} soil and maintained for 40 days at 25°C. The grafted melon reduced the disease severity 40% and yielded 11 times more compared to the non-grafted. In 2015, the disease severity was 73% less on the grafted than on the ungrafted tomato, and yielded 53% more. However, the disease severity and the nematode reproduction increased progressively on the grafted tomato. Pot experiments confirmed the selection of virulence on the resistant tomato. However, the level of virulence decreased progressively from 120 to 25% at the end of the experiment, irrespective of the rotation sequence. Thus, the inclusion of *C. metuliferus* in the rotation sequence does not prevent the selection for virulence but is able to reduce the biological fitness of the nematode after being selected.

Área Temática: Gestión de Enfermedades Póster 076

Eficacia de la biosolarización con dosis reducidas de la cantidad de materia orgánica aplicada para el control de *Verticillium* y *Rhizoctonia* en el cultivo de alcachofa

María del Mar Guerrero[1], Carmen María Lacasa[1], Victoriano Martinez[1], María Carmen Martínez[1], Antonio Monserrat [1], Bartolome Ramírez[2], Alberto Jara[2].

[1].Biotecnologia y Protección de Cultivos, IMIDA, C/ Mayor s/n 30150 La Alberca Murcia. [2].S.A.T. Nº 9890 OLÉ. C/ Mayor 140. San Bartolomé- Orihuela Alicante

La cuenca vertiente al Mar Menor en la Región de Murcia está siendo sometida a restrictivas normativas referentes a la aplicación de materia orgánica. El cultivo de alcachofa (unas 7.000 has) presenta importantes problemas tanto fitopatológicos ocasionados por *Verticillium* y *Rhizoctonia*, como de fatiga del suelo. Se ha conseguido un control aceptable de estos patógenos y mejoras en los cosechas utilizando cantidades de enmiendas para la biosolarización en los meses de mayor irradiación. Se han reducido las cantidades de materia orgánica y evaluado las dosis para el control de los dos hongos. Los tratamientos fueron: T1: Estiércol fresco de oveja (EFO) a 3 kg/m^2; T2: EFO a 1,5 kg/m^2; T3: EFO 1,5 kg/m^2 más brócoli a 1,5 kg/m^2 y T4: testigo sin biosolarizar. EL diseño del ensayo fue de bloques al azar con cuatro repeticiones. La biosolarización se realizó en junio y el plástico se mantuvo durante 6 semanas. Se midió la temperatura del suelo a 15 y 30 cm y la cantidad de oxígeno en el suelo durante la biosolarizacion. Se realizaron ensayos de bioinfectividad del inóculo de Verticillium enterrando sondas a 15 cm y 30 cm así como fitopatómetros con plantas de alcachofa en condiciones controladas. Se evaluó el número de plantas muertas por los dos hongos a lo largo del cultivo. El inóculo de las sondas inoculadas con *Verticillium* se redujo 100% a 15 cm en todos los tratamientos salvo en el testigo y no hubo ninguna planta infectada por el hongo en ningún tratamiento salvo en el testigo que hubo un porcentaje de plantas muertas de 100%. El tratamiento más efectivo para el control de *Rhizoctonia* fue EFO a 3kg/m^2. En todos los tratamientos de biosolarización se obtuvieron producciones superiores al testigo.

Área Temática: Gestión de Enfermedades Póster 077

A web-based decision support system for the sustainable management of vineyards.

Elisa González-Domínguez*[1], Sara E. Legler[1], José María Caballero[2], Tito Caffi[3], Vittorio Rossi[3].

[1]Horta srl., Via Egidio Gorra 55, 29122 Piacenza, Italy (www.horta-srl.com); [2]TAMIC srl. Pl. de l'Àgora, 1, Local 3E, 08720 Vilafranca del Penedès, Barcelona (www.tamic.es); [3]Department of Sustainable Crop Production, Facoltà di Scienze Agrarie, Alimentari e Ambientali, Università Cattolica del Sacro Cuore (UNICATT), Via Emilia Parmense, 84, 29122 Piacenza, Italy

The transition from conventional to sustainable agriculture requires increased knowledge of the farming system and makes decision making for crop management complex. This also applies to crop protection, since the European Directive 128/2009/EC made integrated pest management (IPM) mandatory. IPM promotes low pesticide control of harmful organisms based on crop monitoring and tools for decision-making. A decision support system (DSS), called vite.net, was developed for vineyards, powdered by Horta a spin-off of UNICATT. The DSS is a web-based tool able to: i) collect multiple information/data in real-time about different vineyard components (air, soil, plants, pests, and diseases) by using IoT technologies; ii) analyze these data by advanced modelling and bigdata solutions; and iii) make up-to-date information, alerts and decision supports for vineyard management. The DSS considers grapevine growth and development, risk for diseases (downy and powdery mildews, black-rot and Botrytis bunch rot) and pests (berry moth, American leafhopper and mealybugs), protection dynamics of fungicide applications, and abiotic stresses (drought, low and high temperatures). In 2016 and 2017, the DSS was used in 36 pilot vineyards in the viticultural area of Penedes (Spain) within the project SISTEMIO, under the supervision of INNOVI (www.innovi.cat) the DSS use for improving decision-making and reducing pesticide use was successfully evaluated. In 2018, 13 Spanish cellars adopted the DSS.

Área Temática: Gestión de Enfermedades Póster 078

Aplicación de la radiación UV-C en el control de la podredumbre verde de limones

M.A. Parra*, J.A. Martínez

Grupo de Protección de Cultivos. Dpto. Producción Vegetal, Universidad Politécnica de Cartagena, Paseo Alfonso XIII, 48. 30203 Cartagena, España.

El limón es uno de los principales productos de la Región de Murcia, no estando exento de problemas durante su comercialización. La incidencia de enfermedades durante el almacenamiento es la mayor problemática de este producto, derivando en importantes pérdidas económicas comprendidas entre el 3 y el 6%. Estas pérdidas son ocasionadas generalmente por los hongos *Pencillium digitatum* y *P.* italicum, causantes de las podredumbre verde y azul de limones, respectivamente. Sin embargo, el control de estas podredumbres es difícil debido a la aparición de resistencias y las restricciones al uso de fungicidas de síntesis impuestas fundamentalmente por la UE. Una de estas alternativas consiste en la aplicación de radiación UV-C, método físico de control que ya están utilizando algunas empresas hortofrutícolas para reducir la podredumbre de los frutos durante su comercialización. La combinación de la radiación UV-C con otros tratamientos ha demostrado tener un efecto sinérgico en la conservación de muchos alimentos. De manera general el tratamiento UV-C ideal debería: reducir la carga microbiana, no tener efectos negativos en los atributos sensoriales del alimento, aumentar las características nutrimentales propias del producto y por consecuencia incrementar su vida de anaquel.

El objetivo del trabajo consistió en establecer el tipo de efecto de la radiación ultravioleta de alta energía (UV-C) contra *Penicillium digitatum* en limón, con el fin de valorar y optimizar la aplicación de este tratamiento en la mejora de la conservación de este producto. Se evaluó diariamente la incidencia y severidad de la podredumbre. La radiación UV-C afectó al desarrollo del micelio de *P. digitatum* proporcionalmente a la dosis recibida. No se detectó efecto alguno sobre la inactivación de los conidios. La radiación UV-C redujo la tasa de evolución de la podredumbre verde por algún mecanismo de inducción de los frutos, con una dosis óptima de 3 kJ/m^2.

Área Temática: Gestión de Enfermedades Póster 079

Actividad lítica de un cóctel de bacteriófagos específicos de *Ralstonia solanacearum* y biocontrol en diferentes condiciones ambientales y tras liofilización

Belén Álvarez[1,2], Patricia Freijanes[1], Laura Gadea[1], Àngela Figàs-Segura[1], Begonya Vicedo[3], Elena G. Biosca[1*]

[1] Universidad de Valencia, Avda. Dr. Moliner 50, 46100 Burjasot, Valencia. [2] Actual: IMIDRA, A2 km 38,200, 28800 Alcalá de Henares, Madrid.[3] Universitat Jaume I, Avda Vicent Sos Baynat s/n, 12071 Castellón.

Ralstonia solanacearum es una bacteria fitopatógena de cuarentena que produce marchitez en solanáceas y ornamentales de importancia económica. En 2017 se patentó un método eficaz para la prevención y control de la enfermedad basado en la actividad lítica de un cóctel de fagos específicos de *R. solanacearum*. Sin embargo, no se disponía de información sobre la estabilidad y actividad lítica de estos fagos en agua de riego en diferentes condiciones ambientales, o tras ser sometidos a liofilización, ni sobre su potencial de biocontrol, aplicados en planta por distintas vías.

Se determinó la viabilidad, estabilidad y actividad lítica de los fagos en agua de riego por adición de lisados filtrados a agua y a suspensiones del patógeno en agua, mantenidos en condiciones ambientales o en condiciones óptimas para *R. solanacearum*, respectivamente. También se evaluó la viabilidad, estabilidad y capacidad de biocontrol de los fagos tras liofilización, con sacarosa y trehalosa como críoprotectores. Los ensayos de biocontrol en planta se realizaron por aplicación del cóctel de fagos por riego o en tallo. Los resultados de estabilidad y actividad lítica revelaron un amplio rango de condiciones en las que los fagos redujeron las poblaciones de *R. solanacearum*. Con respecto a la liofilización, con la trehalosa se obtuvo una mayor viabilidad y estabilidad de las partículas víricas. Además, en los ensayos de biocontrol en planta, se observaron reducciones significativas de marchitez, tanto por riego como por tallo, confirmando la efectividad del cóctel de fagos patentados de *R. solanacearum* en el control biológico de la enfermedad.

CPI 14 244 “Valoritza i transfereix” VLC/CAMPUS UVEG, RTA2015-00087-C02-02 INIA MINECO, UJI-B2017-30 Universitat Jaume I

Área Temática: Gestión de Enfermedades Póster 080

Caracterización del proceso de adsorción del bacteriófago lítico vRsoP-WF2 a la bacteria fitopatógena *Ralstonia solanacearum*

Beatriz Martín[1], Belén Álvarez[2], Elena G. Biosca[1*]

[1] *Universidad de Valencia, Avda. Dr. Moliner 50, 46100 Burjasot, Valencia.* [2] *IMIDRA, A2 km 38,200, 28800 Alcalá de Henares, Madrid.*

Ralstonia solanacearum es el agente causal de la marchitez bacteriana, una de las enfermedades de plantas más importantes, porque afecta a cultivos básicos como la patata. Los métodos de control convencionales son inespecíficos y de efectividad variable. En 2017 se patentó un método de prevención y control de la marchitez bacteriana basado en la actividad lítica de tres bacteriófagos específicos frente a *R. solanacearum*. No obstante, todavía se desconoce la etapa inicial de la interacción fago-bacteria, o adsorción. Para iniciar su caracterización, se utilizó uno de los fagos patentados, vRsoP-WF2, y la cepa IVIA-1602.1 de *R. solanacearum*. Se determinó el tiempo de adsorción en condiciones óptimas y la influencia de temperatura (4ºC a 34ºC), pH (6 a 9) y presencia de azúcares (fructosa, glucosa, ramnosa, sacarosa). Los resultados revelaron que la adsorción del fago a las células de *R. solanacearum* es un proceso rápido, con un descenso de 3 logs en las partículas fágicas libres, por tanto, un aumento de las partículas fágicas adsorbidas en solo 20 min. Las partículas fágicas adsorbidas aumentaron conforme aumentó la temperatura dentro del rango ensayado. A valores de pH entre 6 y 7 hubo un mayor número de partículas fágicas adsorbidas, mientras que disminuyó a valores superiores a 7. En presencia de fructosa y ramnosa se produjo una disminución en las partículas fágicas adsorbidas, siendo la ramnosa el azúcar que más inhibió la adsorción. No se observó efecto en presencia de glucosa y sacarosa. El conocimiento del proceso de adsorción de los fagos líticos específicos a las células de *R. solanacearum* es fundamental para comprender la efectividad de su actividad de biocontrol sobre poblaciones de este patógeno.

RTA2015-00087-C02-02 INIA MINECO

Área Temática: Gestión de Enfermedades Póster 081

Problemática de *Alternaria* en campos comerciales de Manzano

Pere Vilardell, Jordi Cabrefiga*, Marià Vilajeliu

IRTA-Fundació Mas Badia. La Tallada d'Empordà, 734, Girona (España).

Las infecciones fúngicas más comunes en manzano en la zona de Girona son el moteado, causado por *Venturia inaequalis*, y en menor grado el oídio, causado por *Podosphaera leucotricha*. Sin embargo, en los últimos años se ha observado un incremento en las infecciones causadas por *Alternaria*, especialmente en fincas de las variedades Gala y Golden. Hasta la fecha no se han detectado problemas graves derivados de las infecciones por este hongo, pero en los últimos años se ha incrementado la presencia en diferentes fincas comerciales observándose síntomas principalmente a nivel foliar, caracterizados por manchas necróticas que se extienden hasta llegar incluso a provocar la defoliación en algunos casos. También se han detectado síntomas a nivel de fruto que acaban provocando problemas en la calidad de los frutos. Por el momento, no parece que estas infecciones produzcan un efecto importante a nivel productivo, pero la evolución observada en los últimos años hace presagiar que puede ser un problema a medio plazo. Uno de los puntos críticos en el control de esta enfermedad es el hecho que las infecciones en fruto se pueden alargar hasta la recolección y por tanto se debe ajustar al máximo el número de tratamientos con productos fitosanitarios con el fin de evitar la presencia de residuos en el fruto durante la recolección. Con el fin de ajustar al máximo el número de tratamientos se han evaluado diferentes estrategias de control basadas en diferentes modelos de predicción de riesgo de infecciones para *Alternaria*.

Área Temática: Gestión de Enfermedades Póster 082

Potencial para el control biológico y la biofertilización de aislados bacterianos de suelo y rizosfera de coberturas vegetales de olivar

Marta Pérez-Díaz[1], Elena G. Biosca[2], Belén Álvarez[1*]

[1] *IMIDRA, A2 km 38,200, 28800 Alcalá de Henares, Madrid.* [2] *Universidad de Valencia, Avda. Dr. Moliner 50, 46100 Burjasot, Valencia.*

El uso excesivo de pesticidas, herbicidas y fertilizantes químicos para incrementar la producción agrícola deteriora la calidad del suelo y produce un impacto ambiental. Existe la posibilidad de estrategias más ecológicas, basadas en los efectos beneficiosos de los microorganismos del suelo para una producción sostenible. En el presente estudio se aisló una colección de bacterias de suelo y rizosfera de coberturas vegetales de un olivar de la Comunidad de Madrid. Con todas ellas se ensayó su potencial de actividad antagonista frente a hongos fitopatógenos relevantes como *Verticillium dahliae*, *Phaeomoniella chlamydospora*, *Dactylonectria macrodidyma* y *Fusarium avenaceum*. También se determinó su capacidad para solubilizar fosfatos, fijar nitrógeno atmosférico, captar hierro y producir exoenzimas relacionados con la degradación y reciclaje de compuestos orgánicos en suelo y rizosfera.

Se observó actividad antagonista efectiva frente a *V. dahliae* en un 23% de los aislados bacterianos, uno de los cuales también produjo VOCs (*volatile organic compounds*) frente a este patógeno. También se detectó actividad frente a *P. chlamydospora* en un 19% de los aislados y frente a *D. macrodidyma* en un 14%, sin producción de VOCs, pero no frente a *F. avenaceum*. Con respecto a solubilización de fosfatos, fijación de nitrógeno, captación de hierro y producción de exoenzimas, hubo actividad positiva en un 24%, 80%, 50% y 99% de los aislados, respectivamente. El alto potencial de actividad observado en las poblaciones bacterianas del olivar sugiere su uso potencial para el control biológico, la reducción de agroquímicos y la mejora del suelo para una producción ecológica y sostenible.

Proyecto AGRISOST S2013/ABI-2717; Ayuda Investigación UVEG a BACPLANT

Área Temática: Gestión de Enfermedades Póster 083

Actividad de la carragenina, extraida de *Chondracanthus chamissoi*, en el crecimiento

Yessica Burgos-Inca, Julio Chico-Ruíz*

Laboratorio de Fitopatología, Universidad Nacional de Trujillo-Perú

La utilización de fungicidas es cada vez menos recomendable y más restringida debido a los problemas de contaminación ambiental, la frecuente aparición de cepas del patógeno resistente a los fungicidas utilizados, representando un potencial riesgo para la seguridad del medio ambiente y la salud humana. En la búsqueda de alternativas naturales para el control de enfermedades se ha valorado el control biológico con el uso de plantas con actividad biocida debido a su elevada efectividad, bajo costo y no ser contaminante del ambiente, por ello se propuso demostrar la actividad de la carragenina, extraída de *Chondracanthus chamissoi*, en el crecimiento de *Colletotrichum gloesporioides.* El fitopatógeno fue obtenido de frutos enfermos de *Persea americana* "palto", el alga "mococho" fue colectado en la playa de Huanchaco-La Libertad. Se utilizó el PDA (Agar papa dextrosa) como medio de cultivo, la extracción de la carragenina se hizo con KOH al 6% y etanol de 96°, sea de masa fresca y seca respectivamente. El diseño experimental tuvo tres tratamientos: 1.5, 3 y 5%; se evaluó el porcentaje de inhibición, velocidad de crecimiento, número de conidios, elongación del tubo germinativo, peso fresco y seco del micelio. Los resultados muestran que la carragenina extraída con KOH en estado seco y fresco respectivamente, tienen los mayores porcentajes de inhibición en el tratamiento del 5%, siendo mayor para el estado fresco (53.3%); la extracción con etanol no muestra diferencias significativas para la masa fresca o seca. Los pesos del micelio fueron menores con KOH y etanol si el alga era procesada en estado fresco. Se concluye que *C. chamissoi* tiene actividad inhibitoria cuando la carregenina se extrae con KOH y en estado fresco.

Área Temática: Gestión de Enfermedades Póster 084

Resistencia de *Capsicum* spp. a *Phytophthora capsici* en Ecuador

Felipe R. Garcés-Fiallos, Liliana Corozo-Quiñónez, Luis Saltos-Rezabala, Lenin Roldán-Chávez

Facultad de Ingeniería Agronómica. Universidad Técnica de Manabí. km 13 ½ vía Santa Ana, Manabí, Ecuador.

El objetivo de este trabajo fue evaluar la respuesta de ocho genotipos de Capsicum spp. a un aislado virulento de *Phytophthora capsici* (Pc) causante de la Pudrición de raíz y corona (Prc). Se inocularon plantas de *C. annuum* (Marcato, Quetzal, Nathalie, California Wonder y 2254"B"), C. chinense (9129),

C. baccatum (12831) y C. frutescens (Código 5), en el estado fenológico V5 (quinta hoja verdadera), establecidas en bandejas en condiciones de invernadero. La inoculación consistió en el depósito de 200mg de arroz infestado con Pc, a una profundidad de 2cm bajo la superficie del suelo cerca de la base del tallo. Con la altura y peso seco de las plantas, se calculó la reducción de la altura y del peso seco, al final del experimento. Así también, se estimó la incidencia y la severidad de esta enfermedad, cada dos días hasta finalizar el experimento, y la colonización de hipocótilos únicamente al final. Se utilizó un Diseño Completo al Azar con cuatro repeticiones, cada una con seis plantas. Se realizó un análisis de varianza. Para la reducción de la altura y del peso seco, se compararon las medias de las plantas infectadas con sus respectivos controles, utilizando la prueba t-Student (p<0,05). Para las variables patológicas no se tomaron en cuenta los controles por poseer valores cero, aplicándose la prueba de Scott-Knott (p<0,05). Se observó reducción de la altura en plantas de los genotipos Quetzal, Carolina Wonder y 2254 "B", y disminución del peso seco en plantas de esos materiales y en el hibrido Marcato. Plantas del Código 5, 9129, 12831 y Nathalie, presentaron una menor incidencia y severidad de Prc, y una menor colonización en hipocótilos, siendo agrupados como resistentes a Prc. Únicamente hipocótilos del material Nathalie no presentaron colonización.

Área Temática: Gestión de Enfermedades Póster 085

Estudio comparativo de los aceites esenciales de 4 especies originarias de Arauca

Geovanna Tafur García[1], Helena Stachenko[1], Rosa Amanda Alegría Macías[2], Martha Isabel Barrera Pérez[2]

[1]Centro nacional de investigaciones para la agroindustrialización de especies vegetales aromáticas y medicinales tropicales (Cenivam); [2]Universidad Nacional de Colombia

El estudio de la composición química de aceites esenciales y extractos obtenidos de las plantas ha tomado gran importancia en la actualidad porque permite explicar algunas de sus propiedades biológicas, buscar compuestos de interés terapéutico o industrial y elaborar productos naturales. El presente trabajo busca contribuir a este ámbito a través del análisis químico de los aceites esenciales extraídos de 4 especies provenintes de Tame, Arauca como: Ichthyothere terminales, Piper peltatum, Zornia sp y Lippia Origanoides, las cuales se han destacado por sus propiedades insecticidas, antimicrobianas, antiinflamatorias, entre otras. Los aceites fueron obtenidos de diferentes partes de la planta como tallos, hojas y flores por hidrodestilación asistida por microondas (HDMW). La cantidad relativa de los componentes fue caracterizada por cromatografía de gases acoplada a espectrometría de masas (CG/MS). El rendimiento más alto de aceite obtenido fue para las flores (6,39%) y Hojas (4,77%) de Lippia Origanoides, las demás plantas presentaron los siguientes rendimientos: Ichthyothere terminalis, 0,7% hojas; 0,3% tallos y 0,18% inflorescencia; Piper peltatum 0,02% hojas, y Zornia sp 0,35% flores; 0,08% tallos y 0,53 % hojas.

Área Temática: Detección y Diagnóstico Póster 086

Diversidad de nematodos noduladores del género *Meloidogyne* Göeldi, 1892 (Nematoda: Meloidogynidae) en olivo y factores que determinan su distribución Andalucía.

Antonio Archidona-Yuste[1], Carolina Cantalapiedra-Navarrete[1], Gracia Liébanas[2], Hava F. Rapoport[1], Pablo Castillo[1], Juan E. Palomares-Rius[1,*]

[1]*Instituto de Agricultura Sostenible (IAS), Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), Avenida Menéndez Pidal s/n, 14004 Córdoba.* [2]*Departmento de Biología Animal, Biología Vegetal y Ecología, Universidad de Jaén, Campus 'Las Lagunillas' s/n, Edificio B3, 23071 Jaén.*

Los nematodos noduladores del género *Meloidogyne* son reconocidos en todo el mundo como un factor limitante para la producción de diferentes cultivos de importancia económica primaria. El conocimiento de su diversidad y prevalencia, así como los principales factores ambientales y agronómicos que determinan su distribución es de vital importancia para diseñar estrategias de control frente a ellos. En este estudio, proporcionamos la primera información detallada sobre la diversidad, distribución y niveles de población de las especies de *Meloidogyne* que infectan olivo en Andalucía, incluyendo prospecciones de 499 puntos de muestreo en olivo cultivado y silvestre. La prevalencia ha sido del 6.6%, habiéndose identificado seis especies diferentes, de las cuales cinco son conocidas (*Meloidogyne arenaria*, *M. baetica*, *M. hapla*, *M. incognita*, *M. javanica*) y una ha sido caracterizada mediante taxonomía integrativa como una nueva especie (*Meloidogyne* sp.), incrementándose así la biodiversidad conocida de este género en olivo. A partir de una amplia gama de factores comprendiendo el clima, suelo, topografía y manejo agronómico, que potencialmente podrían determinar la incidencia de *Meloidogyne* spp. en olivo cultivado, sólo tres fueron significativamente retenidos por técnicas de modelización: la presencia de cubierta vegetal en calle, el riego y la textura del suelo. En resumen, se han detectado diferentes patrones de respuesta entre las distintas especies:

M. incognita está asociada con suelos arcilloso arenosos, *M. javanica* con suelos irrigados y vegetación de cobertura, y en cambio, *M. arenaria* con la ausencia tanto de vegetación en la calle y riego.

Investigación financiada por P12-AGR-1486-CICE, AGL-2012-37521, y 201740E042.

Área Temática: Detección y Diagnóstico Póster 087

Viroma del enanismo rugoso del maíz

Gemma Clemente-Orta *, Luis Serrano, Mari Ángeles Achón

Universidad de Lleida, Centro Agrotecnio, Rovira Roure 77, 2598 Lleida, España.

El enanismo rugoso del maíz (ERM) es la virosis más difundida del maíz en España. En el área mediterránea, ERM está ocasionada por el virus del enanismo rugoso del maíz (Maize rough dwarf virus, MRDV) (genero Fijivirus, Fam. Reoviridae). El genoma de MRDV está formado por 10 moléculas lineales de doble cadena de RNA (dsRNA) designadas S1 a S10 que codifican para 13 proteínas. Los estudios de diversificación, selección y filogenia pueden contribuir a prevenir la emergencia, dispersión y virulencia de los brotes epidémicos de ERM. En este estudio se ha determinado la secuencia de seis muestras procedentes de seis localizaciones en un área de 750 km^2 en el Valle del Ebro. Cada muestra consistía en fragmentos de hojas de 3-11 plantas de maíz con síntomas de ERM. El aislamiento de dsRNA se realizó sin solventes orgánicos y cromatografía de celulosa (CF-11) y secuenciación mediante la plataforma Illumina (MiSeq Reagent Kit v2) previa amplificación mediante NEBNext® Ultra™ II Directional RNA Library Prep Kit for Illumina®.

En las seis muestras se obtuvieron *scaffolds* de los 10 segmentos genómicos de MRDV completos y además, otros *scaffolds* menores de algunos segmentos que difieren en la homología de nucleótidos con sus correspondientes completos. La diversidad nucleotídica de los aislados españoles varía según segmento, de menor a mayor: S7<S3<S4<S6<S2<S10<S5<S1<S9<S8, rango de diversidad distinto al observado en los aislados europeos. Los análisis filogenéticos y de selección sugieren la existencia de pseudo-recombinación entre aislados virales y una fuerte selección purificadora variable entre segmentos. No obstante, la variabilidad temporal y espacial de los aislados de MRDV recogidos en un periodo de 20 años es reducida.

Área Temática: Detección y Diagnóstico Póster 088

Detección molecular y caracterización del genoma de virus infectando tubérculos de papa (*Solanum tuberosum* ssp. andigena) en Antioquia, Colombia

Yuliana M. Gallo García[1,2]*, Andrea Sierra Mejía[1], Pablo A. Gutiérrez Sánchez[1] y Mauricio Marín Montoya[3]

[1]Laboratorio de Microbiología Industrial, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional de Colombia Sede Medellín. [2]Facultad de Medicina, Universidad CES, Medellín, Colombia. [3]Laboratorio de Biología Celular y Molecular, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional de Colombia Sede Medellín.

El manejo integrado de enfermedades virales se basa entre otros aspectos, en la disponibilidad de material de siembra libre de virus, para lo que se requiere no sólo de procesos efectivos de limpieza de las plantas madre, sino también de métodos de detección altamente sensibles y específicos. En este trabajo se presentan los resultados de la aplicación de la técnica de RT-PCR en tiempo real (RT- qPCR) como base para la detección de diez virus de RNA (PVY, PYVV; PVX, PVS, PLRV, PVA, ToRSV, PMTV, PVV y TaLMV) en tubérculos-semilla de papa (variedad Diacol-Capiro); siendo además obtenida información de sus genomas a partir de secuenciación de nueva generación (NGS) y Sanger. La detección de los virus se realizó en los brotes de las yemas de los tubérculos y se confirmó en las plantas resultantes bajo condiciones de casa-malla, evaluándose 14 lotes de semillas y tres muestras/lote. Los resultados indicaron la presencia de cinco (PVY, PYVV; PVX, PVS, PLRV) de los diez virus evaluados, siendo los virus PVY (Ct=13,06-35; Tm=76,5-78,2), PLRV (Ct=26,3-35; Tm=81- 82,5) y PYVV (Ct=22,5-35; Tm=77-79,5) los más incidentes con niveles del 64,2%, 33,3% y 26,2%, respectivamente; mientras que el PVS (Ct=17,5-35; Tm=86-87,5) y PVX (Ct=27,3-35; Tm=79,7-84) presentaron niveles inferiores al 20%. Los análisis de NGS permitieron conseguir los genomas completos de los virus PVY, PYVV y PVS, mientras que se obtuvo por Sanger la secuencia de la cápside para PVX y PLRV. Estos resultados señalan la necesidad de fortalecer los programas de certificación de tubérculo semilla de papa en Colombia y de continuar con la identificación y caracterización de los virus específicos que afectan cada variedad de papa.

Área Temática: Detección y Diagnóstico Póster 089

Secuenciación del genoma completo de tres virus de RNA que infectan cultivos de lulo (*Solanum quitoense*) en Antioquia (Colombia)

Yuliana M. Gallo García[1,2], Luisa Fernanda Toro Fernández[2], Helena Jaramillo Mesa[2], Pablo Gutiérrez Sánchez[2] y Mauricio Marín Montoya[3*]

[1]Facultad de Medicina, Universidad CES, Medellín, Colombia. [2]Laboratorio de Microbiología Industrial, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional de Colombia Sede Medellín, Colombia. [3]Laboratorio de Biología Celular y Molecular, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional de Colombia Sede Medellín, Colombia.

El lulo (*Solanum quitoense*) es uno de los cultivos de plantas solanáceas menos estudiado con respecto a los agentes causales de sus enfermedades. Esta situación es especialmente crítica para los virus que afectan este frutal en las regiones andinas de Colombia. En este trabajo utilizando secuenciación de nueva generación (NGS) del transcriptoma de plantas con síntomas de amarillamientos intervenales, mosaicos y deformación de brotes, obtenidas en el Oriente del departamento de Antioquia (Colombia), se detectó la infección de tres virus tripartirta de RNA: cucumber mosaic virus (CMV), potato yellow vein virus (PYVV) y Alstroemeria necrotic streak virus (ANSV); siendo el CMV, el que presentó mayor porcentaje de *reads* (99,6% de *reads* virales) en el set de datos obtenido (10.777.822 de *reads*). En los tres virus fue posible el ensamblaje de sus genomas completos, los que presentaron extensiones de 8.523 nt, 16.708 nt y 17.000 nt, para CMV, ANSV y PYVV, respectivamente. La infección de los tres virus en muestras individuales de plantas de lulo sintomáticas fue confirmada mediante RT-PCR, para lo cual se diseñaron cebadores específicos con base en los genomas de CMV (CMV1RP_F y CMV1RP_R) y ANSV (Tospo_S_F y Tospo_S_R); el PYVV se detectó con cebadores reportados previamente en papa (PYVV_F_CP y PYVV_R_CP). El reporte de la secuencia del genoma completo de ANSV es el primero en el mundo para este tospovirus, mientras que para CMV y PYVV corresponde a los primeros registros de este tipo para aislamientos que infectan lulo. En el futuro será necesario evaluar los efectos de estos virus sobre los rendimientos, longevidad de plantas y calidad de semilla de lulo, así como sus métodos de transmisión, rango de hospedantes y sintomatología específica.

Área Temática: Detección y Diagnóstico Póster 090

Daños en el cultivo del azafrán causados por *Stromatinia gladioli*

Ramona María Muñoz[1*], Purificación Castillo[1], María Luisa Lerma[1], Víctor Manuel Tolosa[1], Maela León[2], Josep Armengol[2]

[1]Servicio de Diagnóstico y Asistencia Fitosanitaria (SEDAF), Instituto Técnico Agronómico Provincial de Albacete (ITAP). Parque Empresarial Campollano, 2ª Avda. nº 61. 02007 Albacete. [2] Instituto Agroforestal Mediterráneo, Universidad Politécnica de Valencia, Camino De Vera s/n. 46022 Valencia.

El azafrán es una especia que se obtiene del estigma tostado de las flores de azafrán (*Crocus sativus*
L.), cuyo cultivo es tradicional de la región castellano- manchega.

En febrero y abril de 2014 se observaron síntomas de una enfermedad en dos parcelas de cultivo de azafrán de las provincias de Albacete y Toledo. Las plantas mostraban marchitez, con presencia de coloraciones rojizas oscuras en las vainas de las hojas localizadas al nivel del suelo, así como podredumbre en los cormos.

Se realizaron aislamientos fúngicos a partir de vainas foliares y cormos sintomáticos. Los tejidos se desinfectaron superficialmente, se enjuagaron dos veces con agua destilada estéril y se sembraron en medio patata dextrosa agar suplementado con sulfato de estreptomicina (PDAS).

En las muestras se aislaron consistentemente colonias fúngicas que presentaban un micelio estéril de color marrón con algunos pequeños esclerocios de color oscuro. Para la identificación molecular se realizó la secuenciación de la región ITS de aislados representativos. Las secuencias obtenidas permitieron la identificación de los aislados como pertenecientes a la especie *Stromatinia gladioli* (Drayton) Whetzel.

Se realizó un ensayo de patogenicidad en macetas utilizando dos aislados de *S. gladioli*, procedentes de las parcelas afectadas. Se inocularon 10 cormos por aislado y 10 cormos no inoculados como controles. Al cabo de cuatro meses de incubación no se observaron síntomas en las plantas control, mientras que las inoculaciones artificiales reprodujeron los síntomas. El hongo fue reaislado a partir de los tejidos afectados, confirmándose los postulados de Koch.

Se trata de la primera cita de *Stromatinia gladioli* afectando al cultivo del azafrán en España.

Área Temática: Detección y Diagnóstico Póster 091

Etiología de la Septoriosis del pistachero en Andalucía

A. López-Moral[1], C. Agustí-Brisach[1], M. Lovera[2], C. Trapero[1], M.C. Raya[1], L.F. Roca[1], O. Arquero[2], A. Trapero[1].

[1]Departamento de Agronomía, ETSIAM, Universidad de Córdoba (UCO), Campus de Rabanales, Edif. C4, 14071 Córdoba, España. [2]Departamento de Fruticultura Mediterránea, IFAPA, Alameda del obispo s/n, 14004 Córdoba, España.

La septoriosis del pistachero es una enfermedad prevalente en todos los países en los que se implanta este cultivo, especialmente en la cuenca mediterránea, Oriente Medio y EE.UU. En España, la enfermedad está ampliamente distribuida, afectando tanto a *Pistacia vera* como a *P. terebinthus*, pudiendo ocasionar defoliaciones prematuras y reducción del vigor de los árboles. Diversas especies del género *Septoria* o géneros afines han sido asociadas a esta enfermedad. Debido a su reciente reclasificación taxonómica, se ha llevado a cabo un estudio de caracterización morfológica y molecular de *Septoria* spp. afectando a hojas de *P. vera* en Andalucía. Para ello, se seleccionaron aislados representativos de *Septoria* spp. obtenidos de plantaciones afectadas en las provincias de Córdoba, Jaén y Málaga. Se describieron morfológicamente en base a las características de las colonias en PDA; así como a la longitud, anchura y número de septos de conidios obtenidos directamente de hojas afectadas. En PDA, las colonias mostraron crecimiento lento, con micelio denso y consistente, y tonalidades grises; los conidios se caracterizan por ser alargados (52,8 × 2,5 µm), hialinos, con 1 a 4 septos. Basándonos en la clave taxonómica existente para este género, dichos aislados se clasificaron morfológicamente como *Septoria pistaciarum* Chitzan., confirmándose posteriormente mediante los análisis filogenéticos de la región interna transcrita del ARN ribosómico (ITS) y de la proteína β- tubulina. Para dilucidar su ciclo de patogénesis, desde octubre de 2017 se está realizando un seguimiento de la evolución del patógeno, tanto en las hojas del árbol como en las hojas caídas que permanecen en la superficie del suelo desde finales del otoño hasta la primavera.

Área Temática: Detección y Diagnóstico Póster 092

Situación actual de las enfermedades de la madera de la vid en la DOP Montilla-Moriles afectando a la variedad *Pedro Ximénez.*

C. Agustí-Brisach *, A. López-Moral, M.C. Raya-Ortega, R. Franco, L.F. Roca-Castillo, A. Trapero.

Departamento de Agronomía, ETSIAM, Universidad de Córdoba (UCO), Campus de Rabanales, Edif. C4, 14071 Córdoba, Spain.

Este trabajo revela la problemática de las enfermedades de la madera de la vid en la DOP Montilla- Moriles afectando a la variedad '*Pedro Ximénez*', originaria de la provincia de Córdoba, Andalucía. Entre 2016 y 2017 se prospectaron 25 viñedos comerciales de la variedad '*Pedro Ximénez*', incluyendo plantaciones jóvenes y adultas, mostrando síntomas de decaimiento general. Se realizaron aislamientos de las muestras de madera obtenidas, y en base a las características morfológicas de las colonias desarrolladas en PDA se seleccionaron 23 aislados fúngicos representativos asociados con las distintas enfermedades de la madera de la vid (Botryosphaeria y Eutypa dieback, Enfermedad de Petri, Pie negro y Yesca). Todos ellos se describieron morfológicamente en base al color de la colonia, crecimiento micelial y características de sus conidios. Además, se evaluó el efecto de la temperatura sobre el crecimiento micelial. La identificación de estos aislados se confirmó por análisis filogenéticos de la región interna transcrita del ARN ribosómico (ITS) y de varias proteínas (actina, β-tubulina, factor de elongación 1-α, e histona H3). Se identificaron las siguientes especies: *Cadophora luteo-olivacea*, *Cryptovalsa. ampelina*, *Dactylonectria alcacerensis*, *Da. novozelandica*, *Diplodia corticola*, *D. mutila*, *D. seriata*, *Eutypa lata*, *Fomitiporia mediterranea*, *Ilyonectria liriodendri*, *Neofusicoccum mediterraneum*,
N. parvum, *Phaeoacremonium iranianum*, *Pm. minimum* y *Phaeomoniella chlamydospora*. A pesar de que los hongos de madera de la vid son ampliamente conocidos en las principales regiones vitivinícolas del mundo, este supone el primer estudio sobre dicha problemática afectando a la variedad '*Pedro Ximénez*' en la DOP Montilla-Moriles.

Área Temática: Detección y Diagnóstico Póster 093

Caracterización morfológica, molecular y patogénica de hongos vasculares asociados a chancros y seca de ramas del olivo.

C. Agustí-Brisach*, J.P. Jiménez-Urbano, M.C. Raya-Ortega, A. Trapero.

Departamento de Agronomía, ETSIAM, Universidad de Córdoba (UCO), Campus de Rabanales, Edif. C4, 14071 Córdoba, España.

La seca y muerte de ramillas del olivo en Andalucía se ha asociado generalmente al hongo *Neofusicoccum mediterranenum*. Sin embargo, existen otras especies fúngicas que podrían estar asociadas con este síndrome y que actualmente todavía no han sido descritas en España afectando al olivo. En este trabajo se caracteriza una colección de ocho aislados fúngicos obtenidos de muestras de madera de olivo mostrando decoloración interna de la madera y tejido xilemático muerto. Todos ellos se describieron morfológicamente en base al color de la colonia, crecimiento micelial, características de sus conidios y producción de esporas en PDA, MEA y OA. Los caracteres morfológicos y la producción de esporas fueron muy variables dependiendo tanto del aislado como del medio de cultivo utilizado. El efecto de la temperatura sobre el crecimiento micelial se evaluó sobre PDA, observándose crecimiento lento (0,7-2,0 mm/día) y un óptimo de temperatura entre 23,1 y 30,6ºC. La identificación de estos aislados se confirmó por análisis filogenéticos de la región interna transcrita del ARN ribosómico (ITS) y de las proteínas actina y β-tubulina. Se identificaron las siguientes especies: *Acremonium* sp., *Cadophora luteo-olivacea*, *Paracremonium inflatum*, *Phaeoacremonium alvesii*, *Ph. minimum*, *Ph. scolyti* y *Pseudophaeomoniella oleae*. La patogenicidad de estos aislados se está evaluando en plantones de olivo de un año de la variedad Arbequina, inoculados con discos de agar con micelio. Además, se incluyeron aislados de *C. luteo-olivacea*, *Ph. minimum* y *Phaeomoniella chlamydospora* procedentes de vid para evaluar su virulencia en olivo. Este trabajo supone el primer estudio de etiología de enfermedades vasculares asociadas con la seca de ramas del olivar en Andalucía.

Área Temática: Detección y Diagnóstico Póster 094

Partial characterization of FodV3, a new mycovirus identified in *Fusarium oxysporum* f. sp. *dianthi.*

Almudena T.Trenas[1,2*], Carmen Cañizares[2], María Dolores García-Pedrajas[2], Encarnación Pérez-Artés[1].

[1] Depto. Protección de cultivos, Instituto de Agricultura Sostenible, Consejo Superior de Investigaciones Científicas (IAS-CSIC), Alameda del Obispo s/n, 14004 Córdoba, España. [2] Depto. Protección de plantas, Instituto de Hortifruticultura Subtropical y Mediterránea "La Mayora", Universidad de Málaga- Consejo Superior de Investigaciones Científicas (IHSM-UMA-CSIC), 297550 Algarrobo-Costa, Málaga, España

Micoviruses that infect phytopathogenic fungi are interesting because of their potential to be used as biological control agents of their fungal hosts. Screening of the presence of mycoviral dsRNA molecules in a wide collection of *Fusarium oxysporum f. sp. dianthi* isolates revealed the presence of different dsRNA banding patterns corresponding to different viral families. In this work, a novel dsRNA mycovirus, named *Fusarium oxysporum f. sp. dianthi* virus 3 (FodV3) has been partially characterized. Partial sequence data indicate that FodV3 is a new member of the family Alternaviridae that is composed of 4 dsRNA segments ranging, approximately, from 3,2 to 1,5 Kb,. The largest segment encodes a putative RNA-dependent RNA-polymerase; the other three segments encode hypothetical proteins with unknown functions.

Preliminary results, obtained in a pathogenicity test where different carnation cultivars were inoculated with the FodV3-infected isolate, suggest that the presence of the mycovirus could be associated to a reduced virulence. In order to determine the effect of FodV3 on its fungal host, attempts were made to transfer the mycovirus from the naturally-infected isolate to another hygR-tagged isolate by hyphal anastomosis, without positive results. Alternatively, we selected a number of individual conidia and analyzed the resultant monoconidial cultures to look for a virus-free culture, but this attempt was also unsuccessful. Finally, we are now using a transfection protocol using protoplasts from thre hygR-tagged isolate and purified mycoviral dsRNA.

Área Temática: Detección y Diagnóstico Póster 095

Caracterización de especies de *Fusarium* implicadas en el decaimiento del espárrago en España

Eduardo De la Lastra[1], Alexandri Brizuela[2], Juan Diego Astacio[1], Miguel De Cara[3], Daniel Palmero[2] y Nieves Capote[1*]

[1] IFAPA Centro Las Torres, Apdo. Oficial 41200, Alcalá del Río, Sevilla. [2] Universidad Politécnica de Madrid, Avda. Puerta de Hierro 4, 28040, Madrid. [3] IFAPA-La Mojonera, Camino San Nicolás n.1, 04745, La Mojonera, Almería.

El espárrago (*Asparagus officinalis* L.) es un cultivo de gran importancia económica. España es el sexto productor mundial y el segundo europeo, tras Alemania. El decaimiento del espárrago es un síndrome que reduce drásticamente el período productivo de las plantaciones e impide la replantación de las mismas durante largos periodos de tiempo. Entre los factores bióticos asociados a este síndrome, se encuentran varias especies de *Fusarium.* En este estudio se han prospectado más de 30 fincas localizadas en tres áreas productoras de espárrago en España (Navarra, Madrid y Granada), con distinto nivel de afectación por la enfermedad: i) fincas no afectadas, ii) fincas con más de cinco años de cultivo y presencia de decaimiento, y iii) fincas con menos de cinco años de cultivo y presencia de decaimiento. A partir del tallos, raíces y coronas de plantas de espárrago, se han identificado más de 200 aislados de *Fusarium* pertenecientes a las especies *F. oxysporum* f. sp. *asparagi* (*Foa*), *F. proliferatum* (*Fp*), *F. solani*, *F. redolens*, *F. incarnatum-equiseti*, *F. tricinctum*, *F. avenaceum* y *F. culmorum*, con una distribución diferente según la región de producción y con distinta prevalencia en los tejidos de la planta. *Foa* y *Fp* fueron las especies más patogénicas. Análisis filogenéticos multilocus de secuencias parciales del factor de elongación 1a (*EF-1a*), y las subunidades 1 y 2 de la ARN polimerasa II (*RPB1* y *RPB2*) de las especies de *Fusarium*, determinaron la existencia de varios grupos filogenéticos dentro de los complejos de especies, no relacionados con el origen de los aislados. La caracterización de las especies de *Fusarium* implicadas en el decaimiento del espárrago ayudará al desarrollo e implementación de futuras estrategias de control.

Proyecto RTA2015-00008-C02, financiado por INIA y FEDER 2014-2020 "Programa Operativo de Crecimiento Inteligente".

Área Temática: Detección y Diagnóstico Póster 096

Bacterias asociadas al chancro espumoso del almendro en España

Nieves Capote[1], Silvia Barbé[2], Ana Palacio-Bielsa[3], Francisco T. Arroyo[1], Adela Monterde[2], José Malagón[4], Ester Marco-Noales[2*]

[1]IFAPA Centro Las Torres, Apdo. Oficial, 41200 Alcalá del Río, Sevilla. [2]Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias (IVIA). CV-315, Km 10,7, 46113 Moncada, Valencia. [3]Centro de Investigación y Tecnología Agroalimentaria de Aragón. Instituto Agroalimentario de Aragón IA2 (CITA-Universidad de Zaragoza), Av. Montañana 930, 50059 Zaragoza. [4]Conselleria de Agricultura, Medio Ambiente, Cambio Climático y Desarrollo Rural, Generalitat Valenciana

El chancro espumoso ("*foamy canker*" en inglés) es una enfermedad de etiología desconocida detectada en almendros. Los síntomas aparecen en primavera-verano y consisten en chancros en la horquilla de los árboles de los que emana un exudado viscoso de color naranja y una espuma con fuerte olor a fermento. Estos síntomas se extienden a las ramas, que presentan un ablandamiento de la corteza y necrosis del tejido subcortical. Cuando la enfermedad progresa, se produce una importante merma en la producción o incluso el secado y la muerte del árbol. En prospecciones realizadas en las principales áreas de producción de almendra de España, entre 2014 y 2017, se detectaron árboles afectados de 2 a 10 años de edad, de las variedades 'Lauranne', 'Guara', 'Marta', 'Soleta', y 'Vairo', sobre patrones GF677 y GxN Garnem, localizados en Andalucía, Aragón, Cataluña, Castilla-La Mancha y Comunidad Valenciana. En Andalucía, la enfermedad provocó la muerte de más de 200 almendros en 2017. Se analizaron muestras de tejido subcortical y exudado de árboles afectados para determinar posibles agentes bacterianos implicados, aislándose de manera consistente especies de *Lonsdalea* (causantes de chancros en quercíneas y forestales), *Zymobacter palmae* (especie fermentadora), *Methylobacterium* sp. y *Gibbsiella greigii*. Actualmente, se están realizando ensayos de patogenicidad en árboles jóvenes con una selección de los aislados recuperados, aunque por ahora no se han podido reproducir los síntomas. Para estudiar la microbiota asociada al chancro espumoso, y abordar desde una aproximación de alto rendimiento la identificación de posibles agentes asociados a esta patología, se realizará un estudio metataxonómico de muestras de árboles afectados.

Proyecto PP.AVA.AVA2016.18 con 80% financiación del Fondo Europeo de Desarrollo Regional, "Programa Operativo FEDER de Andalucía 2014-2020".

Área Temática: Detección y Diagnóstico Póster 097

Caracterización de la mancha negra de poscosecha del caqui (*Diospyros kaki* L.) causada por *Alternaria alternata*

Lluís Palou*, Verònica Taberner

Laboratori de Patologia, Centre de Tecnologia Postcollita (CTP), Institut Valencià d'Investigacions Agràries (IVIA), Ctra. CV-315 km 10,7, 46113 Montcada, València

El cultivo del caqui (*Diospyros kaki* L.) se ha incrementado notablemente en España debido mayoritariamente a la expansión del cultivar autóctono valenciano 'Rojo Brillante'. Este fruto, que se consume duro tras un tratamiento de desastringencia con CO_2, es muy demandado en los mercados europeos y en algunas zonas sustituye al cultivo de cítricos debido a su crisis de precios. Entre los factores limitantes de su conservación y vida poscosecha destacan los daños por frío y la mancha negra de poscosecha causada por el hongo *Alternaria alternata* (Fr.) Keissler. En este trabajo, además de aislar e identificar el agente causal, se determinó durante dos campañas consecutivas la incidencia de la enfermedad en caquis 'Rojo Brillante' de dos parcelas distintas de la zona de la Ribera del Xúquer (DOP, Valencia). La incidencia de la mancha negra en caquis intactos desinfectados superficialmente e incubados en cámaras húmedas a 25ºC hasta 9 semanas (infecciones latentes de campo) fue del 50-80% (según campaña) y del 100% a las 2 y 4 semanas de incubación, respectivamente. En frutos sometidos a manejo comercial en la central frutícola (no existen tratamientos fungicidas de poscosecha autorizados) y a conservación frigorífica prolongada (hasta 5 meses a 1ºC y 90% HR), la incidencia fue del 25-60% y del 80-100% (según campaña) a las 4 y 8 semanas a 1ºC. En general, no se observaron diferencias significativas entre parcelas. Además, se puso a punto un método para la determinación de infecciones latentes de campo en frutos recién cosechados basado en la congelación de los frutos a -20ºC durante 48 h y se estableció un índice de enfermedad específico para el cultivar 'Rojo Brillante' basado en una escala de 0 a 5 en función del tipo de síntoma en el fruto y su severidad.

Área Temática: Detección y Diagnóstico Póster 098

Presencia de especies de *Dactylonectria* e *Ilyonectria* en parcelas de vid adultas de Castilla La Mancha con síntomas de la enfermedad de la yesca

Víctor Manuel Tolosa, Purificación Castillo, María Luisa Lerma, Ramona María Muñoz*

Servicio de Diagnóstico y Asistencia Fitosanitaria (SEDAF), Instituto Técnico Agronómico Provincial de Albacete (ITAP). Parque Empresarial Campollano, Segunda Avenida, 6, 02007 Albacete.

Tradicionalmente, las enfermedades de la madera de la vid asociadas a planta adulta han sido la yesca, la eutipiosis y el decaimiento por Botryosphaeria, siendo la enfermedad de Petri y el pie negro las patologías asociadas preferentemente a decaimientos en plantaciones jóvenes. Entre los agentes causales del pie negro destacan las especies los géneros *Dactylonectria* e *Ilyonectria.*

Este estudio se realizó a partir de los datos obtenidos en tres parcelas con cepas adultas y con síntomas de yesca, localizadas en las provincias de Ciudad Real y Cuenca. En cada parcela se clasificaron las plantas en cuatro grupos según el nivel de síntomas foliares de yesca (sin síntomas, iniciales, medios y avanzados). Dos plantas de cada grupo fueron analizadas mediante aislamiento fúngico. Para los aislamientos se sembraron cuatro cortes transversales de la madera realizados a distinta altura de la planta, así como fragmentos de raíces de dos grosores distintos.

Los cortes transversales realizados a las plantas mostraron que en todas ellas era posible apreciar síntomas de hongos de madera (necrosis, en ocasiones junto a podredumbre esponjosa), sin que exista una correlación clara entre el nivel de síntomas internos y el nivel establecido a partir de síntomas externos. En general, se detectaron las mismas especies fúngicas tanto patógenas como no patógenas y en proporciones similares en plantas correspondientes a los distintos grupos según los síntomas externos. Aunque el estudio fue realizado en parcelas de plantas adultas con incidencia predominante de síntomas de yesca, se detectaron de forma significativa especies asociadas al pie negro de la vid. Se confirmó la presencia de las especies *D. alcacerensis*, *D. novozelandica*, *D. torresensis* e *I. liriodendri*.

Área Temática: Detección y Diagnóstico Póster 099

Streptomyces spp asociadas a la sarna común de la patata

Arslan Sarwar[1], Lucio García Calvo[2], Carlos González-Osorio[3], Cristina Cabaleiro[3*]

[1]*Department of Microbiology and Molecular Genetics, University of the Punjab, Pakistan.* [2]*Centro Tecnolóxico de la Carne, INGACAL.* [3]*Universidade de Santiago de Compostela, Departamentos de Produción Vexetal e Proxectos de Enxeñaría y Microbioloxía e Parasitoloxía*

La sarna común de la patata es una de las bacteriosis más extendidas en ese cultivo en todas las zonas de producción; los daños que produce tienen especial importancia porque afectan considerablemente al precio de mercado, especialmente en la patata "lavada" que se está imponiendo en el mercado para fresco. Ante la falta de estudios sobre esta enfermedad en España, se solía asumir que la especie implicada era *Streptomyces scabies*. En un muestreo a escala europea, un limitado número de muestras procedentes de España resultaron ser *S. europeiscabies* (Flores- González et al., 2008), pero no hay estudios que identifiquen las especies asociadas a la sarna en España. En Galicia, donde la importancia de la sarna común está creciendo, se estudió durante 2015 su prevalencia y los agentes causales implicados en los síntomas observados. Se recogieron tubérculos de patata de 25 localizaciones en varias zonas de producción en A Coruña, Lugo y Ourense. Se obtuvieron 124 aislamientos bacterianos de lesiones en los tubérculos y se identificaron las colonias del tipo *Streptomyces.* La identificación se confirmó mediante amplificación 16s rRNA PCR y secuenciación. Usando cebadores especie-específicos y PCR-RFLP, de los 124 *Streptomyces* spp. se confirmó el genotipo de 28 razas como pertenecientes a varios grupos patogénicos causantes de sarna. El 57% de los aislados fueron identificados como *S. europaeiscabies*, el 21% como *S. turgidiscabies*, el 15% como *S. bottropensis,* solo el 7% resultó ser *S. stelliscabies* y no se identificó *S. scabies.* Para determinar la patogenicidad de las razas de *Streptomyces* se hizo una amplificación PCR de los genes txtAB, nec1 and tomA. Varias de las especies encontradas se citan por primera vez en Galicia y/o en España.

Área Temática: Detección y Diagnóstico Póster 100

Molecular identification of *Colletotrichum* isolates from blackberry in Brazil

Luiz Henrique Rocha Lopes[1*], Ailton Reis.[2]

[1]*Universidade de Brasília, Departamento de Fitopatologia, Brasília, Distrito Federal, Brasil.* [2]*Embrapa Hortaliças, C.P. 218, 70.275-970, Brasília, Distrito Federal, Brasil.*

Blackberry (Rubus fruticosus L.) is a host of fungi, bacteria and viruses that can adversely affect the growth and development of plant organs, especially fruits. Anthracnose attributed to the fungus Colletotrichum spp. is among the most damaging diseases in blackberry plants in Brazil. For a long time, the idetification of Colletotrichum species was performed only based on morphological criteria, such as conidia sizeand colony appearance. Due the variable nature of these characteristics, multilocus analysis is currently used for identification of Colletotrichum species. The objective of this study was to identify the species of Colletotrichum of three monosporic isolates from fruits and leaves collected in the Federal District, Brazil. Subsequently, DNA extraction was carried out followed by amplifications of genomic regions Beta-Tubulin and GAPDH. The results showed that the three isolates belong to the Colletotrichum acutatum complex, with 99% genetic similarity with Colletotrichum nymphaeae. Thus, the correct identification of the etiology of anthracnose in blackberry in Brazil will promote a better targeting to obtain an acceptable level of occurrence of this disease without causing economic damages to producers.

Área Temática: Detección y Diagnóstico Póster 101

Primera detección de *Pestalotiopsis clavispora* (*Neopestalotiopsis clavispora*) causando chancros y muerte regresiva en ramas de arándano en España

Celia Borrero*, Raúl Castaño, Manuel Avilés.

Dpto. Ciencias Agroforestales, E.T.S.I.A. Universidad de Sevilla, Ctra. Utrera, km 1, 41013, Sevilla, España.

En septiembre de 2015 se observaron ramas con chancros marrón rojizo o muerte regresiva en arándanos de varias fincas de Huelva. A partir de trozos de tallos afectados, desinfectados superficialmente e incubados en medio PDA, se aislaron colonias fúngicas de aspecto y morfología coincidente con *Pestalotiopsis clavispora* (G.F. Atk.). La identidad de dos de estos aislados se confirmó analizando la región ITS usando los primers ITS1-ITS4. Búsquedas en el GenBank a través de BLAST confirmaron que los aislados presentaban una alta identidad con *Neopestalotiopsis clavispora*/*P. clavispora*. Se realizó un test de patogenicidad en cámara de cultivo con dichos aislados usando los cultivares 'Mystic' y 'Star'. Los aislados crecieron en PDA acidificado y la inoculación consistió en la aplicación de discos de agar (4-5 mm de diámetro) sobre heridas en el tallo a 10 cm de altura, causadas con un taladro, de 5 mm de profundidad. Estos discos se sellaron con parafilm y posteriormente las plantas se mantuvieron al 100 % de humedad durante 2 h. A continuación las plantas permanecieron con un fotoperiodo de 14 h día (30ºC) y 8 h noche (28ºC) durante dos meses. Se inocularon seis plantas (repeticiones) por cultivar y aislado. A los testigos se les aplicó discos de agar sin hongo en las heridas. A los dos días de la inoculación las ramas inoculadas empezaron a presentar lesiones marrón rojizo y al final del ensayo se observaron chancros en todas las plantas inoculadas. Las plantas testigo no presentaron lesiones. Ambos aislados presentaron una agresividad similar en ambas variedades. *P. clavispora* se reaisló de las plantas inoculadas cumpliéndose los postulados de Koch. Esta es la primera detección de *P. clavispora* causando chancros en ramas de arándano en España y en Europa.

Área Temática: Detección y Diagnóstico Póster 102

Diseño de cebadores específicos para la detección de *Pectobacterium carotovorum* subsp. *carotovorum*

Suárez M.B.[1*], Diego M.[1,2], Palomo J.L.[2]

[1]*Instituto de Biología Funcional y Genómica (IBFG). CSIC/Universidad de Salamanca. C/ Zacarías González nº 2, 37007 Salamanca.* [2]*Centro Regional de Diagnóstico, Junta de Castilla y León. Ctra. Aldealengua-Babilafuente Km. 4, 37340 Aldearrubia (Salamanca).*

Pectobacterium es un género de bacterias Gram negativas, caracterizado por la producción de enzimas pectinolíticas que degradan la pared celular y ocasionan podredumbres blandas en diferentes especies vegetales. Dentro de este género, *P. carotovorum* subsp. *carotovorum* es una subespecie polífaga, que afecta principalmente a cultivos hortícolas, causando grandes pérdidas económicas en todo el mundo.

Hasta ahora, la identificación de *P. carotovorum* subsp. *carotovorum* mediante PCR ha resultado confusa por la falta de cebadores específicos. El ensayo descrito por Darrasse *et al.* (1994) para la identificación de *P. carotovorum,* no permite discriminar esta especie de otras como *betavasculorum*, *odoriferum* o *atrosepticum*. Posteriormente, el protocolo descrito por Kang *et al*. (2003) para la detección *P. carotovorum* subsp. *carotovorum*, amplifica también cepas de las especies *P. wasabiae* y *P. parmentieri* (Suárez *et al*., 2017).

En el presente trabajo hemos seleccionado secuencias del gen 16S y de las regiones ITS de cepas de referencia disponibles en la bases de datos (NCBI). El alineamiento de estas secuencias permitió seleccionar los cebadores PccF y PccR, cuya especificidad se comprobó *in silico* y se validó *ex silico* utilizando cepas de referencia de *Pectobacterium* y *Dickeya,* y cepas de la colección del Centro Regional de Diagnóstico (Salamanca). Mediante PCR convencional se amplificó un fragmento de aproximadamente 1500 pb únicamente a partir de ADN de *P. carotovorum* subsp. *carotovorum.* Por tanto, PccF y PccR podrán ser utilizados para implementar un protocolo de PCR (convencional o cuantitativa) que permita la detección directa y fiable de este patógeno en muestras vegetales con síntomas de podredumbre blanda.

Área Temática: Detección y Diagnóstico Póster 103

Especies relacionadas con el decaimiento por Diaporthe y por hongos "pestalotioides" identificadas en muestras de viña

Olga Aguín*, Vanesa Redondo, Daniel Costas, Gabriel Casariego, Cristina Pintos, Pedro Mansilla

Estación Fitopatolóxica Areeiro, Deputación Pontevedra. Subida á Carballeira s/n. 36153. Pontevedra.

Las enfermedades de madera de viña (EMVs) son uno de los problemas fitosanitarios más preocupantes que afecta al sector vitivinícola a nivel internacional. Las EMVs están constituidas por un complejo de hongos de muy diversa naturaleza que integra hasta 7 patologías: enfermedad de petri, pie negro, yesca, eutipiosis, decaimiento por Botryosphaeria, decaimiento por Diaporthe y decaimiento por hongos "pestalotioides". En los últimos años, se ha profundizado en el conocimiento sobre la diversidad y patogenicidad de estos dos últimos grupos. Por ello, el objetivo de este estudio ha sido caracterizar por morfología y técnicas moleculares los aislados asociados a los decaimientos causados por Diaporthe y hongos "pestalotioides" obtenidos a partir de muestras de viña durante los años 2017 y 2018. Se obtuvieron un total de 62 aislados, 40 implicados en el decaimiento por Diaporthe y 22 en el decaimiento por hongos "pestalotioides". Los análisis filogenéticos multilocus identificaron un total de 14 especies: 8 del género *Diaporthe* (*D. ambigua, D. ampelina, D. amygdali, D. eres, D. foeniculina, D. novem, D. phaseolorum* y *D. rudis*), 4 del género *Pestalotiopsis* (*P. biciliata, P. chamaeropsis, P. portugalica* y *P. scoparia*) y 2 de *Neopestalotiopsis* (*N. asiatica y N. rosae*).

Área Temática: Detección y Diagnóstico Póster 104

Detección y caracterización de *Lonsdalea quercina* subsp. *populi* en chopos en Portugal

Luisa Moura[1], Adela Abelleira[2], Olga Aguín[2*], Rute Rego[1], Pilar Piñón[2], Pedro Mansilla[2]

[1]*Escola Superior Agrária, Instituto Politécnico de Viana do Castelo, Refóios, 4990-706 Ponte de Lima, Portugal.* [2]*Estación Fitopatolóxica Areeiro, Deputación Pontevedra, Subida á Carballeira s/n, 36153 Pontevedra, España.*

Lonsdalea quercina subsp. populi es una bacteria que causa la enfermedad del chancro de la corteza en chopos y que ha sido descrita en Hungría, China y España. Los síntomas más característicos de esta patología son la presencia de chancros verticales delimitados por abundantes exudados pardo- oscuros que pueden dar lugar a la muerte del árbol en los casos más severos de la enfermedad. En noviembre de 2017 se recibieron, en el laboratorio de la Estación Fitopatolóxica Areeiro, muestras de chopo procedentes de una plantación localizada en Portugal. En las muestras se observaban los síntomas anteriormente descritos, además de una masa cremosa blanquecina por la superficie del chancro. Para determinar el agente causal de esa sintomatología, se seleccionaron fragmentos de tejido infectado del margen de la lesión y de los exudados que delimitaban los chancros. Se obtuvieron 8 aislados en KB que se identificaron y caracterizaron como *L. quercina* subsp. populi por análisis bioquímicos, fenotípicos, perfil de ácidos grasos y técnicas moleculares. La masa cremosa blanquecina presente en los chancros, estaba formada por un elevado número de individuos del nematodo de vida libre *Panagrellus redivivus,* asociado con esta enfermedad. Se realizaron ensayos de patogenicidad, con dos de los aislados caracterizados de la bacteria, en planta joven de Populus x euramericana clon I-214 inoculando una suspensión bacteriana con una concentración de 10^7. A los 4- 7 días ya se observaron los primeros síntomas de la enfermedad en las plantas inoculadas y ninguno en las plantas control. Se trata de la primera vez que se determina en Portugal la presencia de *L. quercina* subsp. populi causando la enfermedad del chancro de la corteza en chopo.

Área Temática: Detección y Diagnóstico Póster 105

Hongos del género *Diaporthe* detectados en plantas ornamentales

Olga Aguín*, Daniel Costas, Vanesa Redondo, Gabriel Casariego, Cristina Pintos, Pedro Mansilla

Estación Fitopatolóxica Areeiro, Deputación de Pontevedra. Subida á Carballeira s/n. 36153. Pontevedra, España.

El género *Diaporthe* está integrado por un grupo de hongos muy diverso y de amplia distribución por todo el mundo. Muchas de estas especies son fitopatógenas y causan enfermedades en un extenso rango de plantas de interés económico y ornamental. Los síntomas que ocasionan incluyen la pudrición de raíces y frutos, cancros, manchas foliares o marchitamiento y muerte de ramillos. La clasificación de este género es compleja y diversos estudios inciden en que la delimitación de especies, basada tradicionalmente en características morfológicas y la especificidad del hospedador, requiere actualmente de datos moleculares y el empleo de filogenias multilocus. El objetivo de este trabajo fue estudiar la distribución y diversidad de especies de *Diaporthe* asociadas a plantas de interés ornamental. Para ello se tomaron muestras sintomáticas de 66 plantas, pertenecientes a 26 familias botánicas, en 12 parques y jardines de la provincia de Pontevedra. El aislamiento fúngico de las muestras se realizó mediante siembra en medios de cultivo y los aislados obtenidos se identificaron empleando técnicas morfológicas y moleculares, que incluyeron la amplificación, secuenciación y análisis filogenético de 5 regiones génicas (ITS, CAL, HIS, TEF1 y TUB). Se obtuvo un total de 97 aislados de los cuales 28 fueron asignados a 5 especies distintas: *Diaporthe amygdali*,
D. eres, *D. foeniculina*, *D. rudis y D. stictica*. De ellas, las más frecuentes fueron *D. foeniculina*, *D. rudis* y *D. eres*, por ese orden, y *D. foeniculina* fue la más ampliamente distribuida en cuanto a rango de hospedadores. El análisis filogenético multilocus agrupó los 69 aislados restantes en 5 clados diferenciados. Se requieren nuevos estudios para resolver su identidad y evaluar su patogenicidad.

Área Temática: Detección y Diagnóstico Póster 106

Detección e identificación de especies del género *Trichoderma* en viñedos de Galicia

Olga Aguín[1*], Vanesa Ferreiroa[1], María Abuín[2], M. Jesús Sainz[3], Pedro Mansilla[1]

[1]*Estación Fitopatolóxica Areeiro, Deputación Pontevedra. Subida á Carballeira s/n. 36153. Pontevedra.* [2]*Centro Tecnológico Agroalimentario, c/ Montirón nº154, 27002 Lugo.* [3]*Departamento de Producción Vegetal y Proyectos de Ingeniería, Universidad de Santiago de Compostela, Campus Universitario s/n, 27002 Lugo.*

La podredumbre radicular causada por *Armillaria mellea* es uno de los problemas fitopatológicos más importantes en viñedos de todo el mundo. Ciertas especies de *Trichoderma* (principalmente *T. harzianum*, *T. parceramosum* y *T. viride*) han demostrado *in vitro* que pueden inhibir el crecimiento de
A. mellea. La capacidad de los inóculos de *Trichoderma* para sobrevivir y competir con la microflora nativa en los suelos en los que se introducen es uno de los factores considerados limitantes para su uso como agentes de biocontrol. *Armillaria mellea* se ha detectado en plantas de vid cultivadas en las cinco denominaciones de origen vitivinícolas (DO) de Galicia, si bien existen viñedos aparentemente libres de podredumbre radicular. El objetivo de este trabajo fue detectar e identificar las especies de *Trichoderma* presentes en suelos de viñedos sin presencia de *Armillaria* en Galicia. Se tomaron muestras representativas de 1 kg de suelo en 164 viñedos: 135 de la DO Rías Baixas y 29 de la DO Monterrei. Se sembró 1 g de suelo en PDA suplementado con estreptomicina (10 placas por muestra). Las placas se mantuvieron en estufa a 24°C en oscuridad. Se obtuvieron aislados monospóricos de todas las colonias que mostraron características similares a las del género *Trichoderma*. La identificación de los aislados se basó en caracteres morfológicos y en la amplificación, secuenciación y análisis filogenético de la región ITS del ADNr. *Trichoderma* se aisló de 14 suelos de la DO Rías Baixas (29 aislados) y 9 de la DO Monterrei (14 aislados). Las especies detectadas fueron *T. gamsii*, *T. hamatum*, *T. harzianum*, *T. koningii*, *T. parceramosum*, *T. spirale* y *T. virens.*

Área Temática: Detección y Diagnóstico Póster 107

Caracterización morfológica y molecular de especies del grupo *Xiphinema americanum* y *Xiphinema* non-*americanum* en Galicia

Adela Abelleira, Alicia Prado, Pilar Piñón, Vanesa Ferreiroa, Olga Aguín*, Pedro Mansilla

Estación Fitopatolóxica Areeiro, Deputación Ponteveda, Subida á Carballeira s/n, 36153 Pontevedra.

El género *Xiphinema* está dividido en dos grandes grupos: el grupo *americanum*, con 61 especies y el non-*americanum*, con unas 200, descritas hasta la fecha. Algunas especies son consideradas importantes nematodos fitoparásitos, no sólo por el daño directo que causan en las plantas sino también por el papel como vectores de nepovirus como es en el caso de la vid. Este cultivo, en Galicia, es uno de los de mayor importancia económica ya que existen actualmente cinco Denominaciones de Origen de alto prestigio y calidad. El objetivo de nuestro trabajo es la determinación de las diferentes especies del género *Xiphinema,* que puedan afectar principalmente a la vid, a partir de muestras analizadas en nuestro centro durante el período 2013-2018 y, así evaluar las estrategias de control más adecuadas. Para la identificación de los ejemplares, además del estudio de las características morfológicas y morfométricas, una tarea difícil debido al solapamiento en los valores y a su morfología conservada, también se aplicaron técnicas moleculares de secuenciación y filogenia de la región 18S, ITS, los segmentos de expansión D2 y D3 del 28S del ADNr y la subunidad 1 de la citocromo oxidasa del ADNmt, realizando así un diagnóstico integrativo más completo. Siguiendo ambas metodologías se han determinado 11 especies: 7 del grupo *americanum* (*X. pachtaicum, X. brevisicum, X. santos, X. madeirense, X. rivesi, X. paratenuicutis* y *Xiphinema* sp.) y 4 del non-*americanum* (*X. turdetanense, X. abrantinum, X. pseudocoxi* y *X. coxi europaeum*) contribuyendo, de esta manera, a ampliar el conocimiento de este género en Galicia.

Área Temática: Detección y Diagnóstico Póster 108

Comparación de métodos de diagnóstico por PCR en Tiempo Real para Huanglongbing

Gilles Cellier[1], Leonor Cruz[2], Paula SÁ Pereira[2], Eugénia Andrade[2], Jaime Cubero[3*], Cristina Redondo[3], Pilar Sabuquillo[3], Montserrat Roselló[3], Christina Devorshak[4], John Rascoe[4], Anna Maria D'onghia[5], Thaer Yaseen[5], Elen Ince[6], H.Nilüfer Yildiz[6], Pakize Gök Güler[6], Bruno Hostachy[1]

[1]Anses, Laboratoire de la Santé des Végétaux, Réunion Island – France; [2]National Institute for Agricultural and Veterinarian Research (INIAV) – Portugal; [3]National Institute for Agricultural and Food Research and Technology (INIA) – Spain; [4]US Department of Agriculture, Animal and Plant Health Inspection Service (APHIS-USDA) – United States of America; [5]Mediterranean Agronomic Institute of Bari (CIHEAM IAM) – Italy; [6]Biological Control Research Institute (BMAE-BCRI) – Turkey.

El Huanglongbing (HLB) está asociado a '*Candidatus* Liberibacter' (CaL): 'asiaticus' (CLas), 'americanus' (CLam) y 'africanus' (CLaf), y es una de las enfermedades más devastadoras de los cítricos, aunque aún no se ha identificado en la UE.

La observación de síntomas no es suficiente para el diagnóstico de HLB, ya que puede confundirse con otras enfermedades o con desórdenes nutricionales de la planta, siendo esencial disponer de métodos sensibles de detección. Se están utilizando actualmente tres protocolos de PCR en tiempo real (Bertolini, et al. 2014; Li et al. 2006; y Morgan et al. 2012). El proyecto EUPRESCO 2016-A-232 (INIA AT2016-007) va dirigido a validar y comparar estos protocolos considerando los criterios de especificidad y sensibilidad analítica y de repetitividad y reproducibilidad marcados por la EPPO PM7/98.

Los resultados obtenidos hasta el momento con muestras de ADN extraídas a partir de cítricos de distintas partes del mundo, mostraron diferente sensibilidad analítica en función de las especies de CaL analizadas y los protocolos utilizados. En general, se obtuvo una menor sensibilidad para muestras de CLaf que para CLas, siendo el protocolo de Li el más equilibrado para la detección de las dos especies por mostrar alta exclusividad y repetitividad. El protocolo descrito por Morgan mostró una alta especificidad analítica pero una baja inclusividad para CLaf, mientras que el de Bertolini manifestó una alta inclusividad pero baja exclusividad, dando falsos positivos en ocasiones. Los ensayos interlaboratorio en curso proporcionarán información sobre la reproducibilidad de estos métodos.

Li et al. 2006. J. Microb Meth 66,104-115 Morgan et al. 2012. Mol. Cell Prob 26,90-98 Bertolini et al. 2014. Plant Path. 63,1149-1158

Área Temática: Detección y Diagnóstico Póster 109

Identificación discordante de *Fusarium proliferatum* mediante el uso de cebadores específicos diseñados en la región IGS del rDNA

Laura Gálvez*, Daniel Palmero

Universidad Politécnica de Madrid, Avda. Puerta de Hierro, 4, 28040, Madrid.

Fusarium proliferatum es un hongo patógeno de amplia distribución que afecta a diversos cultivos y que es además productor de diferentes micotoxinas. El empleo de cebadores específicos para la detección e identificación de esta especie en alimentos y material vegetal es la herramienta más ampliamente utilizada. Los cebadores específicos para *F. proliferatum* (Fp3-F/Pr4-R), ampliamente utilizados, fueron diseñados en base a la región espaciadora intergénica (IGS) del DNA ribosómico nuclear (rDNA). En este estudio se han validado estos cebadores en sesenta y dos aislados de *F. proliferatu*m procedentes de dientes de ajo con síntomas de podredumbre. La identificación taxonómica a nivel de especie se realizó mediante el uso de diferentes claves morfológicas y la secuenciación del gen factor de elongación 1α (*EF-1α*). Además, se analizó el fragmento de la región IGS que abarca el amplicón específico y se determinó el tipo de IGS. Todos los aislados fueron morfológicamente identificados como *F. proliferatum* y mostraron 100% de identidad con secuencias *EF-1α* de esta especie (*Fusarium*-ID database). En cambio, los cebadores específicos no amplificaron el fragmento esperado en ocho de los 62 aislados estudiados. El análisis del fragmento IGS secuenciado explicó la falta de amplificación debida al polimorfismo detectado en las posiciones de hibridación de los cebadores. La topología del árbol filogenético realizado con las secuencias IGS no mostró concordancia con el tipo de IGS. Estos resultados indican la posibilidad de darse falsos negativos si los cebadores específicos empleados en la detección e identificación de *F. proliferatum* están diseñados en la región IGS.

Área Temática: Detección y Diagnóstico Póster 110

Valoración del efecto de fluazinam sobre el control de la podredumbre blanca del aguacate mediante detección y cuantificación molecular de *Roselinia necatrix* en suelo

Juan Manuel Arjona-López[1], Nieves Capote[2], José María Melero-Vara[1], Carlos José López-Herrera[*1]

[1]Departamento de Protección de Cultivos, Instituto de Agricultura Sostenible, C.S.I.C. C/Alameda del Obispo s/n, Apartado 4084, Córdoba.[2]IFAPA Centro Las Torres-Tomejil, Apdo. Oficial, 41200 Alcalá del Río, Sevilla

La aplicación del fungicida de contacto Fluazinam en plantas bajo invernadero tuvo éxito en el control de la podredumbre blanca (PB) del aguacate causada por *R. necatrix*, pero su efecto no ha sido evaluado en plantaciones adultas. La valoración del efecto del fungicida sobre el control en campo es bastante complicada, pues la evolución de síntomas aéreos es muy rápida y el árbol infectado muere en pocos días. Con el objeto de poder valorar este efecto, se ha puesto a punto un método de PCR en tiempo real (qPCR) para detectar y cuantificar la densidad de inóculo de *R. necatrix* en suelo, en el que se incluyó un control interno positivo en multiplex para evitar la detección de falsos negativos. En una plantación comercial de aguacate se eligieron 11 árboles sintomáticos de los que se aisló el patógeno de sus raíces, y en siete de ellos se aplicó el tratamiento fungicida con Fluazinam a dosis de 0.1% mediante 24 inyecciones al suelo alrededor de cada árbol a alta presión, y utilizando los árboles restantes como testigos no tratados. Los tratamientos se aplicaron en junio y diciembre de 2016 y de 2017. Antes de cada tratamiento se tomaron muestras de suelo alrededor de cada árbol tratado y sin tratar. Se realizaron extracciones de ADN de suelo para la detección y cuantificación del patógeno mediante qPCR. El método de detección y cuantificación resultó efectivo, observándose que el nivel de inóculo fúngico en suelo próximo a árboles tratados desciende tras las aplicaciones del fungicida, mostrándose un porcentaje de reducción de la concentración de ADN de *R. necatrix* muy significativo desde el primer tratamiento y que se mantuvo >80%. En árboles sin tratar, la concentración del patógeno no disminuyó e incluso aumentó tras el último muestreo. Con este estudio se ha logrado un método molecular rápido y fiable de detección precoz de la PB en suelos de aguacate infectados por *R. necatrix* que constituye una herramienta para valorar el efecto del control fungicida en campo.

Área Temática: Detección y Diagnóstico Póster 111

A novel specific real-time RT-PCR method for absolute quantitation of *Grapevine Pinot gris virus* in plant material and single mites.

Félix Morán[1], Antonio Olmos[1], Leonidas Lotos[2], Lukáš Predajňa[3], Nikolaos Katis[2], Miroslav Glasa[3], Varvara Maliogka[2] and Ana B. Ruiz-García[1]*

[1]Centro de Protección Vegetal y Biotecnología. Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias (IVIA). Ctra. Moncada-Náquera km 4.5, 46113 Moncada, Valencia, Spain.[2]Aristotle University of Thessaloniki, Faculty of Agriculture, Forestry and Natural Environment, School of Agriculture, Plant Pathology Laboratory, 54 124, Thessaloniki, Greece.[3]Institute of Virology, Biomedical Research Centre, Slovak Academy of Sciences, Dúbravská cesta 9, 84505 Bratislava, Slovakia

Grapevine Pinot gris virus (GPGV) is a broad worldwide distributed grapevine pathogen that has been associated to the grapevine leaf mottling and deformation disease. With the aim of better understanding the disease epidemiology and providing efficient control strategies a specific and quantitative TaqMan real-time RT-PCR assay has been developed. This method has allowed reliable quantitation of the GPGV titer ranging from 30 up to 3 x 108 transcript copies, with a detection limit of
70 viral copies in plant material. A comparison with previously reported GPGV real-time RT-PCR detection methods has shown an increased technical sensitivity of the method here developed. Moreover, the assay has been designed as a duplex reaction targeting a grapevine internal control that reduces the occurrence of false negative results, thus increasing the diagnostic sensitivity of the technique. Symptomatic and symptomless isolates from Greece, Slovakia and Spain have been successfully detected. The method has also been applied to the absolute quantitation of GPGV in its putative transmission vector *Colomerus vitis*. Moreover, the viral titer present in single mites has been determined for the first time. The methodology here developed opens new possibilities for basic and epidemiological studies as well as for the establishment of efficient control strategies.

Área Temática: Detección y Diagnóstico Póster 112

Identification of a new polymorphism in the MP/CP region of Spanish isolates of *Grapevine Pinot gris virus*

Félix Morán[1], Antonio Olmos[1], Leonidas Lotos[2], Lukáš Predajňa[3], Nikolaos Katis[2], Miroslav Glasa[3], Varvara Maliogka[2] and Ana B. Ruiz-García[1]*

[1]Centro de Protección Vegetal y Biotecnología. Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias (IVIA). Ctra. Moncada-Náquera km 4.5, 46113 Moncada, Valencia, Spain.[2]Aristotle University of Thessaloniki, Faculty of Agriculture, Forestry and Natural Environment, School of Agriculture, Plant Pathology Laboratory, 54 124, Thessaloniki, Greece.[3]Institute of Virology, Biomedical Research Centre, Slovak Academy of Sciences, Dúbravská cesta 9, 84505 Bratislava, Slovakia

Grapevine Pinot gris virus (GPGV) genome consists of one molecule of positive single stranded RNA that contains three overlapping open reading frames (ORFs) and two untranslated regions (5' and 3' UTRs). ORF1 encodes a methyltransferase, a helicase and the RNA dependent RNA polymerase (RdRp), ORF2 encodes the movement protein (MP) and ORF3 encodes the coat protein (CP). Several studies have reported the existence of high variability in GPGV genomes. Among this genomic diversity, a polymorphism involving a stop codon that produces a six amino acids shorter MP has been previously described. This polymorphism has been related to the symptoms observed in GPGV infected grapevines.

In this study the genomic variability of MP/CP region, symptomatology and phylogenetic relationships of 12 Spanish isolates have been determined. A new polymorphism has been identified in the MP/CP region of some Spanish isolates. It involves the presence of a stop codon signal three nucleotides downstream from the polymorphism previously reported and would determine the synthesis of a five amino acids shorter MP. However, the phylogenetic study of these genome variants showed that the new polymorphism clusters in a different clade than the previously reported one, suggesting that these two polymorphisms, that result in a similar shortening of the GPGV MP, are independent evolutionary events. No association between the presence of these genetic variants and the symptomatology of Spanish GPGV infected grapevines has been found, suggesting that other factors would be involved in the epidemiology of the GPGV associated disease. These results give new insights in the study of GPGV genomic variability.

Área Temática: Detección y Diagnóstico Póster 113

Automatic identification of early plant disease symptoms using mobile capture devices, applied on a wheat use case

Artzai Picon[1], Alexander Johannes[4], Aitor Alvarez-Gila[1], Maximiliam Seitz[34]Jone Echazarra[1], Sergio Rodriguez-Vaamonde[1], Ana Diez Navajas[2] & Amaia Ortiz-Barredo[*2]

[1] Computer Vision, TECNALIA, Parque Tecnolgico de Bizkaia, C/ Geldo, Edificio 700, E-48160 Derio, Bizkaia, Spain.[2]NEIKER, Plant Health Dp, Arkaute Agrifood Campus, E-01080 Vitoria-Gasteiz, Araba, Spain.[3]Institute of Process Engineering in Plant Production, University of Hohenheim, 70599 Stuttgart, Germany.[4] BASF SE, Speyererstrasse 2, 67117 Limburgerhof, Germany

A correct and early identification of some specific plant diseases is mandatory to minimize yield losses and increase the efficacy and efficiency of the control treatments applied in the field. Over the last years, a number of image analysis-based methodologies have been proposed for automatic image disease identification. Among these methods, the use of Deep Convolutional Neural Networks (CNNs) has proven tremendously successful for different visual classification tasks. In this work we extend our previous work with an adapted Deep Residual Neural Network-based algorithm to deal with the detection of multiple plant diseases in real acquisition conditions where different adaptions for early disease detection have been proposed. This work analyses the performance of early identification of three relevant European endemic wheat diseases: Septoria (*Septoria triciti*), Tan Spot (*Drechslera triciti-repentis*) and Rust (*Puccinia striiformis* & *Puccinia triticina*). The analysis was done using different mobile devices, and more than 8178 images were captured in two pilot sites in Spain and Germany during 2014, 2015 and 2016. Obtained results reveal an overall improvement of the balanced accuracy from 0.78 up to 0.87 under exhaustive testing, and balanced accuracies greater than 0.96 on a pilot test performed in Germany. (This work has been published in Johannes et al.2017. Computers and Electronics in Agriculture 138:200 and Picon et al., 2018. Computers and Electronics in Agriculture https://doi.org/10.1016/j.compag.2018.04.002)

Área Temática: Detección y Diagnóstico Póster 114

Caracterización y etiología de las virosis y enfermedades fúngicas asociadas al cultivo del azafrán en Teruel

Fernando Escriu[1*], Ana María Sánchez-Gómez[2], Vicente González[1]

Centro de Investigación y Tecnología Agroalimentaria de Aragón.[1]Unidad de Sanidad Vegetal y [2]Unidad de Hortofruticultura / Instituto Agroalimentario de Aragón - IA2 (CITA-Universidad de Zaragoza), Avenida de Montañana, 930, 50059 Zaragoza, España.

Los estudios sobre caracterización de agentes etiológicos asociados al azafrán, cultivado en España exclusivamente en ciertos enclaves de Castilla-La Mancha y Aragón, no son especialmente abundantes. El estado fitosanitario del material vegetal de azafrán empleado en Teruel (Valle del Jiloca) fue evaluado antes de su plantación (cormos madre), durante su ciclo de cultivo en contenedor o en parcela, y al finalizar el mismo en tierra de cultivo o sustrato de contenedor, analizando la presencia de hongos patógenos y virosis. La micoflora fúngica asociada al cultivo estuvo dominada por especies endófitas especializadas en este huésped, algunos táxones endofíticos cosmopolitas y un grupo de táxones del género *Fusarium* responsables de la mayoría de patologías asociadas al cultivo, especialmente en cormos en poscosecha y plantas en campo. La presencia de algunos de estos patógenos en ciertos suelos naturales de cultivo y/o sustratos en contenedor sugiere su potencial papel infectivo en la extensión y/o prevalencia de estas patologías. No se detectó la presencia de otras micosis previamente descritas, como las podredumbres debidas a *Sclerotium rolfsii* o *Rhizoctonia croccorum*. El análisis de cormos madre y de material vegetal recolectado en parcelas de cultivo mostró la presencia de los virus del mosaico del pepino, mosaico del nabo, mosaico amarillo de la judía y otros potyvirus, detectados sobre todo en algunos lotes de cormos y parcelas concretos. El análisis de plantas de azafrán cultivadas experimentalmente a partir de cormos de los lotes analizados y con algún tipo de anomalía floral indicó la presencia de virus en más del 50% de ellas, principalmente las mismas especies citadas, sugiriendo una asociación entre la infección viral y la aparición de tales anomalías.

Área Temática: Detección y Diagnóstico Póster 115

Estudio de los grupos de compatibilidad vegetativa de los aislados de *Fusarium oxysporum* f. sp. *fragariae* encontrados en la provincia de Huelva

Celia Borrero[1*], Nieves Capote[2], Manuel Ángel Gallardo[1], Manuel Avilés[1]

[1]Dpto. Ciencias Agroforestales, E.T.S.I.A. Universidad de Sevilla, Ctra. Utrera, km 1, 41013, Sevilla, España. [2]IFAPA Centro Las Torres, Apdo. Oficial 41200. Alcalá del Río, Sevilla, España.

La Fusariosis vascular en fresa, causada por el hongo *Fusarium oxysporum* f. sp. *fragariae* (*Fof*), fue descrita en Huelva en cultivo sin suelo en 2009 y con escasos registros en suelo hasta la campaña 2014-15. En esa campaña se detectaron 19 nuevos focos en diferentes comarcas onubenses y su expansión continúa. Algunos aislados de *Fof* que pertenecen al mismo grupo de compatibilidad vegetativa (GCV) pueden fusionar sus hifas, favoreciendo intercambio de información genética y aumentando su variabilidad. El objetivo de este trabajo fue determinar los GCV de aislados de *Fof* procedentes de plantaciones de Huelva mediante la complementación de mutantes incapaces de usar nitrato (mutantes *nit* 1/3 y *nit* M). Para ello, se usaron 8 aislados onubenses, 1 australiano, 2 estadounidenses y 4 japoneses. Para la obtención de mutantes se sembraron los aislados en PDA con 4.5% $KClO_4$. Para su caracterización fenotípica, los mutantes se sembraron en medio Czapek Dox (CD) y en CD con hipoxantina al 0.02%. Después se enfrentaron los mutantes *nit*1/3 con los *nit* M de cada aislado en medio CD. Los aislados cuyos mutantes enfrentados complementaron mediante la fusión de sus hifas (crecimiento silvestre en medio CD) se consideraron del mismo GCV. Se establecieron 9 GCV, uno formado por los 6 aislados de la campaña 2014-2015 y el resto con cada uno de los restantes aislados locales y extranjeros. Esto sugiere que las afectaciones detectadas en cada año vienen provocadas por nuevas introducciones y/o nuevas adquisiciones de virulencia del hongo, aumentando la diversidad genética de *Fof* en la zona. Al no haber compatibilidad entre las cepas locales y extranjeras estudiadas no tenemos información de la posible procedencia de las infestaciones encontradas en Huelva.

Área Temática: Detección y Diagnóstico Póster 116

La berenjena, un nuevo hospedador en el sudeste de España de *Phytophthora capsici*

Miguel De Cara[1*], Alejandro Ayala-Doñas[1], Antonio Aguilera[2], Eduardo Badillo[3], Julio Manuel Gómez- Vázquez[1].

[1]IFAPA-Centro La Mojonera, Camino San Nicolás nº1, 04745, La Mojonera (Almería). [2]S.C.A. Campoadra, Avda. de la legión española nº2, 04779, Adra (Almería).[3]Universidad Autónoma Chapingo, CP 56230, México.

La berenjena (*Solanum melongena L.*) es una especie relevante en los invernaderos de Almería. En la primavera de 2017 y en el término municipal de Adra se observaron plantas del cv. Letizia de 40 días tras el trasplante con chancros de color marrón oscuro en la base del tallo, marchitez y muerte. *Phytophthora* sp. fue consistentemente aislado de los tejidos enfermos en los medios PDA y P5ARP. Cuatro aislados fueron purificados e identificados morfológica y molecularmente.

La patogenicidad de los aislados se confirmó inoculando plantas de berenjena cv. Alegría en dos experimentos. El primero se realizó en un invernadero de ambiente semicontrolado y el segundo en una cámara de cultivo. Las plantas se inocularon con 4-6 hojas verdaderas y se mantuvieron durante 42 días después de ésta. Plantas no inoculadas sirvieron como testigos.

En los dos experimentos los primeros síntomas se detectaron a los 7 días de la inoculación. Al término de ambos, todos los aislados habían causado síntomas de marchitez y necrosis radicular. El porcentaje de plantas con síntomas por aislado al final de los experimentos varió entre el 12,5 y 50%, y entre el 75 y 87,5%, mientras que el de plantas muertas lo hizo entre el 12,5 y 37,5%, y entre el 68,75 y 87,5%, para el primer y segundo experimento, ambos respectivamente. Las plantas del testigo permanecieron sin síntomas. *P. capsici* se reaisló de todas las plantas sintomáticas.

A nuestro entender, esta es la primera cita de *P. capsici* causando enfermedad en la berenjena en España. Este cultivo es rotación común en los invernaderos de Almería, con otras hortícolas hospedantes de P. capsici, lo que puede dificultar su control.

Proyecto PP.AVA.AVA201601.7, cofinanciado al 80% por el Fondo Europeo de Desarrollo Regional, dentro del Programa Operativo FEDER de Andalucía 2014-2020.

Área Temática: Detección y Diagnóstico Póster 117

Monitoring seven-year-old *Fusarium circinatum* inoculations by qPCR

Danilo R. Gonçalves, Pablo Martínez-Álvarez*, Carmen Romeralo, Cristina Zamora, Julio J. Diez Casero

Instituto Universitario de Investigación en Gestión Forestal Sostenible, Universidad de Valladolid – INIA, Avenida de Madrid 44, 34071 Palencia, España.

Fusarium circinatum, the causal agent of Pine Pitch Canker disease (PPC), has been globally recognized as one of the most destructive organisms causing extensive tree mortality of *Pinus* species along with *Pseudotsuga menziesii*, both in the field and nursery conditions. In Europe, it has been detected in Spain, France, Italy and Portugal, and the risk of spread to other European countries is important. Real-time PCR, also known as quantitative polymerase chain reaction (qPCR) is currently considered one of the best methods for detection of plant pathogens in numerous hosts or environmental samples, since it allows high sensitivity and is very specific in the detection of one or several pathogens in a single assay. The aim of this study is to test the effectiveness of this technique to detect the presence of *F. circinatum* infecting different tissues of five pine species, and to know about the spread of the pathogen along the stem of *Pinus radiata*. For this purpose, stem samples of *P. radiata*, *P. sylvestris*, *P. pinaster*, *P. nigra* and *P. uncinata* were collected in an experimental plot in Cantabria inoculated with the pathogen in 2011. In the case of Monterey pine (*P. radiata*) four samples were taken at different heights in the main stem and another sample was collected from a twig. The experiment let us know about the survival and movement of pathogen inside the pine tissues seven years after the inoculation. This study has been performed in the frame of the project PLURIFOR (Interreg Sudoe).

Área Temática: Detección y Diagnóstico Póster 118

Changes of fungal communities from soil to grapevine root and their interaction with black-foot disease

María del Pilar Martínez-Diz[1], Marcos Andrés-Sodupe[3], Mónica Berbegal[2], Emilia Díaz-Losada[1], David Gramaje[3]

[1]Estación de Viticultura y Enología de Galicia (INGACAL-EVEGA), Ponte San Clodio s/n 32428-Leiro-Ourense, Spain.[2]Instituto Agroforestal Mediterráneo, Universitat Politècnica de València, Camino de Vera s/n, 46022 Valencia, Spain.[3]Instituto de Ciencias de la Vid y del Vino (ICVV), Consejo Superior de Investigaciones Científicas - Universidad de la Rioja - Gobierno de La Rioja, Ctra. LO-20 Salida 13, Finca La Grajera, 26071 Logroño, Spain.

The plant compartments of grapevine provide unique niches that drive specific microbiome associations. The majority of phyllosphere endophytes originate from the soil and migrate up to the aerial compartments through the root endosphere. In this study, we investigated how fungal communities differ in different habitats inside and outside of grapevine roots. Grapevine samples were collected at 5 young vineyards in La Rioja which were between 2.2 and 14.9 km distant to each other. Characteristics of these vineyards were: 110 Richter/Tempranillo combination and similar soil, climatic conditions and viticulture management. Three different sample compartments were studied: bulk and rhizosphere soil, and roots. Four samples were collected in June 2017 from each compartment and vineyard. The composition of fungal communities was examined using high-throughput amplicon sequencing of ITS region. Droplet Digital PCR (ddCPR) technology was used to measure the relative abundance and dynamic changes of fungal pathogens associated with black-foot disease. The fungal diversity was similar in both bulk and rhizosphere compartments at all taxonomic levels. A significant reduction in species richness was found in roots relative to bulk and rhizosphere soil, with distinct community structure especially in lower-order taxonomic analysis. Black-foot pathogen relative abundance decreased from grapevine roots towards bulk and rhizosphere soil, which was significantly correlated with ddPCR results. Results obtained provide helpful information to better understand how grapevine shapes its microbiome and the implications for vineyard management and productivity.

Área Temática: Detección y Diagnóstico Póster 119

Diplodia scrobiculata: a latent pathogen of *Pinus radiata* reported in northern Spain

Tania Manzanos*, Ana Aragonés and Eugenia Iturritxa

Forestry Science Department, NEIKER, Granja Modelo de Arkaute. Apdo 46. 01080 Vitoria-Gasteiz, Spain

Pinus radiata is a tree species native to the Central Coast of California and Mexico, which has been widely introduced in Europe for wood production. In Spain, especially in the northern region, it was introduced in the nineteenth century. Plantations located in the Basque Country (northern Spain) showing symptoms of Diplodia shoot blight were studied to confirm the causative pathogen species. Symptomatic and asymptomatic trees were sampled, and more than 150 fungal isolates obtained were morphologically characterized, with identities confirmed by sequencing the internal transcribed spacer (ITS) and the translation elongation factor 1-α (EF1-α) regions. Species-specific primers for *Diplodia sapinea* and *D. scrobiculata* were used to differentiate these fungi. *Diplodia scrobiculata* was detected on samples from asymptomatic trees, and BLASTN comparison was performed using the NCBI database. Lesions on *P. radiata* seedlings under controlled conditions were proved to be more substantial from *D. scrobiculata* than from *D. sapinea*. This is the first report of virulent *D. scrobiculata* in asymptomatic *P. radiata* trees in Spain.

Área Temática: Detección y Diagnóstico Póster 120

Detección precoz de la resistencia de *Ulmus minor* a *Ophiostoma novo-ulmi* mediante cultivo *in vitro* y parámetros de estrés

Juan Sobrino-Plata, Begoña Coira, David Medel, Carmen Collada, Luis Gil, Juan Antonio Martín*

Grupo de Investigación de Genética, Fisiología e Historia Forestal. Escuela Técnica Superior de Ingeniería de Montes, Forestal y del Medio Natural. Universidad Politécnica de Madrid. Ciudad Universitaria s/n, 28040 Madrid.

Las poblaciones de olmo común (*Ulmus minor*) en Europa se encuentran amenazadas por la grafiosis, enfermedad vascular causada por *Ophiostoma novo-ulmi*. La mejora genética es la mejor alternativa para recuperar el uso de la especie. Sin embargo, los métodos de evaluación de la susceptibilidad requieren largos periodos de tiempo (4 años), parcelas experimentales en campo y están condicionados por factores ambientales. Se plantea como alternativa la evaluación de la susceptibilidad en condiciones controladas de cultivo *in vitro*. En este trabajo se ha inoculado *O. novo- ulmi* en plantas *in vitro*, y se ha estudiado el proceso de colonización y la respuesta de la planta a la infección. Se utilizaron dos genotipos, M-DV2.3 (tolerante) y VA-AP38 (susceptible), en los que se recogieron muestras en varios momentos posteriores a la inoculación (1-21 dpi). La detección del patógeno en los distintos órganos de la planta fue realizada mediante PCR. Se determinaron parámetros anatómicos, de estrés oxidativo (peroxidación de lípidos), y se cuantificó el contenido de clorofilas y de compuestos fenólicos totales, con el fin de obtener posibles marcadores de resistencia. No se observaron diferencias en el grado de colonización por el patógeno, ni anatómicas entre los genotipos. VA-AP38 mostró parada de crecimiento, clorosis, aumento significativo de la peroxidación de lípidos y descenso en el contenido en clorofilas. Por el contrario, M-DV 2.3 no mostró ninguno de estos síntomas. Ante estas diferencias el uso de plantas cultivadas *in vitro* para la selección temprana de genotipos tolerantes parece factible. Si se corroboran estos resultados con otros genotipos la búsqueda de genotipos tolerantes a la grafiosis se podría acortar y abaratar sustancialmente.

Área Temática: Detección y Diagnóstico Póster 121

Virus detectados en cultivos de zanahoria en España en los últimos 10 años

Ana Alfaro-Fernández[1], M. Carmen Asensio-S.-Manzanera[2], Yolanda Santiago[2], Susana Sanjuan[3], G. Domingo[1], José Nieto[4], Beatriz Aparicio[4], M. Isabel Font[1*]

[1]Grupo de Virología. Instituto Agroforestal Mediterráneo. Universitat Politècnica de València. Cno. Vera s/n. 46022 Valencia. [2]ITACyL. Instituto Tecnológico Agrario de Castilla y León. Área de Investigación Agrícola. Ctra. Burgos Km. 119. Finca Zamadueñas. 47071 Valladolid [3]Agricola Villena Coop. V. Ctra. Del Puerto s/n 03400 Villena, Alicante [4]ASOPROFIT. C/ Oeste nº 1. 40240 Gomezsarracín, Segovia

Desde la década de los 80 se observan en diferentes zonas productoras españolas de zanahoria, amarilleos, enrojecimientos, proliferación de hojas, deformación y reducción del tamaño de las raíces, y en ocasiones proliferación de raicillas secundarias. En 1997-1998, se identificaron fitoplasmas de los grupos Stolbur y Aster Yellows como responsables de estos síntomas. Los análisis realizados en muestras recogidas desde 2008 hasta 2012 determinaron la presencia de *Candidatus* Liberibacter solanacearum (Calsol), fitoplasmas y *Spiroplasma citri*, y también virus como *Carrot red leaf virus* (CtRLV) y otros asociados a éste del género *Umbravirus*. En 2017, se llevó a cabo una prospección en 19 parcelas de zanahoria en la zona de Segovia. Algunas muestras mostraban amarilleos, enrojecimientos y proliferación de las hojas, así como protuberancias y proliferación de raíces secundarias. En las muestras analizadas se detectó la bacteria CaLsol y diferentes virus asociados a CtRLV como *Carrot mottle virus* (CMoV), *Carrot mottle mimic virus* (CMoMV) del género *Umbravirus* y *Carrot red leaf virus* associated RNA (CtRLVaRNA). Las detecciones realizadas se confirmaron mediante RT-PCR con cebadores específicos de cada especie. En el caso de CtRLV se realizó un estudio de variabilidad molecular comparando las secuencias de dos zonas del genoma del virus tanto de muestras sintomáticas recogidas en diferentes localidades de Segovia en 2017, como de Tenerife y Alicante durante diferentes años (2009-2015). Este trabajo pone de manifiesto la presencia en muestras sintomáticas de zanahoria de CaLsol en coinfección con varios virus, así como la identificación en España a nivel de especie de tres virus de zanahoria asociados a CtRLV: CMoV, CMoMV y CtRLVaRNA.

Este trabajo ha sido financiado por el proyecto “Nuevas estrategias para mitigar los daños causados por las enfermedades de especies hortícolas de reciente aparición” cofinanciado con Fondos FEADER del PDRCyL (2014-2020).

Área Temática: Detección y Diagnóstico Póster 122

Comparación de métodos para la detección de *Acidovorax citrulli* en semillas de melón.

Verónica Pérez[1], Cristina Moyano[1], Anna María Viles[2], Leandro De León[3*]

[1]*Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria (INIA), Madrid.* [2]*Semillas Fitó – Barcelona.* [3]*Asociación Nacional de Obtentores Vegetales (ANOVE), Madrid.*

Acidovorax citrulli es el agente causante de la mancha bacteriana del fruto (BFB - bacterial fruit blotch) en cucurbitáceas. Esta bacteria ha sido incluida en la lista A1 de patógenos de cuarentena de la EPPO para los que se recomienda su regulación. Se transmite por semillas, por lo que supone una seria amenaza para las empresas del sector. Por esta razón, se requiere de controles sanitarios adecuados que garanticen la ausencia del patógeno en el material vegetal comercializado.

Los protocolos EPPO e ISHI-Veg, para la detección de *A. citrulli* a partir de muestras de semillas, combinan técnicas moleculares y bioensayos, siendo necesario confirmar la viabilidad del patógeno antes de dar un resultado positivo.

Este trabajo muestra los resultados obtenidos de los ensayos de detección de *A. citrulli* en 5 lotes de 30000 semillas de melón infectadas de forma natural con diferentes concentraciones del patógeno. Se compara la sensibilidad y especificidad de tres métodos de detección: i) q-PCR directa sobre los extractos de semillas como herramienta de *prescreening*; ii) *sweat-box*, un sistema de germinación donde se dan las condiciones idóneas para el desarrollo de síntomas de la enfermedad que proporciona información de la viabilidad y patogenicidad de la bacteria; y iii) enriquecimiento+q-PCR, un método en evaluación que combina el enriquecimiento selectivo de la bacteria con técnicas moleculares que permite detectar células viables del patógeno. Se discuten las ventajas e inconvenientes de cada uno de los métodos de detección.

Área Temática: Detección y Diagnóstico Póster 123

Caracterización de aislados españoles de *Candidatus* Liberibacter solanacearum mediante análisis de secuencias multilocus

Ana Ruiz[1], Adrián Asensio[1], Cristina Redondo[1], Carmen Martínez[2], Raquel Marquínez[3], Jesús Collar[4], Eva María García[5], Carmen Asensio[6], Ana Alfaro-Fernández[7], María Isabel Font[7], José Luis Palomo[8], Felipe Siverio[9], Leandro de León[10], Jaime Cubero[1].

[1]Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria (INIA), Madrid.[2]Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias (IVIA), [3]Laboratorio de Analíticas Vegetales Neiker-Tecnalia, Arkaute, Alava.[4]Dpto. de Fitopatología. Lab. Agrario y Fitopatológico, Abegondo, A Coruña.[5]CIFA, Centro de Investigación y Formación Agrarias, Muriedas. Cantabria. [6]Instituto Tecnológico Agrario, de Castilla y León (ITACyL), Valladolid. [7]Instituto Agroforestal Mediterráneo, Universidad Politécnica de Valencia, Valencia. [8]Centro Regional de Diagnóstico. Junta Castilla y León, Aldearrubia, Salamanca. [9]Instituto Canario de Investigaciones Agrarias (ICIA), San Cristóbal de La Laguna, Tenerife. [10]Asociación Nacional de Obtentores Vegetales (ANOVE), Madrid

Candidatus Liberibacter solanacearum (CaLso) es el agente causal de la “zebra chip” en patata, afectando además a otras solanáceas o apiáceas, como pimiento, tomate, chirivía, y zanahoria. Esta rizobacteria presenta cinco haplotipos (A, B, C, D y E) de los cuales en España sólo han sido descritos D y E. La tipificación de estos haplotipos se basa en la secuencia correspondiente a genes que codifican para el ARN ribosómico 16S y una proteína del 50S. Sin embargo, los genes ribosomales, apropiados para la diferenciación de géneros bacterianos, no son precisos para discriminar niveles taxonómicos inferiores. En la actualidad disponemos de secuencias de los genomas completos de muchos *Candidatus* Liberibacter, por lo que es posible seleccionar genes de mantenimiento celular que permitan establecer relaciones filogenéticas con mayor precisión, especialmente cuando se utilizan en estrategias *multilocus*. En este trabajo hemos estudiado la potencialidad de algunos de estos genes realizando tanto análisis MLSA (*multilocus sequence analysis*) como MLST (*multilocus sequence typing*) en la caracterización de los haplotipos españoles de CaLso. Siguiendo esta estrategia ha sido posible separar los haplotipos D y E encontrados en España del C identificado en el norte de Europa o de los A y B detectados en América e incluidos en la lista A1 de la EPPO. Sin embargo, no se ha podido diferenciar entre D y E, por lo que se plantean dos hipótesis: (1) que se trate de variaciones en la secuencia de los genes ribosomales de una misma bacteria, o (2) que sean en realidad mezclas de dos haplotipos distintos que han evolucionado de forma diferente. En la actualidad se están realizado trabajos dirigidos dilucidar el origen de estas variaciones. Este trabajo ha sido financiado por el proyecto RTA2014-0008-C04 MINECO (Cofinanciado con Fondos FEDER)

Área Temática: Detección y Diagnóstico Póster 124

Diversidad genética de tizón tardío de la papa (*Phytophthora infestans Mont.* de Bary) bajo aplicación de fungicidas en Metepec, Edo. México.

Eduardo Badillo-López*, Héctor Lozoya-Saldaña, Mercedes Cuenca-Condoy, Patricia Fernández- Pavía

Universidad Autónoma Chapingo Carretera México-Texcoco Km 38.5. C. P. 56230, México.

El valle de Toluca, en el altiplano central de México, es considerado como centro de origen de *Phytophthora infestans*; amplios estudios de caracterización soportan esta teoría. Con el objetivo de caracterizar aislamientos de *P. infestans* obtenidos de lotes de papa expuestos a diferentes fungicidas, se realizaron cruzamientos *in vitro* de los aislamientos obtenidos con cepas de tipo de compatibilidad conocido (A1 y A2) en medio agar-centeno. También se evaluó el porcentaje de crecimiento (PC) de las colonias de los aislados en medio agar-centeno adicionado con cada dosis de fungicida por separado. La resistencia a metalaxil se determinó sometiendo a los aislamientos a concentraciones de 100 $mg*L^{-1}$, comparándolas con los testigos (0 $mg*L^{-1}$) así como dosis intermedias (10 y 50 $mg*L^{-1}$) y una dosis comercial (3600 $mg*L^{-1}$). La respuesta de los aislados a los fungicidas se clasifico como: Resistente, >60% PC; Intermedio, 10-60% PC; y Susceptible, <10% PC. Las frecuencias de tipo de compatibilidad de los aislamientos fueron: A1: 0.571; A2: 0.314; Homotálicos: 0.114. Los resultados porcentuales de aislamientos resistentes a metalaxil (Sensible: Intermedio: Resistente) fue de 0.542: 0.400: 0.057 respectivamente. De los aislamientos sometidos a dosis comercial de metalaxil, dos obtuvieron la clasificación de resistentes y uno de intermedio. La secuenciación molecular de las regiones de ARN ribosomal ITS y RPA 190 y a elaboración de un dendograma, permitieron agrupar los aislamientos en cinco grupos con caracteristicas similares, tanto de tipos de compatibilidad, nivel de resistencia a metalaxil y evaluación de fungicidas aplicados en campo, permitiendo conocer la influencia de los fungicidas en el desarrollo del patógeno, detectándose una gran diversidad genética en las colectas. Se concluye que las aplicaciones de fungicidas en campo, contribuyen a una mayor variabilidad del patógeno.

Área Temática: Detección y Diagnóstico Póster 125

Identificación de secuencias específicas de un nuevo RNA viral asociado a la cristacortis de los cítricos y desarrollo de métodos de detección mediante RT-PCR

Karelia Velázquez, Alba Hervàs, José Antonio Pina, José Guerri, Mª Carmen Vives*

Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias (IVIA), Carretera CV-315 Km 10.7. 46113 Moncada, Valencia

La cristacortis de los cítricos se describió por primera vez en Córcega (1964) en plantas de naranjo dulce Tarocco injertadas sobre naranjo amargo. Posteriormente se ha detectado en diversos países afectando a variedades de tangelo, naranjo dulce, naranjo amargo, mandarino, pomelo, limonero y tangor. La enfermedad se transmite mediante propagación de material infectado y las plantas afectadas muestran la formación de crestas longitudinales en la cara cambial de la corteza que se corresponden con hendiduras en la madera en tronco y ramas. En variedades más sensibles como el tangelo, además se observa la formación de depósitos de goma entre las crestas y las hendiduras. El diagnóstico de esta enfermedad es obligatorio en los programas nacionales de Saneamiento, Cuarentena y Certificación y se realiza mediante ensayos de infectividad en plantas indicadoras. Estos métodos son inespecíficos, lentos y caros, por lo que es necesario identificar el agente causal de la enfermedad para desarrollar métodos específicos de detección molecular. Con este objetivo, la fracción de pequeños RNAs (sRNAs) extraídos de plantas de cidro Etrog infectadas con el aislado C- 601 de Córcega se analizó mediante secuenciación masiva usando la plataforma Solexa-Illumina. El ensamblaje de los sRNAs permitió la obtención de la secuencia de un RNA de cadena negativa con dos marcos de lectura abierta en antisentido que presentaba homología con virus de la familia *Phenuiviridae*. Este RNA se detectaba en plantas infectadas con cristacortis y no en plantas sanas o infectadas con otros patógenos. La obtención de la secuencia parcial del genoma del nuevo virus ha permitido desarrollar un método específico, rápido y sensible de detección molecular del mismo mediante RT-PCR.

Área Temática: Detección y Diagnóstico Póster 126

La podredumbre interna de pimiento por *Cladosporium*

J.A. Martínez[1], M. A. Parra[1*], F.W. Aguilar[2]

[1]*Grupo de Protección de Cultivos. Dpto. Producción Vegetal, Universidad Politécnica de Cartagena, Paseo Alfonso XIII, 48. 30203 Cartagena, España.* [2]*SAT 9821 Grupo CFM, Balsapintada, Fuente Álamo, Murcia.*

La podredumbre por Cladosporium en pimientos es una de las principales causas de deterioro de este producto durante la comercialización hortofrutícola. Dado que la aplicación de fungicidas de síntesis no está permitida en frutos de pimiento tras la recolección, las podredumbres en general se combaten con diversas herramientas habituales de prevención y en la aplicación de productos desinfectantes aplicados durante el lavado de los frutos. A pesar de este hecho, se trata de una podredumbre muy poco estudiada. La especie asociada es *Cladosporium herbarum*, un hongo saprófito habitual que causa deterioro como epífito, o podredumbre en frutos bajos de defensas. Afecta tanto a la pulpa del fruto de pimiento como al pedúnculo y está asociado a la microbiota de los frutos. Se encuentra en el corte del pedúnculo donde solamente causa deterioro en atmósfera húmeda. En nuestro trabajo, además de comprobar la asociación de *C. herbarum* con la podredumbre por Cladosporium, hemos detectado e identificado la presencia de este hongo asociado a alteraciones internas de la pulpa y podredumbres localizadas en el interior de la cavidad interna del fruto. Tanto en el interior de la pulpa como en la cavidad interna, el signo del hongo apareció compacto y enquistado, formando una masa homogénea de hifas apretadas. La formación de quistes la hemos atribuido al crecimiento hifal en una atmósfera modificada. Las diferencias con el hábito de crecimiento en las podredumbres provocadas por el mismo hongo en el exterior de la pulpa fueron evidentes, dado que en las podredumbres externas, el signo se manifiesta de color verde oscuro y ciertos tonos blanquecinos, con aspecto aterciopelado a ligeramente lanoso, signos muy habituales de esta podredumbre.

Área Temática: Detección y Diagnóstico Póster 127

Especies fúngicas que pueden interferir en la detección de patógenos de vid en muestras de la Comunidad de Madrid

Esther Morate-Gutiérrez, Lilyana Tihomirova-Hristova, Susana González-Díaz, Belén Álvarez*

IMIDRA, A2 km 38,200, 28800 Alcalá de Henares, Madrid.

Las enfermedades de la madera de la vid son la patología más extendida de este cultivo. En España se han diagnosticado yesca y enfermedad de Petri en planta adulta, y enfermedad de Petri, pie negro y brazo muerto en planta joven. Existe un elevado número de especies fúngicas causales, con sintomatología interna de necrosis y/o podredumbre seca. El hecho de que pueda haber infecciones conjuntas de varias de ellas en una misma planta incrementa la dificultad del diagnóstico. Otro factor es la presencia de especias fúngicas no patógenas con características fenotípicas que puedan interferir en el proceso de detección e identificación de estos patógenos.

En el curso de unas prospecciones en varios viñedos de la Comunidad de Madrid se tomaron 20 muestras representativas con sintomatología de alguna de las enfermedades de la madera de la vid, y se procedió al aislamiento e identificación de los agentes causales. Durante la aplicación de los procedimientos, que incluyen una fuerte descontaminación superficial de las submuestras de madera, numerosas especies fúngicas fueron aisladas y purificadas, todas con al menos alguna característica fenotípica similar a las de los agentes causales. De cada una de ellas se extrajo el ADN y se realizó la amplificación con primers ITS86-ITS4 y secuenciación parcial para la identificación molecular. Además de la confirmación de la presencia de especies fúngicas patógenas, se identificaron hasta 30 especies fúngicas pertenecientes a géneros distintos con alguna característica fenotípica interferente en el análisis de las muestras. Dichas especies pueden considerarse endófitas o saprofitas, oportunistas o no, también asociadas a la madera de vid.

Área Temática: Detección y Diagnóstico Póster 128

Detección de *Xylella fastidiosa* en la Comunidad de Madrid

Esther Morate-Gutiérrez[1], Susana González-Díaz[1], Lilyana Tihomirova-Hristova[1], Marta Pérez-Díaz[1], Hristiyan Emilov-Hristov[1], Omar Antón-Iruela[1], Sandra Bielsa-Lozoya[1], Sandra García-Gutiérrez[1], Andrés Zhou-Tsang[1], Adela Monterde[2], Inma Navarro[2], Silvia Barbé[2], Ester Marco-Noales[2], Miguel Montes-Borrego[3], Blanca B. Landa[3], Belén Álvarez[1*]

[1] IMIDRA, A2 km 38,200, 28800 Alcalá de Henares, Madrid.[2] Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias (IVIA), Carretera Moncada-Náquera km 4,5, 46113 Moncada, Valencia.[3] Instituto de Agricultura Sostenible, CSIC, Alameda del Obispo s/n, 14004 Córdoba.

Xylella fastidiosa es una bacteria fitopatógena que afecta a más de 350 especies de plantas, entre ellas cultivos de gran interés económico, como la vid, el olivo, los cítricos y el almendro. Se detectó por primera vez en la Unión Europea en 2013 en Italia. Posteriormente, en Córcega y región sureste continental de Francia en 2015, en 2016 en Alemania, en el mismo año en España, en las Islas Baleares, y en 2017 en la Comunidad Valenciana.

Recientemente se ha detectado *X. fastidiosa* subsp. *multiplex* ST6 en olivo en la Comunidad de Madrid, lo que ha constituido la primera detección de *X. fastidiosa* en este cultivo en la Península Ibérica. La zona afectada es Villarejo de Salvanés, un municipio del sureste de dicha Comunidad, de clima continental, con temperaturas mínimas invernales en campo por debajo de cero. Tras la declaración oficial del foco, se están aplicando las acciones establecidas en el Plan de Contingencia y en la Decisión europea 2017/2352, para erradicar la bacteria e impedir su diseminación. En la Comunidad de Madrid, los principales cultivos amenazados son el olivo y la vid.

Actualmente se están analizando más de 1.000 muestras de olivo y otras plantas huéspedes, tanto del radio de 100 m alrededor del olivo infectado, que fueron destruidas tras el muestreo, como del primer kilómetro de los cinco totales de la zona demarcada. También se están analizando olivos de otros municipios de la Comunidad de Madrid. Estos resultados contribuirán a proporcionar información de la incidencia real de *X. fastidiosa* en dicha Comunidad.

Área Temática: Detección y Diagnóstico Póster 129

Caracterización del estado fitosanitario de diversos hábitats protegidos (alisedas y castañares) frente a la presencia de especies de *Phytophthora* en diversos espacios de la Red Natura 2000 de la provincia de Toledo

Ramón Pintado[1], Arantxa Ávila[2], Rosa Sancho [3], Belén Álvarez [4], Cristina Pintos[5], Cristina Rial[5], Olga Aguín[5], Mónica Espinosa[6*], Celia López-Carrasco[1].

[1]SV Política Forestal y Espacios Naturales. Dirección Provincial Agricultura, Medio Ambiente y Desarrollo Rural, C/ Quintanar de la Orden s/n, 45071 Toledo; [2]Montarsa Medioambiente SL C/Mesones del Agua, 21 06920 Azuaga (Badajoz); [3]Laboratorio Regional Agroalimentario y Ambiental de Castilla-La Mancha (LARAGA), C/San Pedro el Verde, 49, 45071 Toledo, [4]Instituto Madrileño de Investigación y Desarrollo Rural, Agrario y Alimentario (IMIDRA) Finca El Encín Autovía del Noreste A-2 Km 38,2 28800 Alcalá de Henares (Madrid); [5] Estación Fitopatológica do Areeiro Subida a la Robleda s/n 36153 Pontevedra; [6]SV Forestal. Dirección General de Política Forestal y Espacios naturales. Consejería de Agricultura, Medio Ambiente y Desarrollo Rural, Plaza del Cardenal Silíceo, 2, 45071 Toledo.

En los últimos años se ha venido observando un elevado decaimiento y muerte de castaños en la Sierra de San Vicente y de alisos en el río Alberche y Sotos del río Alberche. Debido a la importancia para su conservación se realizó un estudio de los principales agentes patógenos implicados y se valoró su posible amenaza para la conservación de estos hábitats. Se realizaron muestreos en distintos puntos del castañar y en las alisedas en el tramo bajo del río Alberche, procediéndose a una inspección fitosanitaria y a la toma de muestras para su análisis en laboratorio. Los principales agentes patógenos encontrados fueron diversas especies de *Phytophthora sp*, siendo los aislados de *P. xalni* los más frecuentes, aunque también se obtuvieron aislados de *P. xmultiformis*, *P.cinnamomi*, *P.cryptogea*, *P.undulata*, *P.lacustris*, *Phytopythium helicoidal*, *Py. heterothallicum*.

Según estos resultados, las alisedas de El Soto del Río Alberche están afectadas por la enfermedad denominada pudrición de cuello y raíces del aliso, siendo la primera detección de este patógeno en Castilla La Mancha. En castaños con síntomas de decaimiento se detectó la presencia de *P.cinnamomi* en suelo y en raíz, agente causal de la enfermedad denominada Tinta del castaño. La expansión de *P. xalni*, puede realizar cambios irreversibles en el ecosistema ribereño del río Alberche y de otros lugares, causando serios problemas económicos y medioambientales. Por lo que es recomendable tomar las necesarias medidas de vigilancia y control. En cuanto al castañar de San Vicente es una población envejecida con baja regeneración y con una alta incidencia de árboles con síntomas de decaimiento, por lo que se hace necesario establecer medidas para su conservación.

Área Temática: Detección y Diagnóstico Póster 130

Caracterización de las masas de *Quercus* con decaimiento en Castilla La Mancha y detección de aquellas afectadas por podredumbre radical causada por *Phytophthora cinnamomi*

Rosa Sancho[1*], Arantxa Ávila[2], Celia López-Carrasco[3], Fernando Santacruz[1]; Mónica Espinosa[4]

1 Laboratorio Regional Agroalimentario y Ambiental de Castilla-La Mancha (LARAGA), C/San Pedro el Verde, 49, 45071 Toledo. 2 Montarsa Medioambiente SL C/Mesones del Agua, 21 06920 Azuaga (Badajoz); 3.SV Política Forestal y Espacios Naturales. Dirección Provincial Agricultura, Medio Ambiente y Desarrollo Rural, C/ Quintanar de la Orden s/n, 45071 Toledo; 4 SV Forestal. Dirección General de Política Forestal y Espacios naturales. Consejería de Agricultura, Medio Ambiente y Desarrollo Rural, Plaza del Cardenal Silíceo, 2, 45071 Toledo.

Debido a los síntomas inespecíficos del decaimiento y de la muerte de las especies del género *Quercus* y a su distribución, resulta difícil diferenciar cuándo nos encontramos ante una enfermedad de etiología compleja o decaimiento forestal, donde el deterioro que se observa en una población se debe al decaimiento natural de árboles senescentes individuales, o incluso de la masa al completo, sin la participación de factores específicamente asociados, o cuando estamos ante un foco específico de *Phytophthora cinnamomi* o *Pythium spiculum*.

Entre 1988 y 2016 la Junta de Comunidades de Castilla La Mancha localizó 391 focos de Seca. Entre noviembre de 2018 y marzo de 2019 se realizó un estudio más exhaustivo de algunos de esos focos. A partir de los resultados obtenidos en el laboratorio para análisis de patógenos y de las observaciones realizadas en campo se obtuvo el diagnóstico para cada uno de los focos evaluados.

Se ha visto que la presencia de podredumbre radical se da en la provincia de Toledo y Ciudad Real. En las provincias de Albacete, Guadalajara y Cuenca, los síntomas observados, su homogeneidad y distribución y la ausencia de *P.cinnamoni* en los análisis de muestras indican que el agente causal de los decaimientos de las masas de *Quercus* se debe a factores generalmente de tipo abiótico. Diferenciar por un lado la incidencia de enfermedades específicas en zonas concretas y por otro, otras causas de deterioro del arbolado (climáticas, culturales, selvícolas, ecológicas, ganaderas, etc.), supone un paso importante a la hora de aplicar soluciones o medidas de control adecuadas.

Área Temática: Detección y Diagnóstico Póster 131

Detección del Virus del mosaico verde jaspeado del pepino, Cucumber green mottle mosaic virus, (CGMMV) en cultivos de cucurbitáceas en Canarias

Ana Isabel Espino de Paz*[1], Moises Botella-Guillén[1], Felipe Ochoa-Vigo[1], Francisco Javier González- González[2], Cecilia Otazo-González[1]

[1]Laboratorio de Sanidad Vegetal, Servicio de Sanidad Vegetal de la Consejería de Agricultura, Ganadería, Pesca y Aguas del Gobierno de Canarias. C/ Bajada del Boquerón s/n, 38270 Valle de Guerra-San Cristóbal de la Laguna. Tenerife, [2] Finca Rio Sur S. L. C/ El Rio s/n 38580 Arico. Tenerife

En febrero del año 2016 se detecta por primera vez CGMMV en infecciones mixtas con PRSV en un cultivo de calabacín, en el suroeste de Tenerife. El diagnóstico se realizó mediante la técnica serológica ELISA-DAS. Los síntomas observados fueron un mosaico y abullonado suave tanto en hojas como en frutos. En septiembre de 2017 se detectó de nuevo, pero sin PRSV, en cultivos de pepinos en invernadero y en sandías al aire libre. En pepino, los síntomas se manifiestan con un mosaico (estrella) en hojas jóvenes y un mosaico y deformación en frutos. En la sandía, se produjeron daños internos en la fruta, sin manifestar síntomas externos. El diagnóstico se realizó mediante ELISA-DAS y la técnica molecular RT-PCR. A partir de ese momento se realizan prospecciones en los meses de otoño-invierno de 2017 y la primavera de 2018 del virus, en los nuevos cultivos de cucurbitáceas, analizándose el material vegetal de plantación y posteriormente en el cultivo al inicio y al final de su ciclo, obteniéndose resultados negativos en plántulas e inicio del cultivo por ELISA-DAS y positivos durante todo el ciclo por RT-PCR. Para su confirmación se secuenciaron algunos aislados y estos coinciden en un 99% con los del CGMMV descritos. Al mismo tiempo se realiza un seguimiento de la enfermedad en campo de los cultivos que se plantaron en parcelas libres del virus y el de la calabaza que se estableció en la misma explotación de sandía donde se obtuvieron resultados positivos en el verano anterior. En este estudio, se han observado síntomas en brotes jóvenes, a lo largo del cultivo de pepino y únicamente al final del cultivo de la calabaza; sin una disminución en la producción. Estos resultados nos indican que la expresión de síntomas en esta época del año, es muy baja o nula.

Área Temática: Detección y Diagnóstico Póster 132

Estandarización de un sistema de infección controlada con cepas de *Fusarium solani* en plantas de granadilla (*Passiflora ligularis* Juss.).

Martínez, E., Osorio, J., Hio, J., Aguirre, J. , Vergara, J. , Luque, N. , Rojas, E.

Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria –AGROSAVIA, Manejo Fitosanitario. Red de Innovación en Frutales. Colombia

La secadera (*Fusarium solani*) es la enfermedad más importante en los cultivos de pasifloras. El patógeno está ampliamente distribuido en el suelo y se concentra en el área del cuello y la raíz de la planta causando la pudrición. Generalmente, en los estudios de investigación en el patosistema, la evaluación de métodos de control o la evaluación de germoplasma, se utilizan técnicas invasivas que aumentan la susceptibilidad de las plantas y se alejan del sistema natural de infección en el suelo. Por lo tanto, se diseñó y validó un protocolo de infección controlada en invernadero; para ello se estableció un diseño experimental en bloques completos al azar con tres repeticiones, 8 plantas por unidad experimental y cuatro tratamientos ($0.5x10^6$, $1x10^6$, $2x10^6$ conidos/g de *F. solani* - SEC053 y sin inóculo). Se utilizaron plántulas de dos meses de edad trasplantadas en turba estéril mezclada con el inóculo en contacto la base del tallo y la parte superior del sistema radicular de la plántula. Se realizaron observaciones periódicas del desarrollo de la enfermedad de acuerdo con una escala diseñada con cinco niveles para valoración de síntomas. Los resultados sugirieron que en granadilla se pueden usar concentraciones de inóculo en el rango de 0.5 a 2.0 x 10^6 conidias/ g sustrato. Adicionalmente en esta investigación se diseñó y aplicó con éxito una nueva escala, acompañada de una guía pictórica para la evaluación de síntomas de secadera con un mayor nivel de detalle que otras reportadas en la literatura. Asimismo, el estudio permitió definir tres tipos de síntomas indicadores de la secadera: dos tipos de síntomas de carácter primario o directo, que ocurren a nivel de la base del tallo y la raíz, y un conjunto de síntomas aéreos para detectar indirectamente la enfermedad.

Área Temática: Detección y Diagnóstico Póster 133

Primera detección del Virus de la hoja rizada Nueva Delhi del tomate, Tomato leaf curl Nueva Delhi virus (ToLCNDV) en cultivos de cucurbitáceas en Canarias

Ana Isabel Espino de Paz*, Moisés Botella-Guillén, Felipe Ochoa-Vigo, Cecilia Otazo-González

Laboratorio de Sanidad Vegetal, Servicio de Sanidad Vegetal de la Consejería de Agricultura, Ganadería, Pesca y Aguas del Gobierno de Canarias. C/ Bajada del Boquerón s/n, 38270 Valle de Guerra-San Cristóbal de la Laguna. Tenerife

A partir del año 2014, se inician prospecciones para la detección del virus ToLCNDV en diferentes cultivos de cucurbitáceas, en Tenerife y Gran Canaria. El diagnóstico se realiza mediante la técnica molecular de hibridación molecular con una sonda específica. En marzo de 2018, se detecta por primera vez en un cultivo de calabacín, en el sureste de Gran Canaria, con síntomas de amarilleos, rizado de las hojas apicales hacia el haz y de las medias hacia el envés y frutos con mosaicos y rugosidad. El diagnóstico se realiza mediante la técnica molecular de PCR con cebadores específicos y para su confirmación se secuencian algunos aislados, obteniéndose un 99% de identidad con los aislados de Almería y de Agadir. Para determinar su extensión se han analizado un total de 160 muestras, de las que 50 de ellas, se analizaron tanto por PCR como por hibridación molecular con resultados idénticos, por lo que para las 110 muestras restantes, únicamente se utilizó la hibridacion molecular, ya que permite avanzar más rápido en el análisis de un número importante de muestras. Las muestras se han tomado en 23 parcelas de diferentes municipios del sureste de Gran Canaria: calabacín (15), pepino (3), tomate (2), calabaza (2) y melón (1). Se han muestreado y analizado también diferentes especies de malas hierbas localizadas dentro de los cultivos. Los resultados positivos se han obtenido en 12 parcelas de calabacín, 2 de calabaza y 1 de melón, mientras que han resultado negativos para el resto y todas las especies de malas hierbas. Estos resultados confirman la primera detección de ToLCNDV en calabacín, calabaza y melón en el sureste Gran Canaria.

Área Temática: Epidemiología Póster 134

Estudio de la variabilidad interespecífica con marcadores morfológicos y patogénicos entre aislados de *Fusarium solani*.

Maria Villarino, Inmaculada Larena, Raquel Castillo, Paloma Melgarejo, Antonieta De Cal*

Departamento de Protección Vegetal, INIA, Carretera de La Coruña km 7, 28040 Madrid.

Fusarium solani es un patógeno emergente en España en las dos fases del cultivo de la fresa: producción de fruta y plantas de vivero, posiblemente por su menor sensibilidad a los productos utilizados para la desinfección del suelo tras la retirada del Bromuro de Metilo. Se ha llevado a cabo un estudio poblacional mediante la caracterización morfológica, agresiva y de sensibilidad a ciertos biocidas de 103 aislados de *F. solani* de suelo y planta procedentes de viveros de altura de Castilla- León (50 aislados) y campos de producción de fruto de fresa (53 aislados). Los aislados fueron identificados a nivel de especie mediante PCR con oligonucleótidos específicos.

Se determinó la tasa de crecimiento, el color del anverso y reverso de las colonias después de 10 días de incubación, y la presencia de monofialidas, macroconidia, microconidia y clamidosporas Se caracterizó el nivel de virulencia de cada aislado de *F. solani* en plantas de fresa inoculadas artificialmente (10^6 conidia ml^{-1}) y mantenidas en cámara de crecimiento durante 8-12 semanas. La CE_{50} para los tres biocidas (dazomet, metamsodio y cloropicrina) se determinó a partir de curvas de respuesta de crecimiento de los aislados de *F. solani* al aumento de las concentraciones de productos en placas ELISA. Todos los ensayos se repitieron al menos dos veces para cada aislado. Las diferencias entre aislados se definieron mediante un análisis de la varianza. Posteriormente se elaboró una matriz de similitud con los datos generados por los caracteres significativos y se construyó un dendrograma mediante el método de agrupamiento UPGMA.

Los resultados obtenidos muestran la carencia de un origen común entre las dos poblaciones estudiadas y una evolución diferente en cuanto a los caracteres estudiados.

Área Temática: Epidemiología Póster 135

Meloidogyne en calabacín (*Cucurbita pepo pepo*): caracterización de la enfermedad

Miguel Talavera, Soledad Verdejo-Lucas*

Instituto de Investigación y Formación Agraria y Pesquera (IFAPA)

Meloidogyne causa pérdidas de producción que oscilan entre 30% y 50% en calabacín. El grado de susceptibilidad, resistencia o tolerancia depende de la especie del nematodo como del genotipo del huésped. Como fitoparásito, *M. incognita* mostró entre 3 a 5 veces menor capacidad reproductora y adaptación parasítica que *M. javanica*. El tamaño de las agallas inducidas por *M. incognita* era mayor que las inducidas por *M. javanica* a partir de 15 días post-inoculación (dpi), mientras que el tamaño (anchura máxima) del nematodo era menor para *M. incognita* que *M. javanica* desde los 18 dpi. El proceso clave diferenciador de las especies fue el paso de juvenil de cuarto estado a hembra adulta; un 74% de los individuos de *M. incognita* fracasaron en dar ese paso, y por tanto, en completar su ciclo de vida debido al mal funcionamiento de las células gigantes que mostraban abundante vacuolización. La menor fecundidad de las hembras grávidas de *M. incognita* que las de *M. javanica* revelaba una inferior capacidad de adaptativa de *M. incognita* que *M. javanica* al parasitismo en calabacín. El genotipo de calabacín influía en su eficiencia como huésped y oscilaba entre el 27 y 61% para *M. incognita* y 55% y 98% para *M. javanica.* El potencial patogénico de *M. incognita* fue mayor que el de *M. javanica* al reducir el peso aéreo a niveles iniciales < 2000 nematodos/ planta y aumentar la severidad de la enfermedad. Plantas con 1.000 *M. incognita* mostraron un índice de agallas similar a aquellas con 10.000 *M. javanica* (4,3 y 4,6, respectivamente, escala del 1 a 10). Se concluye que el calabacín es parcialmente resistente a *M. incognita* y muestra tolerancia a *M. javanica.* Ambas características deben tenerse en cuenta para conseguir una rotación funcional en la gestión de la enfermedad.

Financiación: INIA, RTA2014-00078-00-00, IFAPA-PP.TRA.TRA201600.9 y Fondos FEDER Unión Europea.

Área Temática: Epidemiología Póster 136

Percepción de las enfermedades causadas por nematodos fitoparásitos en los cultivos hortícolas del noroeste de Cádiz.

Maria Dolores Vela-Delgado[1*], Soledad Verdejo-Lucas[1], Jesus Cantoral[2], Miguel Talavera[1]

[1] *Instituto de Investigación y Formación Agraria y Pesquera (IFAPA).* [2] *Universidad de Cádiz, Departamento de Biomedicina, Biotecnología y Salud Pública*

Con el objetivo de determinar la prevalencia e incidencia de las enfermedades causadas por nematodos fitoparásitos en la comarca "Costa Noroeste" de Cádiz, se realizaron 120 encuestas entre agricultores y asesores técnicos. Paralelamente, se realizó una prospección nematológica en 60 parcelas. Los nematodos se perciben como el segundo agente patógeno causante de las mayores pérdidas en estos cultivos por detrás de los mildius. La prevalencia de *Meloidogyne*, principal fitoparásito detectado en la comarca, fue del 38% en cultivos bajo abrigo y 43% en cultivos al aire libre, muy similar a la percepción de los agricultores y asesores técnicos (44%). La superficie media infestada por parcela se estimó en 42% y las pérdidas medias de producción, en torno al 25%. Los nematodos bacterívoros dominan en los suelos de la comarca, lo que indica condiciones de suelo próximas a los estados basales y de enriquecimiento en nutrientes. Los principales nematodos fitoparásitos (*Meloidogyne*, *Pratylenchus*) mostraron mayores densidades en los cultivos bajo abrigo que al aire libre, mientras que los géneros de nematodos bacterívoros y fungívoros mostraron la tendencia opuesta. El método de control más utilizado en la comarca (45% de los casos), y a su vez, el considerado más eficaz fue la fumigación del suelo con fitosanitarios químicos basados en el 1,3- dicloroproneno. Se percibe que la eficacia de otras materias activas como el Metam-Na, Dazomet, Fenamifos y Oxamilo es moderada en la reducción de las poblaciones de nematodos fitoparásitos. El uso de la solarización se menciona en un 18 % de los casos, y su eficacia se describe como moderada. No obstante, la combinación de fitosanitarios químicos y solarización y la biosolarización se percibe como bastante eficaz.

Área Temática: Epidemiología Póster 137

Relación entre el síndrome del decaimiento del espárrago y la estructura trófica de las comunidades de nematodos de suelo.

Miguel Talavera*, Soledad Verdejo-Lucas

Instituto de Investigación y Formación Agraria y Pesquera (IFAPA)

El decaimiento del espárrago es un síndrome que limita su período productivo e impide la replantación durante largos periodos de tiempo. La etiología de este síndrome no está clara y aunque generalmente se asocia a la podredumbre de raíces y coronas causada por *Fusarium* spp., existen casos en los que la sintomatología del síndrome no se ha podido asociar con poblaciones de este patógeno. La composición de la estructura trófica de la comunidad de nematodos podría indicar el decaimiento de los cultivos. Con el objetivo de explorar las relaciones multitróficas que repercuten en el desarrollo del síndrome se muestrearon 36 fincas de espárrago en tres regiones (Andalucía, Madrid y Navarra), representativas de: i) campos asintomáticos, ii) campos con síntomas de decaimiento con menos de 5 años de cultivo y iii) campos sintomáticos con más de 5 años. Se determinó la composición genérica de la comunidad de nematodos presentes en cada muestra de suelo y se calcularon diversos índices de biodiversidad, madurez y estructura trófica. Los índices de madurez ΣMI y PPI, así como el porcentaje de nematodos herbívoros respecto al total de la comunidad de nematodos de suelo fueron mayores en las parcelas con decaimiento que en las asintomáticas. El porcentaje de nematodos semi-endoparasitos/ectoparásitos (*Helicotylenchus*, *Rotylenchus*) respecto al total de nematodos herbívoros fue mayor en las parcelas con decaimiento siendo el porcentaje mayor en las parcelas más viejas que en las jóvenes. Estos resultados sugieren una implicación de la estructura de la comunidad de nematodos en el desarrollo de los síntomas del síndrome del decaimiento del espárrago. La interacción de los nematodos con otros patógenos y factores abióticos necesita ser estudiada.

Financiación: RTA2015-00008-C02-01 y Fondos FEDER Unión Europea.

Área Temática: Epidemiología Póster 138

Efectividad de la introducción de *Verticillium dahliae* en el suelo a través del sistema de riego para el desarrollo de Verticilosis en olivo

Dolores Rodríguez-Jurado*, Antonio Santos-Rufo, Javier Jesús Hidalgo-Moya, Juan Carlos Hidalgo- Moya, Victorino Vega-Macías

Instituto de Investigación y Formación Agraria y Pesquera (IFAPA) Centro "Alameda del Obispo", Avd. Menéndez Pidal, s/n. 4080, Córdoba

La adopción de tecnologías de riego para combatir a *Verticillium dahliae* en las aguas de riego precisa que sus procedimientos sean efectivos para reproducir los síntomas de Verticilosis. Por ello se planteó determinar la eficacia de la vertirrigación para causar Verticilosis en olivo y estudiar la relación de los niveles de *V. dahliae* en el agua con la densidad de inóculo en el suelo y con la enfermedad. Olivos 'Picual' (uno por maceta) fueron regados cada semana con 6 concentraciones de inóculo (3 de conidias y 3 de esclerocios) o agua no infestada durante 10 semanas de invierno a primavera. El agua infestada contenida en reservorios se bombeó hasta los plantones (un reservorio y 32 plantones por concentración de inóculo; 3 goteros por maceta) a través de un sistema de riego por goteo superficial. Las raíces de la mitad de los plantones se hirieron. La enfermedad, el nivel de inóculo a la salida de los goteros (NIG) y la densidad de inóculo del hongo en el suelo (DI) fueron monitorizados durante un año. El riego con 1,5 x 10^{10} conidias, y 3,7 x 10^{7}ó 3,7 x 10^{5} esclerocios por árbol en cada evento causó una incidencia de enfermedad final (IEF) del 50 y 6,25%, respectivamente, en los plantones cuyas raíces se hirieron. Un modelo lineal o críticamente amortiguado describió el NIG acumulado y la DI en el tiempo. Una relación lineal positiva se encontró entre ambos parámetros durante el periodo de vertirrigation aunque la acumulación de propágulos en el suelo fue inferior a la incorporada por plantón. La relación del NIG y la DI con la IEF fue explicada por una exponencial que estimó un 100% de IEF para 3,9 x 10^{11} ufc aportadas por plantón a través del riego y 1,77 x 10^{7} ufc.g^{-1} de suelo.

Financiado por el proyecto PP.AVA.AVA201601.2 del IFAPA y fondos FEDER 2014-2020.

Área Temática: Epidemiología Póster 139

Presencia de especies de *Fusarium* asociados con el síndrome del decaimiento del espárrago en suelos de tres provincias españolas.

Miguel De Cara[1], Nieves Capote[2], Alexandri Brizuela[3], José Ignacio Marín[4], Eduardo de Lastra[2] y Daniel Palmero[3*].

[1]IFAPA-La Mojonera, Camino San Nicolás n.1, 04745, La Mojonera, Almería. [2]IFAPA Centro Las Torres - Tomejil, Apdo. Oficial 41200, Alcalá del Río, Sevilla. [3]Universidad Politécnica de Madrid, Avda. Puerta de Hierro 4, 28040, Madrid, España. [4]Universidad de Almería, Ctra. Sacramento, s/n, 04120, Almería, España

Completando un amplio estudio llevado a cabo sobre la etiología del síndrome de decaimiento del espárrago en España (SDE), se ha analizado la microbiota fusárica de suelos cultivados con espárrago en la Comunidad Foral de Navarra y en las provincias de Madrid y Granada. Abarcando productores de espárrago blanco (zona norte) y de espárrago verde (zona centro y sur). Una vez clasificadas las más de 40 fincas muestreadas en tres categorías: i) sin presencia de SDE, ii) plantaciones con más de cinco años y presencia de SDE, y iii) plantaciones de menos de cinco años y presencia de SDE, se tomaron muestras de suelo de la zona circundante del sistema radical de plantas de espárrago. Las muestras se analizaron mediante el método de Warcup en medio semiselectivo Komada. Las colonias del género *Fusarium* fueron identificadas atendiendo a las características morfológicas de conidios y células conidiógenas. La identificación molecular de los aislados se realizó mediante secuenciación de las regiones ITS1-5,8S-ITS2 del ADN ribosómico y del factor de elongación 1α. Los resultados evidencian la presencia de diferentes especies del género *Fusarium* citadas como patógenas de espárrago en todos los suelos, independientemente de su historial. Entre las especies más relevantes destacan *F. oxysporum*, *F. solani, F. equiseti* y *F. proliferatum*. El trabajo discute la prevalencia de las diferentes especies y su relación con la edad de la plantación y la zona de cultivo. Se observan diferencias entre las distintas zonas de cultivo analizadas en lo que al número de propágulos y diversidad de especies de *Fusarium* se refiere.

Proyecto RTA2015-00008-C02, financiado por INIA y FEDER 2014-2020 "Programa Operativo de Crecimiento Inteligente".

Área Temática: Epidemiología Póster 140

Natural hosts and genetic diversity of the emerging *Tomato leaf curl New Delhi virus* in Spain.

Juárez M.[1], Rabadán M.P.[2]*, Díaz-Martínez L.[3], Aranda M.A.[2], Grande-Pérez A.[3], Tayahi M.[4]; Gómez P.[2]

[1]Escuela Politécnica Superior de Orihuela, Universidad Miguel Hernández de Elche, Ctra. de Beniel km 3,2 Orihuela 03312, Alicante, Spain. [2]Centro de Edafología y Biología Aplicada del Segura (CEBAS)- CSIC, Dpto Biology of Stress and Plant Pathology, Campus de Espinardo, 30100, Murcia, Spain. [3]Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea "La Mayora" (IHSM-UMA-CSIC), Área de Genética, Campus de Teatinos, 29071 Málaga, Spain. [4]Laboratory of Molecular Genetics, Immunology and Biotechnology Faculty of Sciences of Tunis, Campus University, El Manar, Tunisia.

Knowledge of the host range and genetic structure of emerging plant viruses provide insight into fundamental ecological and evolutionary processes, and also for the implementation of sustainable control measures. Tomato leaf curl New Delhi virus (ToLCNDV) is a begomovirus emergin in Mediterranean countries that is responsible for economically important diseases in cucurbit crops. Genetic characterization of ToLCNDV Mediterranean population showed that they are monophyletic in cucurbit plants. However, the extent to whic other alternative (cultivated and wild) hosts may affect ToLCNDV genetic population structure and virus prevalence remains unclear. A total of 683 samples from 13 cultivated plant species, and 203 samples from 24 wild plant species from cucurbi-production areas of Spain were analysed to detect ToLCNDV. Except in watermelon plants, ToLCNDV was detected in all cultivated cucurbit species and, to a much lesser extent, tomato, while Ecballium elaterium, Datura stramonium and Sonchus oleraceus, were identified as new alternative hosts among weed plants. We then performed whole-genome sequencing of 80 isolates from different hosts, areas and years, and results supported a genetically homogeneous virus population with no clustering pattern. Moreover, *Datura stramonium* plants displayed higher levels of within-host genetic diversity, which appear to increase with time. These findings suggest that wild plant hosts may serve as a potential source for ToLCNDV genetic variability and affect the spatiotemporal dynamics of this viral population.

Área Temática: Epidemiología Póster 141

El papel de las jaras en el decaimiento de encinas y alcornoques: análisis de la susceptibilidad-tolerancia de *Cistus* sp. a *Phytophthora cinnamomi*

Enrique Cardillo, Celestina Pérez, Mª Carmen Rodríguez-Molina

Centro de Investigaciones Científicas y Tecnológicas de Extremadura (CICYTEX). Autovía A5, km 372. 06187 Guadajira, Badajoz

La destrucción de las raíces de encinas y alcornoques causada por *Phytophthora cinnamomi* constituye la enfermedad emergente más grave de los bosques mediterráneos. Las jaras (*Cistus* sp.) son especies asociadas a las etapas de degradación de estos bosques y son actualmente muy frecuentes y abundantes en los encinares y alcornocales. Aún no se conoce bien su contribución al desarrollo de la enfermedad en términos epidemiológicos. El presente trabajo pretende conocer experimentalmente la posición de las seis especies de jaras más frecuentes en el gradiente resistencia-tolerancia-suceptibilidad a *P. cinnamomi*. Para esto, en el vivero que CICYTEX dispone en Mérida se cultivaron plantones de *Cistus albidus, C. crispus, C. ladanifer, C. monspeliensis, C. populifolius, y C. salvifolius* en contenedores de 400 cc. A los dos años de cultivo, las plantas fueron inoculadas con 3 aislados de *P. cinnamomi* obtenidos seis meses antes en focos sintomáticos de encinares de Extremadura. Después de 90 días de cultivo en una cámara de condiciones controladas, se registraron los datos de mortalidad, carga patogénica en las raíces y severidad del daño en las raíces y parte aérea. Aunque las raíces de todas las jaras estudiadas fueron infectadas masivamente (25-65% de segmentos positivos), solo dos de ellas (*C. crispus y C. albidus*) presentaron síntomas y tasas de mortalidad (33%) significativamente mayores que las de los controles. A la luz de este estudio, las jaras podrían estar actuando como hospedadores tolerantes y jugando un papel de reservorios asintomáticos contribuyendo a la aceleración de la epidemia de *P. cinnamomi* en los encinares y alcornocales mediterráneos. Estos resultados son concordantes con la bibliografía consultada y nuestras observaciones de campo. Este trabajo se ha financiado a través del proyecto RTA2014-00063-C04 y de fondos FEDER.

Área Temática: Epidemiología Póster 142

Strain-specific interaction leads to stable coexistence and affects the evolutionary dynamics of a RNA plant virus in crops

Cristina Alcaide[1*], Miguel Juárez[2], María Amelia Sánchez-Pina[1], Pedro Gómez[1]

[1] Centro de Edafología y Biología Aplicada del Segura (CEBAS)- CSIC, 30100 Espinardo, Murcia, Spain. [2] Escuela Politécnica Superior de Orihuela, Universidad Miguel Hernández de Elche, Ctra. de Beniel km 3.2, 03312 Orihuela, Alicante, Spain

Mixed infections by plant viruses are common in nature, but their evolutionary and epidemiological relevance to crops remains unclear. Here, focusing on the spatio-temporal dynamics of a RNA plant virus, Pepino mosaic virus (PepMV), we identified two major tomato-producing areas of Spain, whereby one area was only composed by PepMV Chilean (CH2) isolates, and the other one exhibited the coexistence of CH2 and European (EU) isolates, both circulating through mixed infections. We then sequenced those CH2 isolates from both areas, and found a remarkable divergence with a higher genetic variability among isolates coming from mixed infections area. This result suggested that either mixed infections or agro-ecological factors may be shaping the PepMV population's genetic structure in tomato crops. To examine the effects of virus-virus interaction within-host, we performed *in planta* assays by using molecularly cloned CH2 and EU isolates. Our results showed that the relative fitness of the CH2 clones from both areas differed significantly in the presence of the EU clone. Moreover, within-host genetic diversity analysis by deep sequencing revealed that the nucleotide variation of the CH2 population was higher under mixed infections than in single infections after long-term. This suggested the existence of an intraspecific competition that could be explained by the ability of both PepMV genotypes to co-infect the same tomato leaf cells, based on the in situ hybridization technique. Overall, this study demonstrates how mixed infections can affect the evolutionary dynamics of virus populations, resulting of epidemiological relevance to situations where virus genotypes co-infect the same host.

Área Temática: Epidemiología Póster 143

Caracterización de begomovirus muestreados durante epidemias agresivas de rizado amarillo en variedades de tomate portadoras del gen *Ty-1*

Covadonga Torre[1], Cristina Gómez-Aix[1], Livia Donaire[2], Miguel Juárez[3], Michel Peterschmitt[4], Cica Urbino[4], Yolanda Hernando[1], Jesús Agüero[1], Miguel Ángel Aranda[2*]

[1]Abiopep S.L., Departamento de I+D+I, Parque Científico de Murcia, Ctra. deMadrid, Km 388, Complejo de Espinardo, Edf. R, 2º, 30100 Espinardo, Murcia, España .[2] Centro de Edafología y Biología Aplicada del Segura (CEBAS)- CSIC, Departamento de Biología del Estrés y Patología Vegetal, PO Box 164, 30100 Espinardo, Murcia, España. [3] Escuela Politécnica Superior de Orihuela, Universidad Miguel Hernández de Elche, Ctra. de Beniel, km 3.2, 03312 Orihuela, Alicante, España. [4]CIRAD, UMR-BGPI, Equipe Interaction Virus Insecte Plantes, TA A-54/K, Campus International de Baillarguet, 34398, Montpellier cedex 5, France

El virus del rizado amarillo de la hoja del tomate (*Tomato yellow leaf curl virus*, TYLCV; género *Begomovirus*, familia *Geminiviridae*) causa una de las enfermedades más devastadoras en los cultivos de tomate, llegando a ocasionar pérdidas de hasta el 100% de la producción. En este trabajo hemos realizado un estudio epidemiológico en cultivos de variedades de tomate portadoras del gen de resistencia *Ty-1* en Águilas y Mazarrón (Murcia); estos cultivos estaban afectados por brotes inusualmente agresivos atribuibles a TYLCV. Se obtuvieron 20 muestras durante el año 2015 y 40 durante 2016. A partir de extractos de DNA de esas muestras se amplificó DNA circular mediante la técnica del circulo rodante, que se secuenció mediante secuenciación masiva (2015) y clonaje y secuenciación de tipo Sanger (2016). Así se determinaron 23 secuencias completas, todas pertenecientes a aislados de TYLCV de la cepa Israel. Un análisis filogenético mostró que los aislados murcianos pertenecen a dos grupos, uno emparentado con aislados de la cepa Israel antiguos en la zona, y otro grupo, único, pero estrechamente emparentado con aislados de la cepa Israel recientemente descritos en Marruecos y también asociados con brotes agresivos en tomates resistentes. Seleccionamos una de las secuencias de este segundo grupo para la construcción de un clon infectivo (Mu15) que fue utilizado en un ensayo de eficiencia biológica frente a un aislado recombinante marroquí (IS76) en tomates resistentes (*Ty-1*) y susceptibles. En infecciones simples en tomates resistentes, Mu15 aventajó a IS76, mientras que en infecciones mixtas predominó IS76, lo que sugiere patrones de interacción entre tipos virales complejos, tanto a nivel individual como ecológico.

Área Temática: Epidemiología Póster 144

Efecto de la resistencia genética y las condiciones climáticas en el desarrollo epidémico del emplomado del olivo.

J. Romero[1, *], A. Ávila[1], C. Agustí-Brisach[1], C. Trapero[2], Roca, L.[1], A. Trapero[1]

[1] *Departamento de Agronomía, Universidad de Córdoba, Campus de Rabanales, Edif. C4, 14071 Córdoba, Spain.* [2] *CSIRO Agriculture & Food, Narrabri, NSW, Australia*

El emplomado del olivo (OC), causado por *Pseudocercospora cladosporioides*, es una de las enfermedades más infraestimadas y desconocidas de este cultivo. La influencia de la resistencia genética y de las condiciones climáticas en OC es desconocida. En este estudio, dos campos experimentales fueron seleccionados para la evaluación periódica de la severidad de OC, mediante una escala visual, durante dos períodos (2001-2005 and 2012-2016). Hasta 38 cultivares fueron evaluados, empleando el área bajo la curva de progreso de la enfermedad para comparar su resistencia. El coeficiente de correlación de Pearson (*r*) fue calculado entre la severidad, considerando o no la producción conidial, y variables climáticas obtenidas de datos diarios de temperatura, humedad relativa y precipitación. Los cultivares evaluados fueron divididos en cinco categorías de resistencia. Algunos cultivares muy empleados se mostraron resistentes a OC (cvs. Arbequina y Picual). Sin embargo, otros fueron altamente susceptibles (cvs. Arbosana, Frantoio y Picudo). Las variaciones inter e intra-anuales de la severidad fueron más marcadas cuando se consideró la producción conidial. En este caso, los días con temperaturas comprendidas entre 10 y 20ºC y la humedad relativa estuvieron positivamente correlacionadas con la severidad ($P < 0{,}001$). Por el contrario, ambas correlaciones fueron negativas cuando la producción conidial no fue considerada ($P < 0{,}01$). Las condiciones de baja humedad y alta temperatura podrían facilitar la expresión de los síntomas causados por OC. La selección de cultivares resistentes en zonas favorables para el desarrollo de OC puede ser una práctica recomendable. Un modelo de OC se encuentra actualmente en fase de evaluación.

Área Temática: Epidemiología Póster 145

Aplicación del análisis de sistemas para el desarrollo de un modelo dinámico de la antracnosis del olivo.

Romero, J.[1, *], Agustí-Brisach, C[1]., Roca, L.F.[1], Moral, J.[1, 2], González-Domínguez, E.[3], Rossi, V.[3], Trapero, A.[1]

[1] *Departamento de Agronomía, Universidad de Córdoba, Campus de Rabanales, Edif. C4, 14071 Córdoba, Spain.* [2] *Department of Plant Pathology, University of California, Davis, Kearney Agricultural Research and Extension Center, 9240 South Riverbend Ave., Parlier 93648, CA.* [3] *Istituto di Entomologia e Patologia vegetale, Università Cattolica S. Cuore, Via E. Parmense 84, 29100 Piacenza, Italy.*

La antracnosis del olivo (OA), causada por *Collectotrichum* spp., es la enfermedad más importante de la aceituna. Tradicionalmente, su control se ha realizado mediante la aplicación de fungicidas cúpricos. Sin embargo, futuras restricciones en su aplicación incentivarán el empleo de estrategias de control integrado. Dentro de estas, el uso de modelos predictivos es recomendable. Un modelo cuantitativo, mecanístico, focalizado en la planta y denominado ANTOE (ANThracnose of Olea Europaea), fue desarrollado mediante la búsqueda de literatura científica. Los datos oríginales fueron adaptados para su integración en ANTOE. Para simular el desarrollo epidémico de OA, los procesos biológicos fueron separados en estados: tejido enfermo visible en la copa, conidios sobre tejido enfermo, conidios sobre tejido sano, tejido enfermo con infección latente y tejido enfermo con infección visible. Los cambios horarios/diarios de estado dependen de la interacción patógeno/huésped/condiciones ambientales. La organización de la información existente reveló un conocimiento incompleto de algunos aspectos de OA, como la influencia de la resistencia genética en diferentes procesos biológicos (esporulación, infección y período de latencia), el efecto de la lluvia sobre la dispersión de *Colletotrichum* spp. en olivo y la permanencia de frutos afectados en la copa del olivo. Sin embargo, el modelo ANTOE explica los principales procesos biológicos implicados en el desarrollo de OA. Si la validación del modelo resulta satisfactoria, ANTOE puede facilitar el control de OA. El objetivo final es la creación de un sistema de toma de decisiones holístico, denominado “Repilos”, que integre los modelos de las principales enfermedades aéreas del olivo.

Área Temática: Epidemiología Póster 146

Aportaciones al conocimiento de la epidemiología de *Heterodera* en brassicas en el sureste español

Antonio Monserrat, Carmen Martínez, Sandra Alcázar, Adriana Esteban, Mª Ángeles Hernández*

Instituto Murciano de Investigación y Desarrollo Agrario y Alimentario de la Región de Murcia. Estación Sericícola. 30150 La Alberca. Murcia

Los nematodos del género *Heterodera* han ido incrementando su incidencia, hasta convertirse en la plaga más importante para las plantaciones de brócoli y otras brassicas en el sureste español. La reiteración de ciclos de plantación, junto al incremento en las temperaturas globales, estaría favoreciendo el problema.

Los estudios desarrollados sobre *Heterodera*, gracias a un proyecto con financiación FEDER, están permitiendo conocer aspectos especialmente relevantes sobre la epidemiología de la plaga y sus estrategias de manejo.

Las prospecciones realizadas hasta la fecha apuntan a *Heterodera schachtii* como la especie causante de la plaga en la región, con una amplia distribución gracias a la presencia de otros hospedantes que, aunque menos eficientes, son muy comunes en los suelos agrícolas (*Chenopodium*, *Amaranthus*, *Diplotaxis spp.*). Sin embargo, el problema para las brassicas se produce con la reiteración de sus ciclos en las mismas parcelas, con la que los niveles poblacionales en suelo van aumentando progresivamente hasta que, en coincidencia con otros factores, impiden el normal desarrollo de las raíces, afectando seriamente a sus producciones.

La interrelación de una serie de factores en el suelo: temperatura, régimen de agua, disponibilidad de exudados estimulantes de la eclosión de quistes y población (quistes viables y juveniles), es la que va a determinar la magnitud del problema para la plantación.

Aspectos como la evolución en el suelo de la densidad poblacional, de la viabilidad de los quistes, la capacidad de estimulación de la eclosión o vida media de los juveniles libres, están siendo estudiados, aportando datos de especial relevancia para el diseño de estrategias de prevención y control más eficaces y sostenibles.

Área Temática: Epidemiología Póster 147

Pistachio male flowers as substrate for the biological control agent AF36: Epidemiological approaches

M. Teresa García[1,2], Ramón Jaime[2], Themis J. Michailides[2], Juan Moral[1*]

[1]*Dpto. de Agronomía, Unidad de Patología Agroforestal, Universidad de Córdoba, Campus de Rabanales, Edif. C4, 14071 Córdoba.* [2]*Dpto. Plant Pathology (KEarney Center), University of California-Davis, 93648, CA, USA.*

In California, the marketability of pistachio nuts can be affected by the presence of aflatoxins produced by *Aspergillus flavus* and *A. parasiticus*. The application of the atoxigenic AF36 strain of *A. flavus,* using inoculated sorghum grains (Prevail), is the only practical treatment to reduce aflatoxin contamination. Field application of Prevail, however, can fail by unknown reasons. Here, we studied the AF36 sporulation on Prevail grains and pistachio male flowers.

The AF36 strain produced maximum level of sporulation on the Prevail grains when the soil moisture was 13-18%. It failed to sporulate when the soils moisture was in excess (> 24%) or deficient (< 6%). Also, pill bugs (*Oniscidea* spp.) and different ant species frequently fed on Prevail grains.

In the field, toxigenic and atoxigenic *A. flavus/A. parasiticus* naturally colonized 15.3% of the pistachio male flowers on the ground. Thus, we studied whether the male flowers could be used as a substrate to apply AF36. The AF36 strain colonized male flowers on both the ground and the tree, but soil microorganisms reduced ($P < 0.05$) such colonization after one month on the ground. Finally, male flowers on the ground were inoculated with AF36 spores in May, and the aerial spore population of *Aspergillus* was monitored. The population of *A. flavus*/*A. parasiticus* remained low (< 2 spores/leaf g) until August. At this time, the spores of AF36 on the pistachio leaves were 10-fold higher on males whose flowers were inoculated (24 spores/leaf g) than control trees (non-inoculated-flower male and soil-inoculated female trees, both < 3 spores/leaf g).

The inoculation of male flowers with AF36 promises to be a good method to alter the ratio of atoxigenic/toxigenic spores of *Aspergillus* in pistachio orchards.

Área Temática: Epidemiología Póster 148

Evaluación de la reiteración del cultivo de una variedad resistente a *Meloidogyne incognita* para su control en invernaderos de pimiento

Caridad Ros*, Carmen M. Lacasa, Adriana Esteban, Victoriano Martínez, M. Ángeles Hernández, M. Carmen Martínez, Alfredo Lacasa

Dpto. de Protección de Cultivos, IMIDA, C/ Mayor s/n 3050 La Alberca Murcia

El pimiento es un monocultivo en los invernaderos de la Región de Murcia, desde hace más de 30 años. *Meloidogyne incognita* es uno de los principales patógenos edáficos. En la actualidad la mayor parte de los invernaderos se desinfectan con 1,3 dicloropropeno+cloropicrina que cuenta con una autorización excepcional de 120 días al año. Pese a la desinfección del suelo el problema originado por los nematodos es difícil de paliar en algunos de ellos y es necesario utilizar estrategias integradas de control. En un invernadero contaminado por *M. incognita*, se evaluó, la reiteración del cultivo de la variedad Yazir (R) (portadora del gen *Me1*) en suelo desinfectado con 1,3 dicloropropeno para testar la incidencia del nematodo. El diseño experimental fue de bloques al azar con tres repeticiones por tratamiento, teniendo como referencia la variedad Tamarín (S) susceptible al nematodo. Los tratamientos ensayados fueron: en la primera campaña i) cultivo de Tamarín reiterado (SS), ii) Yazir cultivado después Tamarín (SR) iii) Cultivo de Yazir reiterado (RR) y en la segunda campaña i) SSS; ii) SRS; iii) SRR, iv) SRR-suelo sin desinfectar, v) RRS, vi) RRR. Las evaluaciones realizadas mostraron que el cultivo de Yazir después de Tamarín (SR) y su reiteración, una (RR) o dos campañas (RRR) redujo la incidencia del patógeno y el número de juveniles en el suelo al final del cultivo (84,6 y 91.6%) con respecto la Tamarín. El cultivo de Tamarín tras 1 ó 2 campañas de Yazir (SRS y RRS) presenta daños similares a los de Tamarín reiterado (SSS). Sobre suelo sin desinfectar la variedad Yazir (SRR-no) mostró una incidencia del nematodo superior al cultivo en suelo desinfectado (SRR) sin embargo la población de nematodo en el suelo se redujo entre el 93.6 y el 96.6% con respecto de Tamarin (SSS).

Área Temática: Epidemiología Póster 149

Characterization of begomoviruses infecting sweet potato and weeds in Sudan: evidence for a novel begomovirus species.

Heyam S. Mohammed[1,2], Marmar A. El Siddig[2], Adil A. El Hussein[2], Jesús Navas-Castillo[1], Elvira Fiallo-Olivé[1*]

[1]*Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea "La Mayora", Universidad de Málaga - Consejo Superior de Investigaciones Científicas (IHSM-UMA-CSIC), 29750 Algarrobo-Costa, Málaga, Spain.* [2]*Botany Department, Faculty of Science, University of Khartoum, Sudan.*

Begomoviruses (family *Geminiviridae*) are plant viruses transmitted by whiteflies of the *Bemisia tabaci* complex, responsible for emerging vegetable and fiber crop diseases worldwide. Begomovirus genomes are composed of one (monopartite) or two (bipartite) circular ssDNA molecules. The two genomic components of bipartite begomoviruses, DNA-A and DNA-B, are of similar size (ca. 2.7 kb), and the only DNA component of monopartite begomoviruses is similar to DNA-A. Sweet potato is a root crop that plays an important role in terms of food security in Africa. In Sudan, a survey was carried out in order to investigate the presence of begomoviruses affecting sweet potato. Also, weeds from the genus *Datura*, frequently found near to this crop, were sampled to investigate the presence of begomoviruses. Nucleic acids were extracted from leaf samples and amplified by Rolling-Circle Amplification. RCA products were digested with a set of restriction endonucleases and fragments of ca. 2.7 kbp were cloned and sequenced. For the first time in Africa, the presence of sweet potato leaf curl virus, a "sweepovirus", was confirmed. Also, it was found that *D. stramonium* is a reservoir for the monopartite begomovirus tomato leaf curl Sudan virus, one of the most important viruses that limits tomato production in Africa. *D. innoxia* was found to be infected with the bipartite begomovirus watermelon chlorotic stunt virus, a virus that frequently affect cucurbits in Africa and the Middle East, and a novel monopartite begomovirus that we named Datura leaf curl Sudan virus (DaLCV). Phylogenetic analysis showed that DaLCV clustered with tomato yellow leaf curl viruses. Our results illustrate that wild plants are an excellent reservoir for viruses that pose a threat to crops.

Área Temática: Epidemiología Póster 150

Molecular characterization of novel begomoviruses (family *Geminiviridae*) and betasatellites (*Tolecusatellitidae*) from non- cultivated plants in East Africa

Happyness G. Mollel[1], Titus Alicai[2], Peter Sseruwagi[3], Joseph Ndunguru[3], John Colvin[4], Jesús Navas- Castillo[1], Elvira Fiallo-Olivé[1*]

[1]*Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea "La Mayora", Universidad de Málaga - Consejo Superior de Investigaciones Científicas (IHSM-UMA-CSIC), 29750 Algarrobo-Costa, Málaga, Spain.* [2]*National Crops Resources Research Institute, Namulonge, P.O. Box 7084, Kampala, Uganda.* [3]*Mikocheni Agricultural Research Institute, P.O. Box 6226, Dar es Salaam, Tanzania.* [4]*Natural Resources Institute, University of Greenwich, Kent ME4 4TB, United Kingdom.*

Begomoviruses (genus *Begomovirus*, family *Geminiviridae*) are considered one of the most important groups of emerging plant viruses that infect a broad range of plant species. They cause devastating crop diseases throughout the world, mainly in sub-tropical and tropical regions and are transmitted by whiteflies from the *Bemisia tabaci* complex. Apart from cultivated plants, numerous non-cultivated plants (weeds and other wild plants) can act as a source of virus inoculum for the existing begomoviruses and reservoir hosts of unidentified economically important begomoviruses. In East Africa, only very limited studies have been conducted on the roles of non-cultivated plants as begomovirus hosts. In this work, a survey was conducted in southwestern Uganda aimed at characterizing ssDNA viruses and their associated DNA-satellites infecting symptomatic non-cultivated plants. DNA from leaf samples was amplified by rolling circle amplification (RCA) using φ29 DNA polymerase, cloned and sequenced. Begomoviruses were found infecting fifteen out of thirty-eight samples collected. Based on the current ICTV species demarcation criteria for the genera *Begomovirus* and *Betasatellite* (family *Tolecusatellitidae*), the sequenced genomes belong to eight novel begomovirus species and a betasatellite. These novel begomovirus species include bipartite begomoviruses isolated from *Tragia* sp. (Euphorbiaceae), *Ocimum* sp. (Lamiaceae) and *Asystasia* sp. (Acanthaceae), a monopartite begomovirus-betasatellite complex that infects *Vernonia amygdalina* (Compositae), and a distinct bipartite begomovirus (legumovirus) identified from the wild weed *Desmodium* sp. (Leguminosae).

Área Temática: Epidemiología Póster 151

Occurrence of viral diseases caused by begomoviruses affecting leguminous plants in Ecuador

Elvira Fiallo-Olivé[1*], Dorys T. Chirinos[2], Rossana Castro[3], Jesús Navas-Castillo[1]

[1]*Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea "La Mayora", Universidad de Málaga - Consejo Superior de Investigaciones Científicas (IHSM-UMA-CSIC), 29750 Algarrobo-Costa, Málaga, Spain.* [2]*Facultad de Ingeniería Agronómica, Universidad Técnica de Manabí, Manabí, Ecuador.* [3]*Laboratorio de Entomología, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Agraria del Ecuador, Guayaquil, Ecuador.*

A high number of emerging plant virus diseases are caused by viruses transmitted by whiteflies of the *Bemisia tabaci* complex. Among these viruses, members of the genus *Begomovirus* are of enormous importance. A significant number of the recently described begomoviruses affect legumes. In most Latin American countries, the production and consumption of certain legumes, especially common bean, have a long tradition dating back to pre-Columbian times. In this work, a survey of cultivated and wild leguminous plants showing virus-like symptoms including yellow mosaics and leaf deformation, was conducted in the major producing regions in Ecuador. Molecular analysis showed the presence of the bipartite begomoviruses cabagge leaf curl virus (CabLCV) infecting common bean, cowpea, soybean, pigeon pea, *Mucuna pruriens* and *Rhynchosia minima*, and pepper leafroll virus (PepLRV) infecting common bean, cowpea and soybean. CabLCV was found in El Oro and Guayas provinces whereas PepLRV was found in Guayas and Santa Elena provinces. The only begomovirus reported to date from Ecuador, tomato leaf deformation virus, was not detected in the analyzed samples. Whenever high populations of whiteflies were observed, they were genotyped by amplifying and sequencing the mitochondrial COI gene. This analysis confirmed by the first time the presence of the Middle East-Asia Minor 1 species of the *B. tabaci* complex in Ecuador. The confirmation of begomovirus infections affecting leguminous crops in Ecuador is relevant as they could seriously threaten the production of legumes which play a key role in the traditional Ecuadorian diet. Future work should be focused on determining the damage that begomoviruses can cause to common bean and other legumes in the country.

Área Temática: Epidemiología Póster 152

Evidence for a complex of emergent poleroviruses threatening pepper worldwide

Elvira Fiallo-Olivé[1], Elisa Navas-Hermosilla[1], Camila G. Ferro[1,2,3], F. Murillo Zerbini[2,3], Jesús Navas-Castillo[1*]

[1]Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea "La Mayora", Universidad de Málaga - Consejo Superior de Investigaciones Científicas (IHSM-UMA-CSIC), 29750 Algarrobo-Costa, Málaga, Spain. [2]Departamento de Fitopatologia/BIOAGRO, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG 36570-900, Brazil. [3]National Research Institute for Plant-Pest Interactions (INCT-IPP), Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG 36570-900, Brazil.

Symptoms of vein yellowing and leaf roll in pepper crops associated with the presence of poleroviruses (genus *Polerovirus*, family *Luteoviridae*) have emerged in many countries worldwide in the last few years. Spain was the first country in Europe where the yellowing disease of pepper was observed. In this work, a polerovirus isolate from Spain that infects pepper and has been shown to be transmitted by the aphid *Aphis gossyppii* was sequenced and compared with isolates from Japan, Israel, China and Australia. The genome (6125 nt in length) of the isolate from Spain has the typical genome organization of poleroviruses and contains seven open reading frames (ORF0 to ORF5 and ORF3a), putatively encoding proteins P0 to P5 and P3a. A comparison of the virus from Spain with the four complete sequences available for poleroviruses infecting pepper showed a closer relationship to the isolate from Israel and supports the existence of a complex of at least five polerovirus species. Given that the symptoms caused by all pepper poleroviruses described to date are similar, if not identical, we propose to name them pepper vein yellows virus 1 to pepper vein yellows virus 5 (PeVYV-1 to PeVYV-5), with PeVYV-5 corresponding to the polerovirus from Spain described in this work. Our results and those published over the last few years have shown that the emergent poleroviruses affecting pepper crops around the world are highly complex due to recombination events.

Área Temática: Epidemiología Póster 153

Gene expression profile of *Fusarium circinatum* in response to the infection of FcMV1, a putative mycovirus

Cristina Zamora-Ballesteros[1,2*], Brenda Wingfield[3], Jorge Martín-García[1,2], Julio Díez[1,2]

[1]*Sustainable Forest Management Research Institute, University of Valladolid – INIA, Palencia, Spain;* [2]*Department of Vegetal Production and Forest Resources, University of Valladolid, Palencia, Spain;* [3]*Department of Genetics, Forestry and Agricultural Biotechnology Institute, University of Pretoria, Pretoria, South Africa*

The recent identification of mycoviruses that infect Spanish isolates of the pathogen *Fusarium circinatum* has prompted researchers to study their possible use as biological control agents for limiting the effects of the devastating Pine Pitch Canker disease. Although the presence of mycoviruses does not seem to affect the size of the lesions caused by *F. circinatum*, according to a study it does so reducing the mycelial growth and percentage of spore germination. Thus, the presence of mycoviruses in *F. circinatum* could be related to its metabolic activity reduction but it is necessary the use of more accurate methods to determine the effect caused beyond the visible symptoms. The development of new tools based on host genome studies helps to address the intellectual challenge of understanding the fungal–virus interactions. RNA sequencing along with the available sequenced genome of *F. circinatum* provide a basis for studies on identification transcriptome-wide changes in gene expression. Attempting to identify genes linked to the presence of the mycovirus FcMV1, standard differential expression analysis was carried out using RNA-Seq. Total RNA was isolated from mycelia of isogenic virus-infected and cured fungal strains of Spanish *F. circinatum* and six cDNA libraries were constructed. The libraries were sequenced by the Illuminia HiSeq 4000. CLC Genomics Workbench was used to align reads on the *F. circinatum* reference genome, assemble the reads into transcripts and identify differentially expressed genes (DEGs) via several statistical analyses. As a result, it was found genes differentially expressed in response to mycovirus FcMV1 infection, identifying changes in specific functional categories.

Área Temática: Epidemiología Póster 154

Prospección de la pobredumbre carbonosa de raíz y corona inducida por *Macrophomina phaseolina* en la zona fresera onubense

Manuel Avilés[1]*, Juan Bascón[1], Celia Borrero[1], Andrea Onofri[2]

[1]Dpto. Ciencias Agroforestales, E.T.S.I.A. Universidad de Sevilla, Ctra. Utrera, km 1, 41013, Sevilla, España.[2]Università degli Studi di Perugia, P.zza Università, 06123, Perugia, Italia.

La Podredumbre carbonosa de raíz y corona de fresa asociada a *Macrophomina phaseolina* tuvo su primera cita como enfermedad en cultivos de fresa en Huelva en 2008. Durante dos campañas consecutivas (2012/13 y 2013/14) realizamos una prospección para evaluar su importancia. Se visitaron un total de 433 explotaciones lo que supone aproximadamente el 10% de la superficie cultivada. En los muestreos realizados en cada explotación se evaluó la incidencia de la enfermedad con posterior aislamiento del agente causal. Además, se recabaron 25 datos agroecológicos (zona biológica, pendiente, fenología, cultivar, fecha y densidad de plantación, años de monocultivo, textura del suelo, orientación de los lomos, antigüedad de los lomos, desinfección o no, producto empleado, fecha de la desinfección, modo de aplicación, enmienda previa o no, tipo enmienda, manejo del rastrojo, procedencia agua de riego, etc.). Así, la prevalencia obtenida fue del 5% y la incidencia media en las explotaciones afectadas equivalente a unos 150 m de lineo por ha. Además, tras agrupar las incidencias de las explotaciones en 4 clases (<0.001, 0.001-0.55, 0.55-3, >3) y aplicar como criterio de selección de variables el Criterio de Información de Akaike se obtuvo un modelo multivariable con el mejor ajuste que seleccionó 4 variables. Las variables fueron: campaña de la prospección, fenología del cultivo, años de monocultivo y orientación de los lomos. De tal manera que en la campaña 2013/14 se registró mayor incidencia que en la 2012/13, el estado fenológico que muestra mayor incidencia es el de producción tardía, las mayores incidencias se registran en campos con monocultivo de más de 10 años y la orientación del lineo norte-sur registra mayores incidencias que la este-oeste.

Área Temática: Epidemiología Póster 155

Implicación de *Neophilaenus campestris* en la epidemiología de *Xylella fastidiosa* en España

Daniele Cornara, Marina Morente, Elisa Garzo, Aránzazu Moreno*, Alberto Fereres

Instituto de Ciencias Agrarias, Consejo Superior de Investigaciones Científicas. C/ Serrano 115 dpdo., 28006 Madrid, España

La rápida propagación de *Xylella fastidiosa* en el continente Europeo es un ejemplo de cómo la falta de información sobre la interacción patógeno-vector-huésped puede impedir la aplicación de estrategias de contención eficientes.

X. fastidiosa es una bacteria restringida al xilema que es transmitida únicamente por insectos que se alimentan de la savia xilemática. Aunque *Philaenus spumarius* ha sido identificado como el vector principal de la bacteria en olivo y otras plantas huéspedes en el sur de Italia, su densidad de población en España en la copa de olivos es muy reducida. Sin embargo, *Neophilaenus campestris*, otro vector potencial de la misma familia, ha sido encontrado en *Bromus* sp. y *Avena* sp. en cultivos de almendro y olivo en las comunidades de Madrid y Andalucía, zonas donde *X. fastidiosa* ha sido detectada recientemente. Un factor determinante en la transmisión de patógenos es el comportamiento del vector, desde la selección del huésped hasta su comportamiento alimenticio. Por ello, su estudio en diferentes plantas huésped puede proporcionar información útil para la contención de las enfermedades producidas por la bacteria. Con este fin, y para valorar su potencial vectorial, se ha evaluado el comportamiento alimenticio de *N. campestris* en *Bromus* sp mediante la Técnica de Gráficos de Penetración Eléctrica (EPG). Además se ha comparado el comportamiento de *N. campestris* en *Bromus* sp., olivo y viña evaluando las diferencias debidas al ritmo circadiano. En este trabajo se discutirá la posible implicación de *N. campestris* en la epidemiología de *X. fastidiosa* en España.

Área Temática: Epidemiología Póster 156

Una nueva especie de psila implicada en la dispersión secundaria de *Candidatus* liberibacter solanacearum (haplotipo E) en patata

Irene Ontiveros, Sandra Pla, Alberto Fereres, Aránzazu Moreno*

Instituto de Ciencias Agrarias, Consejo Superior de Investigaciones Científicas C/ Serrano, 115 dpdo, 28006 Madrid, España.

Candidatus Liberibacter solanacearum (Lso), bacteria fitopatógena transmitida por psilas y restringida al floema, es responsable de importantes pérdidas en solanáceas en América y Nueva Zelanda. Por el momento, en Europa Lso sólo causa pérdidas de producción en cultivos de Apiáceas, habiéndose detectado recientemente en patata en Finlandia y España. Lso es transmitida de manera circulativa propagativa por diferentes especies de psílidos (Hemiptera: Psylloidea), siendo hasta ahora su vector conocido en España *Bactericera trigonica* en cultivos de zanahoria. Sin embargo, *B. trigonica* no es capaz de colonizar patata y de transmitir eficazmente Lso a este cultivo. Por ello, para poder establecer el verdadero riesgo de transmisión de la bacteria en patata, debe determinarse si existe en España otro posible vector de la bacteria capaz de transmitirla a este cultivo.

En este trabajo se ha determinado la eficacia de transmisión de Lso (Haplotipo E) y la preferencia de asentamiento y oviposición en cultivos de zanahoria y patata por la especie *B. nigricornis*, la cual ha sido encontrada colonizando tanto cultivos de zanahoria como de patata en el centro de la Península Ibérica. Los ensayos se realizaron en invernadero en condiciones de elección y no elección. Además, se ha determinado algunos de los parámetros de ciclo de vida de *B. nigricornis* sobre patata. *B. nigricornis* no mostró preferencia por ninguno de los dos cultivos evaluados, siendo posible completar su ciclo biológico tanto en zanahoria como en patata. A pesar de que la transmisión de Lso fue mayor en plantas de zanahoria, *B. nigricornis* fue capaz de transmitir la bacteria a cultivos de patata, por lo que podría estar implicada en la dispersión secundaria de la enfermedad.

Área Temática: Epidemiología Póster 157

Evolución de la incidencia de chancros de ramas de aguacate en la costa sur de España

Isabel Arjona-Girona, Juan Manuel Arjona-López, Carlos José López-Herrera*

Departamento de Protección de Cultivos, Instituto de Agricultura Sostenible, C.S.I.C. C/Alameda del Obispo s/n, Apartado 4084, Córdoba.

Se realizaron durante 2017 prospecciones de 34 fincas sintomáticas de aguacate de la costa sur de España, para valorar la evolución de incidencia de chancros de ramas detectada como una enfermedad emergente en años anteriores. Mediante el análisis en laboratorio de ramas sintomáticas, se detectaron diferentes géneros de hongos en un total de 112 aislados fúngicos asociados a la sintomatología típica de la enfermedad y se cultivaron en PDA, para su inicial identificación macroscópica. Esta fue confirmada posteriormente mediante extracciones de su ADN y secuenciación posterior en la región ITS con primers ITS4 e ITS5 en cada aislado recuperado con morfología de colonia similar a aislados de *Botryosphaeriaceae*. Se identificaron: 80 aislados de *Neofusicoccum parvum* (67.8%), 6 de *N. australe* (5,08%), 12 de *N. luteum* (10.17%), 2 de *N. mediterraneum* (1,69%), 1 de *Colletotrichum gloesporiodes* (0,85%), 1 de *Lasidiploidia theobromae* (0,85%), 1 de *L. gilanensis* (0,85%), 3 de *Diaphorthe foenicula* (2,54%), 4 de *Bionectria ochroleuca* (3,39 %), 1 de *Epicoccum nigrum* (0,85 %) y 1 de *Botryosphaeria dothidea* (0,85%). Los niveles de incidencia del género *Neofusicoccum* se mantienen similares años anteriores, destacando incidencia incipiente de *D. foenicula* y *B. ochroleucan.* Posteriormente se realizaron las pruebas de patogenicidad de estos aislados en tallos de plantas de aguacate de seis meses de edad resultando todos patogénicos. Estos resultados denotan la continuidad de la alta incidencia del género *Neofusicoccum* como el agente causal más importante asociado a la presencia de chancros de ramas de aguacate en la costa sur de España.

Área Temática: Epidemiología Póster 158

Transmisión de 'Candidatus Phytoplasma pyri' a melocotonero por *Cacopsylla pyri*

Jordi Sabaté[1*], Miquel Artigues[1], Amparo Laviña[1], Assumpció Batlle[1]

[1]*Institut de Recerca i Tecnologia Agrolimentàries (IRTA). Dpt. de Protecció Vegetal Sostenible. Ctra de Cabrils Km 2. 08348 Barcelona*

El fitoplasma *'Candidatus* Phytoplasma pyri' fue identificado en melocotonero en distintas zonas del área frutícola de Lleida en 2012, causando síntomas de enrojecimiento, curvatura de hojas y debilitamiento general de los árboles. La secuenciación de partes de su genoma indicó que el aislado de '*Ca*. P. pyri' de melocotonero era idéntico al de los perales de la zona y diferente a los aislados Norteamericanos causantes del Pear Decline (PD) y Peach yellow leaf roll (PYLR) en Norteamérica. Anteriormente se determinó la presencia de *Cacopsylla pyri* en las parcelas de melocotonero afectadas, especialmente durante otoño cuando se detectó un mayor porcentaje de individuos portadores del fitoplasma.

El objetivo de este trabajo ha sido determinar la efectividad de *C.pyri* en la transmisión de '*Ca.* P. pyri' a melocotonero. Para ello en julio, agosto, septiembre y octubre de 2015, se recolectaron individuos de *C. pyri* en las parcelas afectadas y se colocaron en plantas de melocotonero procedentes de cultivo "in vitro". Cada mes de ensayo se utilizaron 10 melocotoneros, que se colocaban individualmente en una jaula con 30 individuos de *C. pyri*. Así mismo, se dejaron 10 melocotoneros sanos como control. Una semana después de la inoculación, los insectos se recolectaban y se analizaban para determinar si eran portadores de '*Ca*. P. pyri'. Los síntomas de la enfermedad en los árboles inoculados se siguieron periódicamente y fueron analizados al final del ensayo.

Los resultados obtenidos mostraron que un 65% de los melocotoneros expuestos a *C. pyri* (40 árboles) fueron positivos un año después y que ninguno de los melocotoneros utilizados como control negativo mostró síntomas ni fue positivo. Los árboles infectados mostraron los síntomas típicos de la enfermedad, como enrollamiento de hojas, enrojecimiento temprano y colapso del árbol en primavera.

Área Temática: Epidemiología Póster 159

Viabilidad de *Monilinia* spp. en la superficie de la fruta y en materiales inertes

Maria Bernat[1*], Carla Casals[1*], Joan Segarra[2], Juan Antonio Navas-Cortés[3], Rosario Torres[1], Neus Teixidó[1] y Josep Usall[1]

[1]IRTA, XaRTA-Postcollita, Edifici Fruitcentre, Parc Científic i Tecnològic Agroalimentari de Lleida (PCiTAL), Parc de Gardeny, 25003 Lleida. [2]Departamento de Producción Vegetal y Ciencia Forestal, Universitat de Lleida, Avda. Rovira Roure, 191, 25198, Lleida. [3]Instituto de Agricultura Sostenible (IAS), Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), Avda. Menéndez Pidal s/n, 14004, Córdoba.

En este trabajo se ha determinado la supervivencia de las conidias de *Monilinia fructicola* que se encuentran en la superficie de los frutos o en superficies inertes, en función de la temperatura de incubación (rango: 0-30 ºC) y de la humedad relativa (HR) (rango: 60-100 %). Los resultados indicaron que las conidias de *M. fructicola* sobrevivieron mejor en la superficie de la fruta que en las superficies inertes. En este sentido, la tasa de reducción de viabilidad a 20 ºC y 60 % de HR fue de 1.2 y 5.8 días-
1 en frutas y superficies inertes, respectivamente. En general, la viabilidad de las conidias en la superficie de la fruta se redujo a temperaturas de incubación altas y HR bajas. En este sentido, a 0 ºC y 100 % HR, las conidias sobrevivieron hasta 35 días, mientras que a 30 ºC y 60 % HR, solo sobrevivieron 7 días. Para el caso de las conidias dispuestas en superficies inertes, su viabilidad fue mayor solo cuando la incubación se realizó a bajas temperaturas. Cuando las temperaturas de incubación se incrementaron a 20 y 30 ºC, las conidias perdieron su viabilidad con solo 48 y 24 h, respectivamente. Estos resultados sugieren que *M. fructicola* puede permanecer viable en cámaras frigoríficas durante más de 30 días en la superficie de la fruta o durante más de 25 días en superficies inertes. En cambio, en condiciones de campo, durante el período de crecimiento fenológico, las conidias pueden permanecer viables solo durante 2-3 días en la superficie de la fruta inmadura antes de que las conidias puedan penetrar en el huésped.

Esta investigación fue financiada por el Ministerio de Economía y Competitividad (Gobierno de España) con el proyecto AGL2011-30472-C02-01, y beca de doctorado BES-2012-059949 (Maria Bernat). Los autores también agradecen al Programa CERCA (Generalitat de Catalunya).

Área Temática: Epidemiología Póster 160

Influencia de la humedad de la cobertura en la incidencia de la enfermedad de la telaraña en cultivo de champiñón

María J. Navarro*, Francisco J. Gea

Centro de Investigación, Experimentación y Servicios (CIES) del champiñón. c/ Peñicas s/n. 16220. Quintanar del Rey, Cuenca.

La telaraña es una de las patologías fúngicas más frecuentes en el cultivo de champiñón. El hongo patógeno, *Cladobotryum mycophilum*, coloniza la capa de cobertura, reduciendo la superficie de cultivo y provocando la podredumbre de los carpóforos. También ocasiona un moteado sobre los sombreros que imposibilita su comercialización.

La epidemiología de la enfermedad está influenciada por las condiciones medioambientales del cultivo, principalmente temperatura y humedad de la cobertura. El estudio de la influencia de estos parámetros en el desarrollo de la telaraña puede ayudar a establecer estrategias para su control.

Se realizaron dos ensayos, inoculados con *C. mycophilum* (10^6 conidios m^{-2}), utilizando humedades iniciales de la cobertura del 55-57% (v/v) (H1) y 65-70% (v/v) (H2). Esta diferencia de humedad entre las coberturas se mantuvo a lo largo de todo el ciclo de cultivo. Se valoró la precocidad en la aparición de la telaraña y la superficie afectada por la enfermedad. Así mismo se registró la producción diaria de champiñón en todos los tratamientos.

Los primeros focos de telaraña fueron detectados tras la cosecha de la primera florada en la cobertura menos húmeda (H1), mientras que en H2 no se detectó la enfermedad hasta una semana después. Al finalizar la segunda florada un 15-25% de la superficie H1 manifestaba la enfermedad, mientras que en H2 solo alcanzó a un 5-7% de la superficie total. Se registró un descenso de rendimiento total superior al 10% en H1; en H2 la telaraña no llegó a provocar descensos significativos de producción.

Se puede concluir que el grado de humedad de la cobertura influye en la aparición y evolución de la telaraña en el cultivo de champiñón.

Este trabajo ha sido financiado por el proyecto E-RTA2014-00004-C02-01.

Área Temática: Epidemiología Póster 161

Establishment of permanent plots for monitoring forest decline caused by canker diseases in Spanish plantations

Eugenia Iturritxa[1], Patrick Schratz[2], Jannes Münchow[2], Rosa Raposo[3,4], Margarita Elvira Recuenco[3], Alejandro Cantero[5], Nebai Mesanza[1], Ana Aragonés[1], Laura Hernandez[3], Tania Manzanos[1], Marco Peña[2], Enrique Ritter[1], Isabel Tazo [5], Daniel Saenz [5], Jan Albert[5], Alexander Brenning[2]

[1]Forestry Science, Neiker Tecnalia, Apartado 46, Vitoria Gasteiz 01080, Spain, [2] Department of Geography, Friedrich Schiller University Jena Loebdergraben 32, 07743 Jena, Germany, [3] INIA- CIFOR, Ctra. La Coruña Km 7.5, 28040 Madrid, Spain, [4]Sustainable Forest Management Research Institute, University of Valladolid-INIA, Avda. Madrid 44, 34004, Palencia, Spain, 5HAZI Granja Modelo, s/n, 01192 Arcaute, Álava

Pitch canker and Diplodia shoot blight are caused by the fungal species *Fusarium circinatum* Nirenberg and O'Donnell and *Diplodia pinea* (Desmaz.) J. Kickx [syn. *Sphaeropsis sapinea* (Fr.: Fr.) Dyko and Sutton], respectively. These diseases are the main causes of damage in nurseries and plantations of *Pinus radiata* in the northern area of Spain. Symptoms associated to Pitch canker can cause reduced seed germination, seedling blight, canopy dieback and cankers on the main stem, which in some cases may result in death of the entire tree.

Management of canker diseases is complicated and expensive. Monitoring tree health and early detection of pathogens are essential to reduce disease spread and facilitate effective management practices. New technologies offer opportunity to assess diseases with greater objectivity. Knowledge of the extension of disease is particularly important for applying rapid management decisions, especially with diseases closely related to yield loss. The use of permanent sample plots has long been recognized as a robust approach for determining detailed changes in forest epidemiology of pathogens, they provide direct insights into forest development.

Remote sensing techniques coupled with early detection of visual symptom of diseases in the forest level and pathogen identification in the laboratory and allow a high specialization of results. This innovative compilation of techniques represents unprecedented tool to render sylviculture more sustainable with the main aim of reducing the economic and environmental impact.

With this in mind, the present study updates and standardizes the application of a combination of techniques from the lab field and remote sensing methods to the study and prevention against the main diseases of a highly susceptible species *Pinus radiata.*

Área Temática: Epidemiología Póster 162

Distribution and characterization of Armillaria complex in Atlantic forest ecosystems of Spain

Nebai Mesanza [1], Cheryl L. Patten [2] and Eugenia Iturritxa [1]

[1] *Production and Plant Protection, Neiker Tecnalia, Apartado 46, Vitoria Gasteiz 01080, Spain;*
[2] *Department of Biology, University of New Brunswick, P.O. Box 4400, Fredericton, NB E3B 5A3, Canada.*

Armillaria root disease is a significant forest health concern in the Atlantic forest ecosystems in Spain. The damage occurs in conifers and hardwoods, causing especially high mortality in young trees in both native forests and plantations. In the present study, the distribution of *Armillaria* root disease in the forests and plantations of the Basque Country is reported. *Armillaria* spp. were more frequently isolated from stands with slopes of 20-30% and west orientation, acid soils with high permeability, deciduous hosts, and a rainfall average above 1800 mm. In a large scale survey, 35% of the stands presented *Armillaria* structures and showed disease symptoms. Of the isolated *Armillaria* samples, 60% were identified using molecular methods as *A. ostoyae*, 24% as *A. mellea*, 14% as *A. gallica*, 1% as *A. tabescens*, and 1% as *A. cepistipes*. In a small scale sampling, population diversity was defined by somatic compatibility tests and Universally Primed-PCR technique. Finally, the pathogenicity of *A. mellea,* the species with the broadest host range, was determined on different tree species present in the Atlantic area of Spain in order to determine their resistance levels to Armillaria disease. A significant difference in disease severity was observed among tree species ($p<0.001$), with *Pinus radiata* being the most susceptible tree species and *Cryptomeria japonica* the most resistant to *A. mellea.*

Área Temática: Epidemiología Póster 163

Effect of climatic factors on the establishment and development of pine pitch canker

Margarita Elvira-Recuenco*[1], Aránzazu Manzano[1], Valentín Pando[2,4], Laura Hernández-Escribano[1,5], Eugenia Iturritxa[3] and Rosa Raposo[1,4]

[1]Departamento de Selvicultura y Gestión de Sistemas Forestales, INIA-CIFOR, Ctra. La Coruña, Km.7.5, 28040 Madrid.[2]Departamento de Estadística e Investigación Operativa, Universidad de Valladolid, ETSIIAA, Avda. Madrid 57, 34071 Palencia.[3]NEIKER, Granja Modelo de Arkaute, Apdo 46, 01080 Vitoria-Gasteiz.[4]Instituto Universitario de Gestión Forestal Sostenible, Universidad de Valladolid-INIA, Avda. Madrid 44, 34071 Palencia.[5]Departamento de Biotecnología-Biología Vegetal, Escuela Técnica Superior de Ingeniería Agronómica, Alimentaria y de Biosistemas, 28040 Madrid, Universidad Politécnica de Madrid.

Fusarium circinatum, which causes pitch canker disease in *Pinus* species, is an exotic pathogen firstly reported in Spain in 2005, and in Europe only recorded at present in the Iberian Peninsula. To predict the impact this disease may have in new scenarios due to pathogen spread and climate change, we examined two main factors influencing infection process: temperature and duration of humidity. For that, *in vitro* and *in vivo* trials were performed with three isolates from the two mating types and different geographic origin. *In vitro* trials objective was to know variation in mycelial growth and germination rate at various temperatures (5, 10, 20, 25, 30 and 40ºC) and time intervals (up to 48 hours for germination). *In vivo* trials were done to know time to symptom appearance and disease progress. *Pinus radiata* 1-2 year-old plants were inoculated with a spore suspension in the excised main stem and exposed to temperatures ranging from 10ºC to 30ºC in combination with high relative humidity periods from 6 to 48 hours. We determined the maximum and minimum temperatures close to umbral pathogen development (5ºC and 40ºC respectively) as well as optimum temperatures, which were in the range between 20 and 25ºC depending on the isolates. Spore germination began at 5ºC, and it increased over time for all isolates at temperatures 20, 25 and 30ºC reaching the maximum value at 48 h. *In vivo* trials were analyzed by isolate, showing that lesion length was influenced by wetness duration and its interaction with temperature. Conidia or mycelium might remain in the host producing asymptomatic plants depending also on temperature and wetness duration.

Área Temática: Epidemiología Póster 164

La temperatura como factor determinante del crecimiento y supervivencia de *Xylella fastidiosa*

Miguel Román-Écija[1], Juan A. Navas-Cortés[2], Concepción Olivares-García[2], Rafael M. Jiménez-Díaz[1], Luca Testi[2], Blanca B. Landa[2]*

[1]*Departamento de Agronomía, ETSIAM, Universidad de Córdoba, Campus de Rabanales, Edif. C4, 14071 Córdoba.* [2]*Instituto de Agricultura Sostenible, CSIC, Avda. Menéndez Pidal s/n. 14004 Córdoba.*

El desarrollo de modelos de riesgo a *Xylella fastidiosa* (*Xf*) requiere conocer las condiciones climáticas que determinan su desarrollo. Su carácter mesófilo hace que esté adaptada a climas con inviernos suaves. Sólo se dispone de información en cepas de *Xf* subsp. *fastidiosa* en viñedos de California. Por ello es necesario generar información que contemple la diversidad de sus genotipos para estimar modelos regionalizados y adaptados a subespecies presentes en España. Por otro lado, al estar *Xf* confinada al xilema debemos conocer en qué medida la temperatura del xilema se relaciona con el ambiente externo. Los objetivos son: (i) determinar el efecto de la temperatura en el crecimiento y supervivencia de aislados de *Xf* de diferentes subespecies y origen geográfico; (ii) determinar la temperatura en el xilema (T_{xil}) de plantas de olivo y almendro en ambiente natural.

Se ha evaluado el crecimiento, formación de biopelículas y viabilidad de aislados de *Xf* en 4 subespecies (*fastidiosa, multiplex, pauca y sandyi*) y distinto origen geográfico en microplacas con medios específicos, e incubadas entre 6 y 32ºC a intervalos de 4ºC. El crecimiento se determinó diariamente por la densidad óptica a 600 nm y la viabilidad por siembra en medios específicos. Se modelizó su crecimiento en función de la temperatura, estimándose sus valores cardinales y óptimo. Existió una interacción entre los rangos óptimos de temperatura y la subespecie y en menor medida entre aislados de una misma subespecie o mismo origen.

Se han dispuesto sondas de temperatura en árboles de olivo y almendro en Córdoba para medir la T_{xil} a varias profundidades en tronco y ramas principales, y en suelo y aire. Los resultados indican que: 1) T_{xil} de ramas (Æ <3 cm) está muy acoplada a la temperatura aérea; 2) T_{xil} mínima en tronco y ramas es muy similar a la mínima aérea y 3) la orientación (N-S) presenta las T_{xil} máximas en tronco, incluido en profundidad. Financiación: Proyectos 727987 XF-ACTORS H2020-UE y AGL2016-75606-R MEIC y FEDER-EU

Área Temática: Epidemiología Póster 165

Distribución y dinámica poblacional de vectores potenciales de *Xylella fastidiosa* en cultivos de vid, olivo y almendro en Cataluña. Análisis de insectos "espía"

Jordi Sabaté*, Amparo Laviña, Jonatan Ortega, Assumpció Batlle

Institut de Recerca i Tecnologia Agrolimentàries (IRTA). Programa de Protecció Vegetal Sostenible. Ctra de Cabrils Km 2. 08348 Barcelona

Xylella fastidiosa es una bacteria fitopatógena que obtura los vasos del xilema causando graves daños. Se transmite por multiplicación vegetativa y mediante insectos chupadores del xilema principalmente de las familias *Aphrophoridae (Philaenus spumarius* en Europa), *Cicadellidae* (Subfamilia *Cicadellinae* en América) (EFSA, 2015). Puede presentar epidemias graves afectando a cultivos de gran importancia como vid, almendro, cítricos y olivo. Se han identificado más de 300 especies vegetales como huéspedes.

Dada la gran superficie con cultivos susceptibles, la presencia de diferentes subespecies del patógeno en Baleares y Alicante y el peligro de diseminación a otras zonas con poblaciones de vectores potenciales, se ha estudiado el ciclo vital, la dinámica y los huéspedes de los vectores potenciales en Cataluña. Así mismo se han analizado mediante Q-PCR (EPPO 2016) para determinar si había individuos espía portadores que pudieran indicar la presencia de la bacteria. El estudio se ha llevado a cabo en aproximadamente 100 puntos de Cataluña durante 2017, en zonas con especial densidad de cultivos susceptibles y con riesgo climático de implantación de la bacteria elevado. Los insectos fueron capturados por aspiración sobre herbáceas y por golpeo en leñosas, resultando todos los individuos capturados negativos a *X. fastidiosa.*

Se han identificado distintos vectores potenciales como: *Aphrophora* spp., *Cercopis* spp., *Neophilaenus campestris., N. lineatus Lepyronia coleoptrata y* la más común *Philaenus spumarius*. Los primeros individuos de *P. spumarius* se capturaron a últimos de abril en la costa, siendo la máxima población en herbáceas en junio y desplazándose a las leñosas cuando las hierbas se agostan. Las poblaciones de *P. spumarius* en herbáceas se volvieron a incrementar en septiembre y octubre hasta su desaparición a mediados de noviembre.

Estudio financiado por el Departamento de Agricultura, Ganadería, Pesca y Alimentación de la Generalitat de Catalunya

Área Temática: Epidemiología Póster 166

Avances en la epidemiología de la fitoplasmosis de la Sabana de Bogotá, Cundinamarca, Colombia

Liliana Franco-Lara *

Facultad de Ciencias Básicas y Aplicadas, Universidad Militar Nueva Granada, Km 2 via Cajicá - Zipaquirá, Cundinamarca, Colombia

Los fitoplasmas son bacterias Mollicutes patógenas de plantas, sin pared celular, habitantes del floema y transmitidos por insectos vectores, como Cicadellidae y Psyllidae. Desde 2000, la epidemiología de la fitoplasmosis del patosistema de la Sabana de Bogotá ha sido estudiada por sintomatología, técnicas moleculares y microscopía electrónica. Los resultados muestran que fitoplasmas de los grupos 16SrI-B y 16SrVII-A son dominantes en al menos nueve especies de árboles urbanos sintomáticos de Bogotá, en los cuales la prevalencia de la enfermedad varía del 40 al 100%. Los grupos 16SrI-B y 16SrVII-A también se asocian a síntomas en cultivos de *Fragaria* X *ananassa* y *Solanum tuberosum* de la zona. Además, el grupo 16SrVII-A infecta por lo menos 10 especies de arvenses colectadas en Bogotá. *Cenchrus clandestinus* es el pasto más común de las zonas urbanas y rurales de la Sabana y a pesar de ser asintomático es portador de 16SrI-B y 16SrVII-A. *C. clandestinus* es hospedero de al menos 14 especies de Cicadellidae y 4 de Psyllidae. Dos especies de Cicadellidae son vectores de 16SrI y 16SrVII y otras dos son posibles transmisores. El papel de los Psyllidae está en estudio. Estudios de la entomofauna de los árboles muestran la presencia de Cicadellidae y Psyllidae portadores de fitoplasmas pero no se ha evaluado su capacidad vectora. En conclusión, hay al menos 17 familias botánicas hospederas de fitoplasmas de los grupos 16SrI-B y 16SrVII-A, dos especies de insectos vectores conocidos y seis potenciales vectores. Los grupos 16SrV, 16SrIX y 16SrXII también infectan esporádicamente plantas e insectos. La complejidad de este patosistema muestra la dificultad para proponer estrategias de manejo para la fitoplasmosis en la Sabana de Bogotá. IMP CIAS 2295.

Área Temática: Epidemiología Póster 167

Detección de fitoplasmas en *Cenchrus clandestinus* Hochst. ex Chiov. y en insectos de las familias Cicadellidae y Pysilldae asociados a este, en Bogotá-Colombia

Aura Cristina Campo-Garnica, Paula Daniela Díaz-Díaz, Liliana Franco - Lara*

Facultad de Ciencias Básicas y Aplicadas, Universidad Militar Nueva Granada, Km 2 vía Cajicá-Zipaquirá, Cundinamarca, Colombia

Los fitoplasmas son bacterias Mollicutes, carentes de pared celular, que habitan el floema de las plantas y la hemolinfa de insectos vectores, causando enfermedades en plantas de todo el mundo. En Bogotá, fitoplasmas de los grupos 16SrI-B y 16SrVII-A se asocian a enfermedades en por lo menos nueve especies arbóreas. El pasto *Cenchrus clandestinus* es una especie introducida con gran potencial invasor, presente en las zonas donde crecen árboles urbanos con síntomas de fitoplasmas. Insectos vectores de fitoplasmas de la familia Cicadellidae son habitantes de *C. clandestinus*. El objetivo de este trabajo fue estudiar la presencia de fitoplasmas en *C. clandestinus* y en insectos de las familias Cicadellidae y Pysilldae asociados a este. Se muestrearon pastizales ubicados alrededor de árboles sintomáticos de *Fraxinus uhdei, Pittosporum undulatum, Magnolia grandiflora y Quercus humboldtii* del Jardín Botánico de Bogotá (JBB) y Parque el Virrey (PV). Se realizaron dos muestreos de pasto y sus insectos asociados en un radio de 5 m alrededor de cuatro ejemplares de cada especie de árbol, en cada sitio de estudio. Los fitoplasmas se detectaron mediante PCR anidada del gen 16SrRNA, seguido por análisis de RFLP o secuenciación, tanto en las muestras de pasto como en insectos de grupos en los cuales se han reportado vectores. De las 48 muestras evaluadas de *C. clandestinus*, 32 fueron positivas para los grupos 16SrI-B y/o 16SrVII-A. Se realizó un inventario de los insectos y se identificaron hasta la mínima resolución taxonómica posible. En total, se colectaron en el JBB n= 267 y en el PV n= 554. Se analizaron 136 individuos de los géneros *Dalbulus, Agallini, Idiocerinae, Amplicephalus, Exitianus, Xestocefalus* de los cuales 12 fueron positivos para fitoplasmas. IMP CIAS 2295.

Área Temática: Epidemiología Póster 168

Eficiencia de *Cacopsylla picta* en la transmisión de '*Candidatus* Phytoplasma mali' en Asturias

Aitor Somoano[1*], Jordi Sabaté[2], Enrique Dapena[1], Assumpció Batlle[2]

[1]*SERIDA, Programa de Fruticultura, Carretera de Oviedo s/n, 33300 Villaviciosa, Asturias.* [2]*IRTA- Cabrils. Patología. Protección Vegetal Sostenible. Ctra. de Cabrils, Km 2, E- 08348 Cabrils, Barcelona*

Las plantaciones de manzano de Asturias están habitadas por una abundante y rica comunidad de psílidos, incluyendo los principales vectores en Europa del patógeno '*Candidatus* Phytoplasma mali', causante de la enfermedad de la proliferación del manzano. En concreto, la especie *Cacopsylla picta* (syn. *C. costalis*) es la más abundante en las pomaradas de esta región y probablemente juegue un papel importante en la propagación de '*Ca*. Phytoplasma Mali'. No obstante, se desconoce la capacidad de este insecto para transmitir el fitoplasma en las diferentes etapas de su ciclo vital en esta zona geográfica. Por ello se planteó determinar la eficiencia de dicha transmisión en individuos no invernantes de *C. picta* tras su posible alimentación en árboles infectados. Para ello se capturaron 196 juveniles vivos durante los meses de junio y julio de 2016 en parcelas afectadas por la enfermedad. Posteriormente se colocaron individualmente en tubos eppendorf con 200 µl de medio nutritivo para insectos. Transcurridos 72 h se analizó mediante qPCR tanto el insecto como el medio. Los resultados obtenidos mostraron que los individuos de *C. picta* capturados eran portadores del fitoplasma en un elevado porcentaje (machos: 60,2%, con una variación según la fecha de muestreo de 43-88%, hembras: 61,1% con una variación del 30-100%). En general, las hembras fueron un 3,9% más eficientes que los machos en la transmisión del fitoplasma. En la primera fecha de muestreo se obtuvo el menor porcentaje de transmisión, probablemente debido a que los individuos aún no habían pasado el periodo de latencia. A partir de esta fecha el porcentaje de transmisión aumentó, siendo más alto para las hembras en junio y para los machos en julio.

Trabajo financiado por INIA y FEDER (proyecto RTA2013-00097-00-00).

Área Temática: Epidemiología Póster 169

Evaluación del riesgo de transmisión de *Candidatus Liberibacter solanacearum* a cítricos

María Quintana-González de Chaves[1], Gabriela R. Teresani[2], Estrella Hernández-Suárez[1], Aranzazu Moreno[3], Edson Bertolini[2], Alberto Fereres[3], Mariano Cambra[2], Felipe Siverio[1*].

[1]Instituto Canario de Investigaciones Agrarias (ICIA). Departamento de Protección Vegetal. Ctra. El Boquerón, s/n. 38720 La Laguna, Tenerife.[2]Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias (IVIA). Ctra. Moncada-Náquera, Km 4,5. 46113 Moncada, Valencia.[3]Instituto de Ciencias Agrarias, Consejo Superior de Investigaciones Científicas (ICA-CSIC). Calle Serrano 115 dpdo, 28006 Madrid.

El Huanglongbing (HLB) de los cítricos producido por las bacterias: *Candidatus* Liberibacter africanus, *Ca.* L. americanus y *Ca.* L. asiaticus puede ser potencialmente transmitido por la psila africana de los cítricos, *Trioza erytreae* (TE), presente en las Islas Canarias desde 2002 y en la Península Ibérica (Galicia y Portugal) desde 2014. Hasta el momento, las bacterias que producen el HLB no han sido citadas en Canarias ni en la Península. TE se alimenta del floema de las rutáceas que parasita, aunque ocasionalmente se detecta en otras especies de plantas próximas a cultivos de cítricos, como apiáceas. *Ca.* L. solanacearum (CaLso) es patógena de zanahoria y otras apiáceas, en las que ocasiona una enfermedad que cursa con diversos desórdenes vegetativos de importancia. La psila de la zanahoria, *Bactericera trigonica*, es vector de esta bacteria y ha sido citada en cultivos de zanahoria y apio de diferentes zonas productoras de España. La presencia ocasional de TE en otros cultivos plantea la posibilidad de que CaLso pueda ser transmitida fortuitamente desde cultivos de apiáceas a cítricos. En este trabajo se evaluó dicha posibilidad y se estudió la adquisición de la bacteria por TE desde zanahoria y la transmisión desde este psílido a cítricos. Además, se estudió el comportamiento alimenticio de TE en cítricos y zanahorias mediante la técnica de gráficos de penetración eléctrica (EPG) y la transmisión desde zanahoria a cítricos mediante cuscuta. El 8, 20 y 46% de los adultos de TE fueron positivos a esta bacteria después de 24, 48 y 72 h de exposición a plantas de zanahoria infectadas, respectivamente, y la cuscuta movilizó la bacteria hasta las plantas de cítricos. Sin embargo, la transmisión efectiva a plantas sanas no se consiguió por ninguno de los procedimientos utilizados, ya que no se multiplicó en las mismas y fue indetectable tras varios meses de cultivo en cualquiera de los procedimientos utilizados. Por tanto, se concluye que CaLso no supone un riesgo de transmisión a cítricos.

Área Temática: Epidemiología Póster 170

Estudio de la sintomatología de Zebra Chip de la patata en tubérculo y en la parte aérea

M. Carmen Asensio-S.-Manzanera*, Yolanda Santiago, Rubén Vacas, Diego Flores, David Ruano- Rosa

Instituto Tecnológico Agrario de Castilla y León. Área de Investigación Agrícola. Ctra. de Burgos km 118, 47071 Valladolid

Zebra chip es una enfermedad de la patata causada por la bacteria '*Candidatus* Liberibacter solancearum' (CaLso). Los síntomas de esta enfermedad en la parte aérea se corresponden con retrasos en el crecimiento, entrenudos cortos, nudos hinchados, amarilleos y afilamiento de las hojas, bordes de color rojizo y chamuscado, proliferación de yemas axilares y formación de tubérculos aéreos. Los tubérculos de las plantas afectadas son de menor tamaño, y al cortarse muestran manchas pardas o claras en su interior distribuidas de manera característica. Durante los años 2016 y 2017, se llevaron a cabo ensayos en la Finca Zamadueñas (ITACyL, Valladolid), con tubérculos asintomáticos de lotes de patata que habían resultado positivos a CaLso (haplotipo E). Se sembraron parcelas de 200 tubérculos de diferentes variedades, 20 en 2016 y 30 en 2017. A lo largo del cultivo se realizó un seguimiento de los síntomas en campo y se analizaron las plantas sintomáticas (menos del 2% de las plantas) mediante RT-PCR para la detección de la bacteria. Se localizaron tan solo 2 plantas positivas a CaLso en 2016, y 5 en 2017. Los tubérculos recogidos de estas plantas tenían escaso desarrollo y resultaron en su mayoría positivos. De cada parcela se recogió una muestra de
200 tubérculos que se evaluó en el laboratorio. Se detectaron tubérculos con síntomas de la enfermedad en un 75% de las parcelas en 2016 y en un 50% en 2017, pero con muy pocos tubérculos positivos a CaLso (1,6% y 0,7% respectivamente). Se concluye que el desarrollo de síntomas en la parte aérea y en los tubérculos de lotes infectados es muy bajo, y que estos quedan enmascarados por síntomas similares debidos a otras enfermedades; el escaso desarrollo de los tubérculos de las plantas afectadas no permite el desarrollo de la enfermedad por esta forma de transmisión.

Este trabajo ha sido realizado dentro del proyecto INIA E-RTA2014-00008-C4, financiado con Fondos FEDER

Área Temática: Epidemiología Póster 171

Prospecciones de *Candidatus* Liberibacter solancearum en patata y sus posibles vectores en España

M. Carmen Asensio-S.-Manzanera[1]*; Yolanda Santiago[1], Rubén Vacas[1], Diego Flores[1], David Ruano- Rosa[1], Eva María García-Méndez[2], Ilenia Martín-Alonso[3], Saskia Bastin[3], Estrella Hernández-Suárez[3], Felipe Siverio[3]

[1]Instituto Tecnológico Agrario de Castilla y León (ITACyL). Área de Investigación Agrícola. Ctra. de Burgos, km 118. 47071 Valladolid.[2]Centro de Investigación y Formación Agrarias. (CIFA). C/ Héroes 2 de mayo, 27. 39600 Muriedas, Cantabria.[3]Instituto Canario de Investigaciones Agrarias (ICIA). Departamento de Protección Vegetal. Ctra. El Boquerón, s/n. 38720 La Laguna, Tenerife.

Zebra chip es una enfermedad de la patata causada por la bacteria '*Candidatus* Liberibacter solancearum' (CaLso) que vive y se multiplica en el floema de diversas plantas hospedadoras como patata, tomate, zanahoria y apio, y en las especies de psílidos que actúan como sus vectores: *Bactericera cockerelli* en patata y tomate, *Trioza apicalis* en zanahoria y *Bactericera trigonica* en zanahoria y apio. Aunque *B. trigonica* y *T. apicalis* se encuentran en Europa, estas especies no se alimentan ni se desarrollan en patata y, por tanto, no pueden transmitir la bacteria de manera efectiva. Se han realizado prospecciones en distintas CCAA para determinar la presencia de esta bacteria en cultivos de patata en España, y se han realizado capturas de insectos en las mismas parcelas para detectar vectores asociados que pudieran trasmitir la enfermedad. Durante los años 2016 y 2017 se han visitado 26 parcelas en Castilla y León, cinco en Cantabria, y 45 en Tenerife. De las parcelas visitadas, sólo se detectó CaLso (haplotipo E) en dos parcelas de Castilla y León; una en Lomoviejo (Valladolid) en planta asintomática, y seis en Remondo (Segovia) en plantas con síntomas. Se han capturado psílidos en 23 de las 31 parcelas prospectadas en la Península Ibérica y en ninguna de las parcelas prospectadas en Tenerife. La gran mayoría de los psílidos capturados son de la especie *B. nigricornis* y aproximadamente un 5% de los individuos analizados resultaron positivos a la bacteria (haplotipo E). Por tanto, se concluye que la prevalencia de esta enfermedad en España es mínima, y que *B. nigricornis* podría ser su vector potencial con una baja tasa de infección en sus poblaciones y una muy escasa presencia en el cultivo. No se ha detectado *B. cockerelli* ni CaLso (haplotipos A y B), categorizados por la EPPO en la lista A1 (organismos nocivos de cuarentena no presentes en los estados miembros). Este trabajo ha sido realizado dentro del proyecto INIA E-RTA2014-00008-C4, financiado con Fondos FEDER.

Área Temática: Epidemiología Póster 172

An update on the genetic population structure of the invasive ash dieback pathogen *Hymenoscyphus fraxineus*

Ana Pérez-Sierra[1], Vahideh Rafiei[2], Concepción Olivares[3], Helen Rees[1], Sietse Van Der Linde[1], Nenad Keča[4], Katharina Schwanda[5], Venche Talgø[6], Blanca B. Landa[3*]

[1]Forest Research, Alice Holt Lodge, Farnham, Surrey GU10 4LH, UK.[2]Department of Plant Protection, College of Agriculture, Shiraz University, Shiraz, Iran.[3]Instituto de Agricultura Sostenible, CSIC, Avda. Menéndez Pidal s/n. 14004 Córdoba.[4]Faculty of Forestry, University of Belgrade, Kneza Višeslava 1, 11030 Belgrade, Serbia.[5]Federal Research and Training Centre for Forests, Natural Hazards and Landscape, Seckendorff- Gudent-Weg 8, Vienna 1131, Austria.[6]Norwegian Institute of Bioeconomy Research, NIBIO, Pb 115, NO-1431 Ås, Norway.

Understanding the genetic diversity and structure of invasive pathogens in their source of origin or in areas where they have been recently introduced is crucial to reconstruct the course of invasions and to establish effective control measures. *Hymenoscyphus fraxineus* (*Hf*) jumped from Asian ash species (*Fraxinus* spp.) where it is a leaf pathogen with little impact to European ash (*F. excelsior*) and narrow- leafed ash (*F. angustifolia*) in Europe on which is causing severe disease symptoms and often mortality. Previous studies showed that the European *Hf* population was originated by two divergent haploid individuals. Subsequent introductions from this source would greatly increase the adaptive potential of this pathogen and represents a potential threat to European ash. Therefore, a need to analyse the *Hf* genetic population structure in new areas was identified as the main objective of this study.

In this study 11 microsatellite markers (MM) were used to characterize the genetic structure and diversity of 111 new isolates obtained from nine locations (five of them with no previous MM information in Serbia and the UK) and compare them with a published dataset of 1377 isolates from a total of 11 European countries, Russia and Japan. After combining the two data sets, 270 alleles were observed from 1488 isolates resulting in 778 Multilocus genotypes (MLGs) which were collapsed, based on Bruvo's genetic distance matrix, into 591contracted MLGs that were used to draw minimum spanning networks (MSN). MSN, STRUCTURE and PCA analyses validated previous findings that indicated that European and Japanese populations are partially intermingling although consistently associated to separate clusters. Results did not reveal any evident population structure of European strains, including the *Hf* isolates sampled from new locations, pointing to a single introduction in Europe by few individuals and a recent genetic bottleneck.

Funded by the EU's Horizon 2020 Project No 635646 POnTE.

Área Temática: Interacción Planta-Patógeno Póster 173

Proteómica de *Monilinia laxa* en aislados con diferente agresividad en fruta de hueso

Silvia Rodriguez-Pires[1], Paloma Melgarejo[1], Eduardo Espeso[2], Antonieta De Cal[1*]

[1]Grupo de Hongos Fitopatógenos, Departamento de Protección Vegetal, Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria (INIA), Carretera de La Coruña km 7, 28040 Madrid, España.[2]Laboratorio de Genética Molecular de Aspergillus, Departamento de Biología Celular y Molecular, Centro de Investigaciones Biológicas (C.S.I.C.), Ramiro de Maeztu 9, 28040 Madrid, España.

La podredumbre parda de la fruta de hueso causada por el género *Monilinia* spp. produce importantes pérdidas tanto en precosecha como en postcosecha. Dentro de los mecanismos de patogénesis de *Monilinia laxa* se encuentra la capacidad de producción de enzimas degradativas. La proteómica es una herramienta aplicada en diferentes patosistemas para la identificación de factores de virulencia y mecanismos de patogénesis. El objetivo de este trabajo es analizar el proteoma en etapas tempranas y tardías del crecimiento del patógeno.

Se seleccionaron tres aislados de *M. laxa* (5L, 8L y 33L) con diferente grado de agresividad sobre fruta de hueso. Los aislados se inocularon a una concentración de 10^6 conidias/ml en medio de cultivo con 1% de liofilizado de melocotón y crecieron en agitación a 22°C durante 3 y 7 días. Al finalizar el ensayo se precipitaron las proteínas presentes en el micelio y en el medio de cultivo, analizándose los extractos proteicos mediante nLC-MS/MS, tomando como referencia el genoma del aislado 8L de *M.laxa*. Se ha realizado la anotación funcional de todas las proteínas identificadas en el micelio y medio de cultivo (Blast2GO v5.0). No se encuentra ninguna diferencia entre el contenido proteico extracelular y miceliar de los aislados más virulentos a los 7 días de incubación. Sin embargo, el aislado menos agresivo si presenta diferencias entre el componente proteico extracelular y miceliar, encontrando mayoritariamente en el componente extracelular proteínas potencialmente secretadas, relacionadas con diferentes mecanismos de degradación. Se discuten las diferencias proteicas entre aislados y tiempos de incubación.

Área Temática: Interacción Planta-Patógeno Póster 174

Inducción de genes de *Monilinia laxa* relacionados con la hidrolisis de pectina

Silvia Rodriguez-Pires[1], Eduardo Espeso[2], Nuria Baró[3], Nuria Vall-llaura[3], Rosario Torres[3], Josep Usall[3], Antonieta De Cal[1]

[1]Grupo de Hongos Fitopatógenos, Departamento de Protección Vegetal, Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria (INIA), Carretera de La Coruña km 7, 28040 Madrid, España.[2]Laboratorio de Genética Molecular de Aspergillus, Departamento de Biología Celular y Molecular, Centro de Investigaciones Biológicas (C.S.I.C.), Ramiro de Maeztu 9, 28040 Madrid, España.[3]IRTA, Postcollita-XaRTA. Parc Científic i Tecnològic Agroalimentari de Lleida. Parc de Gardeny, edifici Fruitcentre, 25003 Lleida, España.

Monilinia laxa es un hongo necrótrofo agente causal de la podredumbre parda en fruta de hueso junto con *M. fructicola* y *M. frutigena*. El proceso de penetración e infección se caracteriza, entre otros mecanismos, por la producción de enzimas de degradación de la pared vegetal. La pectina es uno de los componentes principales la pared celular de los frutos, que determina la cohesión y porosidad de la pared. La pectina es un polímero complejo que varía en cantidad y composición en diferentes especies vegetales, presentando tres unidades estructurales (homogalacturonanos, ramnogalacturonanos I y II). En este trabajo se estudia la inducción de genes de *M. laxa* relacionados con la hidrolisis de pectina.

La disponibilidad del genoma del aislado *M.laxa* 8L (CECT 21100) hizo posible la identificación de las familias relacionadas con la degradación de pectina. Seleccionando 17 genes pertenecientes a las familias poligalacturonasas, pectin liasas, pectato liasas y ramnogalacturonan acetil esterasas. El aislado 8L se inoculo en agitación a 22°C con 10^5 conidias/ml e incubo en tres etapas, la primera en medio mínimo con glucosa durante 24 horas, una segunda en medio mínimo sin fuente de carbono durante 4 horas y por último en medio mínimo con glucosa o pectina a pH 4.5 a distintos tiempos (30 minutos, 2, 6, 24 y 48 horas). Se extrajo ARN (TRI Reagent, Sigma) a partir del micelio de todos los tiempos y ambas fuentes de carbono, se trató con DNAsa I (Invitrogen) y realizó la síntesis de cDNA (SuperScript, Invitrogen). Posteriormente se analizó la expresión de cada gen mediante qPCR con cebadores específicos. Obteniendo perfiles de expresión génica para los 17 genes en respuesta a la presencia de pectina.

Área Temática: Interacción Planta-Patógeno Póster 175

Transformación de *Monilinia fructicola* con gfp para su seguimiento en los procesos tempranos de infección

Silvia Rodriguez-Pires, Paloma Melgarejo, Antonieta De Cal*

Grupo de Hongos Fitopatógenos, Departamento de Protección Vegetal, Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria (INIA), Carretera de La Coruña km 7, 28040 Madrid, España.

Monilinia fructicola es un patógeno necrótrofo de frutales de hueso, detectado por primera vez en 2006 en huertos de melocotonero del Valle del Ebro. A partir de 2006 *M. fructicola* desplaza en parte a la especie *M. laxa,* coexistiendo ambas con la misma frecuencia, y prácticamente eliminando a la especie *M. fructigena* como patógena de fruta de hueso.

M. fructicola penetra a través de aperturas naturales y heridas, desarrollándose en el interior de la fruta y estableciendo los síntomas de la enfermedad. Para poder visualizar los movimientos del patógeno en el interior del fruto en los distintos procesos de infección, se obtienen aislados de *M. fructicola* capaces de expresar proteínas fluorescentes.

La transformación genética del aislado 38C de *M. fructicola* se realizó mediada por *Agrobaterium tumefaciens* LBA44004 (plásmido pPK2-hphgfp-cedido por J. Martinez Departamento de Microbiología de la Universidad de Málaga), portador del gen de la proteína verde fluorescente (gfp). Se obtuvieron dos fenotipos transformados diferentes. Uno de ellos con la misma morfología que el wild-type, mientras que el segundo fenotipo suponía el colapso de la colonia trasformada tras un reducido crecimiento. Se analizó mediante PCR la presencia del fragmento transformado en el ADN genómico del aislado trasformado (38C-gfp), confirmando la presencia del gen de resistencia a higromicina *hph* y el gen *gfp*. La expresión del gen *gfp* se ha podido observar mediante microscopia de fluorescencia y confocal. Confirmando la capacidad infectiva del transformante sobre ciruela y otros huéspedes.

Área Temática: Interacción Planta-Patógeno Póster 176

Eficacia infectiva y reproductora de *Meloidogyne incognita* y *M. javanica* en especies del género *Cucurbita,* híbridos y patrones de cucurbitáceas

Soledad Verdejo Lucas, Marta Fernández-Plaza, Miguel Talavera*

Instituto de Investigación y Formación Agraria y Pesquera (IFAPA)

Las cucurbitáceas se han descrito como susceptibles a *Meloidogyne*, aunque el grado de susceptibilidad en las interacciones planta-nematodo depende del genotipo y la especie del nematodo. Con el objetivo de determinar el grado de resistencia-susceptibilidad de diversos cultivares de *Cucurbita* spp*, Luffa* spp.*, Lagenaria siceraria* y patrones híbridos de *C. máxima* x *C. moschata* frente a *M. incognita* y *M. javanica*, se realizaron una serie de ensayos en cámara de cultivo. Las plantas se inocularon con 250 juveniles del nematodo y se prepararon 5-6 repeticiones de cada combinación planta-nematodo. La eficacia infectiva (porcentaje del inóculo de nematodos que forma agallas) y reproductora (porcentaje de agallas con masas de huevos) del nematodo se determinó 45 días después de la inoculación. Los genotipos de *Cucurbita pepo pepo* tipo zucchini*, Cucurbita pepo ovifera y Cucurbita maxima* mostraron un comportamiento diferencial como hospedadores de *M. incognita* y *M. javanica,* siendo peores hospedadores de *M. incognita* que de *M. javanica.* La eficacia reproductora de *M. incognita* era menor en el calabacín que en *C. moschata* y en los híbridos de *C. maxima* × *C. moschata.* Los híbridos d e *C. maxima* × *C. moschata* mostraron una alta eficacia reproductora tanto de *M. incognita* como *M. javanica. Lagenaria siceraria* y las especies de *Luffa* se comportaron como hospedadores pobres de *M. javanica* con bajas eficacias infectivas y reproductoras de este nematodo sobre ellas. Por tanto, la magnitud de la variabilidad de la respuesta de las cucúrbitas al nematodo brinda una oportunidad para seleccionar aquellas que más contribuyan a la regulación de las poblaciones del patógeno dependiendo de la especie infestante de los suelos.

Financiación: INIA RTA2014-00078-00-00; IFAPA PP.TRA. TRA201600.9 y Fondos FEDER Unión Europea.

Área Temática: Interacción Planta-Patógeno Póster 177

Caracterización y evaluación de fenotipos mutantes de *Pseudomonas fluorescens* PICF7 y su implicación en endofitismo, supervivencia en la rizosfera y control biológico de la Verticilosis del olivo

Nuria Montes Osuna*, Carmen Gómez-Lama Cabanás, Antonio Valverde-Corredor, Jesús Mercado-Blanco

Departamento de Protección de Cultivos, Instituto de Agricultura Sostenible (CSIC), Avenida Menéndez Pidal s/n, Campus "Alameda del Obispo", 14004 Córdoba.

La Verticilosis del olivo es una enfermedad de difícil manejo, especialmente si su gestión sólo se efectúa mediante la aplicación de medidas de control individuales. Una estrategia integral, incluyendo herramientas de control biológico, se presenta por tanto como la mejor y más eficaz opción de lucha. *Pseudomonas fluorescens* PICF7 es una bacteria colonizadora endófita natural de la rizosfera del olivo y un eficaz agente de biocontrol frente a *Verticillium dahliae*. Se desconocen aún muchos de los mecanismos genéticos implicados en estos procesos. Este trabajo plantea como principales objetivos la identificación y caracterización de genes implicados en persistencia en rizosfera/suelo (resistencia a cobre, actividad 1-aminociclopropano-1-carboxilato [ACC] desaminasa), colonización de raíces (formación de biopelículas) y promoción del crecimiento vegetal (actividad fitasa). Análisis *in silico* previos detectaron la presencia potencial de un gen codificador de ACC desaminasa. Sin embargo, dicha actividad no ha sido demostrada en nuestro estudio. El genoma de PICF7 no contiene por tanto dicho gen, pero sí dos muy relacionados (una D-cisteína desulfhidrasa y una desaminasa no identificada). El escrutinio de >5.500 inserciones del transposón *Tn5* permitió generar una colección de 60 mutantes (transposantes) con fenotipo defectivo o alterado en alguna de las actividades antes mencionadas. Se ha localizado la inserción del *Tn5* en 42 de ellos mediante "nested-PCR" arbitraria y secuenciación del ADN adyacente al lugar de inserción, identificándose los genes afectados. La implicación en colonización y biocontrol de estos se verificará en ensayos en planta. Proyecto P12- AGR667 (Junta de Andalucía), cofinanciado por FEDER de la UE.

Área Temática: Interacción Planta-Patógeno Póster 178

PO212 induced resistance in pepper: new insights on phenolic defense responses

Marta Lois[1], Nuria Fernández[1], Javier Veloso[1], Tania García[1], Victoria Pastor[2], Víctor Flors[2], Inmaculada Larena[3], José Díaz[1*]

[1] Grupo de Investigación de Fisioloxía e Aplicacións das Plantas (FISAPLANT), Departamento de Bioloxía, Facultade de Ciencias, Universidade da Coruña, Campus de A Zapateira, 15071 A Coruña, Spain. [2]Metabolic Integration and Cell Signaling Group, Plant Physiology Section, Department of CAMN, Universitat Jaume I, Avd Vicente Sos Baynat, Castellón E-12071, Spain. [3] INIA, Ctra. de A Coruña, km 7.5, 28040 Madrid, Spain.

Verticillium dahliae is a fungal pathogen that causes Verticillium wilt in pepper. Previously, we demonstrated that *Penicillium rubens* strain 212 (PO212) protects pepper from Verticillium wilt, at least in part by induced resistance. Pepper plants treated with PO212 showed less Verticillium disease symptoms as wilted leaves and dwarfism. The aim of the present study was to get a deeper insight in the physiological changes related to plant defense induced by PO212 in pepper, particularly those based on phenolic metabolism. We analysed the levels of structural phenolics (lignin content), potential phenolic antimicrobial compounds (total soluble phenolics and ferulic acid), and signalling phenolics (salicylic acid). Moreover, we have measured the activities of several enzymes related to phenolic metabolism (shikimate dehydrogenase, phenylalanine ammonia lyase, cinnamyl alcohol dehydrogenase and peroxidase) as well as the expression of several genes encoding some of these enzymes. Finally, because hydrogen peroxide is a molecule related to both lignification and signaling, we have studied the evolution of its levels after inoculation. The overall picture gained with the data obtained seems really complex, but points to an important role of phenolic balance in the resistance induced by PO212 in pepper.

Research supported by grants RTA2013-00060-C05-01 and RTA2013-00060-C05-02 from Ministerio de Economía y Competitividad-INIA co-financed with FEDER funds from the European Union.

Área Temática: Interacción Planta-Patógeno Póster 179

Análisis mutacional de la circularización del viroide latente de la berenjena por la tRNA ligasa de berenjena en *Escherichia coli*

Teresa Cordero, Beltrán Ortolá y José-Antonio Darós*

IBMCP (CSIC-Universitat Politècnica de València), 46022 Valencia

El viroide latente de la berenjena (ELVd) es un miembro de la familia *Avsunviroidae*, que incluye especies que se replican en los cloroplastos de las plantas infectadas. Aunque el ELVd solo induce infecciones asintomáticas en berenjena, ha sido propuesto como un excelente sistema experimental para investigar la biología molecular de esta clase de viroides. Durante su replicación a través de un mecanismo de círculo rodante, los RNAs oligoméricos del viroide se procesan mediante sus ribozimas de cabeza de martillo y los monómeros lineales resultantes son circularizados por la isoforma cloroplástica de la tRNA ligasa de la planta huésped. Para analizar cómo la tRNA ligasa de berenjena reconoce y circulariza los RNAs del ELVd, hemos desarrollado un sistema experimental en el que ambas moléculas se coexpresan en *Escherichia coli*. A pesar de que esta bacteria no es huésped del viroide, el procesamiento y circularización de los RNAs viroidales se produce muy eficientemente. Nuestra hipótesis de partida era que el reconocimiento del ELVd lineal por parte de la tRNA ligasa estaba determinado por la formación de un dominio de casi varilla que incluye el sitio de ligación en su parte central. Sin embargo, en el sistema de *E. coli*, mutaciones puntuales y deleciones que afectan drásticamente a la conformación de mínima energía libre de este dominio no tuvieron ningún efecto sobre la circularización del viroide. Por el contrario, mutaciones en el dominio de la ribozima de cabeza de martillo anularon la circularización. Estos resultados sugieren que los dominios de las ribozimas de cabeza de martillo del viroide, además de en el autocorte de los oligómeros, también están implicados en la circularización de los monómeros resultantes catalizada por la tRNA ligasa.

Área Temática: Interacción Planta-Patógeno Póster 180

Evaluation of allelopathic potential of Brassicaceae root extracts of *Phytophtora cinnamomi* activity obtained by three extraction methods

Manuela Rodríguez-Romero[1,2]*, Belén Godoy[1], Isabel M. Calha[3], José António Passarinho[3], Ana Cristina Moreira[3].

[1]Instituto del Corcho, la Madera y el Carbón Vegetal (ICMC)/Centro de Investigaciones Científicas y Tecnológicas de Extremadura (CICYTEX), Junta de Extremadura. Pol. Ind. El Prado, C/Pamplona s/n, 06800 Mérida, Spain. [2]Instituto de Investigación de la Dehesa (INDEHESA), Universidad de Extremadura. Av. Virgen del Puerto s/n, 10600 Plasencia, Spain.[3]Instituto Nacional de Investigação Agrária e Veterinária (INIAV, IP.). Quinta do Marquês, 2784-505, Oeiras, Portugal.

Plants can influence the composition of microbial communities around their roots by exudation of carbohydrates and other compounds. Some exudates present bactericidal and fungicidal activity. This study intends to assess the inhibitory activity of plant root extracts to *Phytophthora cinnamomi*.

In vitro studies were developed to assess the anti-*Phytophthora* activity of aqueous root extracts (ARE) obtained from three Brassicaceae species (*Raphanus raphanistrum, Eruca vesicaria* and *Diplotaxis tenuifolia*). The root extracts tested were prepared using three different methods: 1) maceration of fresh material without inactivation of enzymes; 2) maceration of fresh material with heat inactivation of enzymes and 3) microwave dried material. The inhibitory effect of different ARE obtained by these methods was evaluated *in vitro* on *P. cinnamomi* mycelial growth. Method 2 was the most effective in inhibiting mycelial growth, particularly with ARE from *D. tenuifolia* whose inhibition was 100%.

Once the method was selected, sporangia and chlamydospore production, zoospore release and viability were assessed *in vitro* for the three AREs. *Diplotaxis tenuifolia* ARE showed the highest inhibition of the pathogen structures.

The effect of gas exchange and the loss of volatile compounds was evaluated in the samples within Petri dishes. Half the Petri dishes were in aerobic conditions (unsealed) and the other half in anaerobic conditions (sealed). The sporangia were quantified in each sample one and two weeks later. The best results were observed with *D. tenuifolia* ARE under gas exchange conditions.

Preliminary tests *in planta* using suspension of non-sterile soil supplemented with *D. tenuifolia* ARE were developed to evaluate the effect on cork and holm oak plants against *P. cinnamomi* infection.

Área Temática: Interacción Planta-Patógeno Póster 181

El ortólogo de *Botrytis cinerea* del regulador transcripcional *medA* de *Aspergillus* interviene en el desarrollo, la conidiogénesis y la virulencia

Francisco Anta Fernández, Alejandro Alonso, Wilson Acosta Morel, José María Díaz-Mínguez y Ernesto Pérez Benito

Instituto Hispano-Luso de Investigaciones Agrarias (CIALE), Dpto. Microbiología y Genética, Universidad de Salamanca. Villamayor de la Armuña. Salamanca, España.

Botrytis cinerea es un hongo fitopatógeno con un estilo de vida necrotrófico que ataca a más de 200 especies cultivadas. Aunque existen fungicidas para su control, muchos han fallado debido a su plasticidad genética. Con el doble objetivo de alcanzar un mayor entendimiento sobre la biología del patógeno y de analizar posibles dianas que permitan combatirlo, nuestro grupo de investigación estudia el efecto que el óxido nítrico (NO), potente molécula señalizadora en sistemas biológicos, tiene sobre su desarrollo. En el curso del análisis de los datos derivados de un análisis de expresión diferencial comparando el patrón de expresión de esporas en germinación (6 horas de cultivo) en presencia y ausencia de un secuestrador de NO, c-PTIO, y con el de micelio en desarrollo (20 horas de cultivo) se detectaron cambios en la expresión de un conjunto de genes que responden a la eliminación de esta molécula. Entre ellos, destaca el gen *Bcmed*, con homólogos conservados entre los hongos filamentosos (*Aspergillus*, *Ustilago*, *Neurospora*, *Fusarium* y *Magnaporthe*), regulado durante el desarrollo en *B. cinerea* y cuyo nivel de expresión fue 8,9 veces superior en presencia de c-PTIO. Este gen codifica un factor de transcripción que controla el desarrollo, la reproducción asexual, la conidiogénesis y la expresión de la virulencia. En *B. cinerea*, los mutantes *ΔBcmed* muestran alteraciones en su crecimiento saprofítico. Su capacidad de crecimiento en medios sintéticos se reduce y el patrón de crecimiento cambia, dando lugar a colonias densas y compactas. El micelio derivado es absolutamente estéril. Asimismo, muestran alteraciones en su capacidad de infectar a la planta huésped, experimentando una reducción en su agresividad.

Área Temática: Interacción Planta-Patógeno Póster 182

Elevated temperature and CO2 levels decrease the rate of dispersal by aphid vectors of a *Potato virus Y* isolate and affect its prevalence in the environment

Francisco Javier del Toro[1], Kiung San Choi[2], Farshad Rakhshandehroo[3], Emmanuel Aguilar[1], Francisco Tenllado[1], Tomás Canto[*1]

[1]*Department of Environmental Biology, Center for Biological Research, CIB-CSIC, Ramiro de Maeztu 9, Madrid 28040, Spain,* [2]*National Institute of Horticultural and Herbal Science, Rural Development Administration, 100 Nongsengmyeong-ro, Iseo-myeon, Wanju 55365, Northern Jeolla Province, Rep. of Korea,* [3]*Department of Plant Pathology, College of Agriculture and Natural Resources, Islamic Azad University, P. O. Box 14515-775, Tehran, Iran*

In previous works we had found that elevated temperature (30 °C) caused the systemic levels of a Potato virus Y (PVY) isolate infecting the experimental host *Nicotiana benthamiana* to drop severely (del Toro et al., 2015. PLoS ONE. doi:10.1371/journal.pone.0136062). Conditions of elevated temperature and of elevated CO_2 levels (970 parts-per-million, ppm) combined (climate change-related conditions, CC) exacerbated this drop in viral titers further, which lasted for the whole of the plant´s lifespan, whereas plants remained asymptomatic (del Toro et al., 2017. Virology 511, 184). Under controlled experimental conditions we have now measured how those CC conditions affect the horizontal dispersal by aphids of PVY. Our results show that viral transmission by aphids from plants grown under CC conditions decreased markedly, relative to transmission from plants grown at the standard conditions of 25 °C and current ambient levels of CO_2. Mathematical modeling and simulation of viral prevalence in the environment throughout time show that the likelihood of an outcome in which the virus disappears increases dramatically under CC conditions. In fact, for the prevalence of PVY infection under CC conditions to remain comparable to that expected under standard conditions in our model, frequencies of aphid visits to plants in the former scenario would have to be nine-fold higher than in the latter one

Área Temática: Interacción Planta-Patógeno Póster 183

Resiliencia de *Castanea sativa* ante factores de estrés relacionados con el cambio global

F. Javier Dorado[1], Ángela Martín[2], Alejandro Solla[1*]

1Instituto de Investigación de la Dehesa, Ingeniería Forestal y del Medio Natural, Universidad de Extremadura, Av. Virgen del Puerto 2, 10600. Plasencia. 2Escuela Técnica Superior de Ingeniería Agronómica y de Montes, Universidad de Córdoba, Carretera Nacional IV Km, 396, 14014. Córdoba.

Se ignora la influencia de escenarios cambiantes de temperatura (T) elevada en la susceptibilidad del castaño (*Castanea sativa*) a *Phytophthora cinnamomi,* y la capacidad que tiene el árbol para adaptarse a T elevada. El trabajo informa sobre 4 experimentos que se realizarán en el marco de una tesis doctoral, cuyos resultados todavía no están disponibles. Se plantean las siguientes hipótesis: 1) episodios prolongados y puntuales de T elevada incrementan la susceptibilidad de *C. sativa* a *P. cinnamomi*, y para ello brinzales y clones comerciales de castaño resistentes a *P. cinnamomi* serán sometidos a diferentes escenarios, siguiendo RCP8.5 del IPCC, e inoculados con el patógeno; 2) existe un gradiente latitudinal relacionado con la variabilidad de respuesta de C. sativa a T elevada y a *P. cinnamomi*, y para ello brinzales de poblaciones de países mediterráneos caracterizadas con marcadores microsatélites de secuencias expresadas (EST-SSRs) serán sometidos al escenario más desfavorable de la hipótesis 1; 3) existe una interacción entre T elevada y el estrés hídrico que limita la susceptibilidad de *C. sativa* ante *P. cinnamomi*. Los brinzales de las poblaciones con sensibilidad térmica más contrastada, según la hipótesis 2, se someterán a un estrés cruzado T x estrés hídrico x *P. cinnamomi*; y 4) existen genotipos tolerantes a la combinación de factores adversos de cambio global, para lo cual ocho clones comerciales y ocho genotipos tolerantes a estrés hídrico y *P. cinnamomi* serán sometidos al peor escenario de la hipótesis 3. Con este trabajo se pretende mejorar a medio plazo la situación socioeconómica de zonas donde se aprovecha *C. sativa*, dotando al sector de material vegetal adaptado a las situaciones actuales de cambio global.

Área Temática: Interacción Planta-Patógeno Póster 184

Second generation of viral vectors based on *Pepino mosaic* virus

Fabiola Ruiz-Ramón*, Raquel N. Sempere, Eduardo Méndez-López, M. Amelia Sánchez-Pina, Miguel A. Aranda

Centro de Edafología y Biología Aplicada del Segura (CEBAS-CSIC), Departamento de Biología del Estrés y Patología Vegetal, PO Box 164, 30100 Espinardo, Murcia, Spain

We have previously developed an efficient *Pepino mosaic virus* (PepMV; genus *Potexvirus*)-based vector (pBPepGFP2a) for protein expression and virus induced gene silencing in *Nicotiana benthamiana*. The aim of this work was to further improve pBPepGFP2a in terms of stability and suitability for reporting infections in tomato. In order to avoid homologous recombination due to sequence duplication, two new constructs with different number of mutations were built, pBPepGFPm1 and pBPepGFPm2, using pBPepGFP2a as backbone. Stability assays showed that PepGFPm2 was stable in *N. benthamiana* plants for at least 3 passages, but not in tomato plants, since GFP expression was detected only in one third of the inoculated plants. Then, the *gfp* gene from pBPepGFPm2 was replaced by the *DsRed* or *mCherry* genes, giving rise to the PepDsRed and PepmCherry vectors. Both vectors were stable in *N. benthamiana*, but only PepDsRed was also stable in tomato at least during two passages; they both have been used for PepMV subcellular localization assays. In order to be used in massive susceptibility screenings we also developed PepBar, in which the *gfp* gene from PepGFP2a was substituted by the *bar* gene, an herbicide resistance gene. This vector was stable for at less two passages in both *N. benthamiana* and tomato plants. Overall, we have significantly expanded the PepMV-based tool box for its use in breeding, pathology and molecular biology studies.

Área Temática: Interacción Planta-Patógeno Póster 185

Deciphering the roles of two tomato proteins that interact with *Pepino mosaic virus* TGB1 during viral infection

Livia Donaire, María J. Marín-Marín, Blanca Gosálvez, Eduardo Méndez-López, Fabiola Ruiz-Ramón, Luis Rodríguez-Moreno, Raquel N. Sempere, Miguel A. Aranda*

Grupo de Patología Vegetal, Centro de Edafología y Biología Aplicada del Segura (CEBAS-CSIC), Apdo. Correos 164, 30100 Espinardo (Murcia), Spain

Pepino mosaic virus (PepMV; genus Potexvirus) causes severe economic losses in tomato crops worldwide. Our research group is developing control strategies for this virus by adopting a number of approaches, including the generation of sources of resistance by mutating host susceptibility factors. To identify susceptibility factors to PepMV, we carried out a global screening to find tomato proteins that interact with all five viral proteins using a yeast two hybrid system. Among a series of possible interacting proteins, we identified seven that interact with the triple gene block protein TGB1, a multifunctional protein mainly involved in the viral movement and in RNA silencing suppression. We have evidence pointing to the role of these proteins in the final outcome of the viral infection since partially silenced tomato plants for some of the genes encoding these proteins accumulated altered viral levels comparing with wild-type plants. The role of two of these tomato proteins, IP9 and IP11, during the viral infection was further investigated. We used transient expression of IP9 and IP11 fused to different fluorescent proteins in *Nicotiana benthamina* and confocal laser scanning microscopy to study their subcellular localization expressed alone or co-expressed with TGB1 also fused to fluorescent proteins. Moreover, we studied their subcellular localization in the context of the viral infection using a fluorescent-tagged PepMV clone. We also obtained knock-out mutants for IP9 and IP11 in tomato “cv. MicroTom” by CRISPR-Cas9 editing and we studied the susceptibility of these edited plants to the PepMV infection.

Área Temática: Interacción Planta-Patógeno Póster 186

Pathogenicity and phylogenetic study of *Fusarium proliferatum* isolated from six different plant species

Justyna Lalak-Kańczugowska[1*], Jessica Gil[2], Łukasz Stępień[1], Daniel Palmero[2]

[1]*Department of Pathogen Genetics and Plant Resistance, Institute of Plant Genetics of the Polish Academy of Sciences, Poland.* [2]*Departamento de Producción Agraria. ETSIAAB, Universidad Politécnica de Madrid, España*

Fusarium proliferatum is a member of the *F. fujikuroi* species complex and a major agricultural plant pathogen in many crops such as maize, asparagus, garlic, onion and many ornamentals. Furthermore, it synthesizes toxic secondary metabolites, known as mycotoxins or fusariotoxins. *F. proliferatum* and *F. verticillioides* are the main fumonisin producers. DNA-based phylogenetic analyses revealed a high level of genetic diversity within *F. proliferatum* population from different hosts and geographic regions (Proctor et al 2009). This work deals with the pathogenicity of 18 *F. proliferatum* isolates from six different plant species (asparagus, pea, maize, pineapple, garlic and rice). Pathogenicity tests show that all isolates, regardless of their origin, show pathogenicity in garlic with significant differences compared to the control without inoculation. Inoculations on two different garlic cultivars (white and purple type) allow us to identify certain varietal sensitivity corresponding to that observed in previous studies. Furthermore, there is a clear difference in the pathogenicity depending on the origin of the isolate. The isolates from asparagus, peas and garlic are markedly more pathogenic than those from pineapple or rice. Isolates from maize show intermediate pathogenicity level. Comparative sequence analyses showed certain level of diversity among the isolates tested, related to the host of origin rather than to the geographical region.

Área Temática: Interacción Planta-Patógeno Póster 187

Expression profiling of stress-related genes in phytopathogenic *Fusarium proliferatum* under biotic stress conditions

Justyna Lalak-Kańczugowska[1]*, Łukasz Stępień[1], Natalia Witaszak[1], Agnieszka Waśkiewicz[2]

[1]*Department of Pathogen Genetics and Plant Resistance, Institute of Plant Genetics, Polish Academy of Sciences, Strzeszyńska 34, 60-479 Poznań, Poland.* [2]*Department of Chemistry, Poznań University of Life Sciences, Wojska Polskiego 75, 60-625 Poznań, Poland*

Fungi show adaptive mechanisms allowing them to survive unfavourable environmental conditions. Superoxide dismutases (SODs) are scavengers of superoxide radicals, the main reactive oxygen species (ROS) inside the cell, constituting the frontline defence against intra- and extracellular ROS, but the roles of SODs in the major plant pathogen *Fusarium proliferatum* are still not well understood. We examined the expression of *FeSOD* gene in *F. proliferatum* cultures after the addition of aqueous extracts from four host species.

An asparagus-derived *F. proliferatum* strain was cultured in vitro using fumonisin-inducing liquid medium supplemented with asparagus, garlic, maize, and pineapple extracts. Mycelia were collected every two days and subjected to the total mRNA extraction. To validate the expression profiles of *FeSOD* gene, specific primers were designed and quantitative RT-PCR technique was used and normalized against the constitutively expressed *tub2* gene.

The asparagus extract induced the highest increase of *FeSOD* transcript levels and garlic extract was the second most effective inducer compared to control conditions. The level of *FeSOD* gene induction was, possibly, due to the presence of stimulating plant compounds. Our study provided some insight into biotic factors that might play an important role in disease development.

Research was supported by the Polish National Science Centre Project 2015/17/B/NZ9/03577.

Área Temática: Interacción Planta-Patógeno Póster 188

Structure to function: Engineering eIF4E alleles to confer virus resistance

Manuel Miras, Veronica Truniger and Miguel A. Aranda*

Grupo de Patología Vegetal, Centro de Edafología y Biología Aplicada del Segura (CEBAS-CSIC), Apdo. Correos 164, 30100 Espinardo (Murcia), Spain

Eukaryotic translation initiation factors (eIF) have emerged as important susceptibility factors to a wide number of RNA viruses. Natural alleles that encode variants of the eIF4E and eIF4G proteins, which are functional for the plant but non-functional for viruses, are valuable genetic sources of virus resistance in crops. One example is the melon eIF4E, which controls resistance to *Melon necrotic spot virus* (MNSV; genus *Carmovirus*, family *Tombusviridae*); in this case, a single amino acid substitution is responsible for MNSV resistance. We have shown previously that translation of MNSV RNAs is controlled *in cis* by a cap-independent translation enhancer, which interacts with the plant eIF4E-eIF4G (eIF4F) complex. Based on the crystal structure of a truncated melon eIF4F complex, we identified critical residues on the dorsal and lateral surfaces of eIF4E where substitutions resulted in the loss of the interaction with eIF4G, abolishing virus translation and, consequently, virus multiplication. Besides carmoviruses, many potyviruses have been shown to be dependent on eIF4E for their multiplication. In most of the cases studied, resistance arises from disruption of the interaction between the potyviral genome-linked protein (VPg) and eIF4E. We thus modeled potyvirus resistance eIF4E alleles and identified a putative eIF4E-interacting domain in VPg. The identification of extended and conserved interacting motifs offers targets for the design and edition of eIF4E alleles for breeding new virus- resistant crop varieties.

Área Temática: Interacción Planta-Patógeno Póster 189

Resistance to the emerging *Moroccan watermelon mosaic virus* (MWMV) in squash

Manuel Miras[1], Miguel Juárez[2] and Miguel A. Aranda[1*]

[1]Grupo de Patología Vegetal, Centro de Edafología y Biología Aplicada del Segura (CEBAS-CSIC), Apdo. Correos 164, 30100 Espinardo (Murcia), Spain. [2] Escuela Politécnica Superior de Orihuela, Universidad Miguel Hernández de Elche, Ctra. de Beniel km 3.2, 03312 Orihuela, Alicante, Spain

Moroccan watermelon mosaic virus (MWMV; genus *Potyvirus*, family *Potyviridae*) was first described infecting cucurbits in Morocco in 1974 and since then in other Mediterranean countries, being considered an emerging threat to cucurbit production in the Mediterranean basin. The aim of this study was to characterize Spanish MWMV isolates and to identify potential sources of resistance to MWMV in *Cucurbita* spp. accessions. A Spanish MWMV isolate was biologically cloned, its full-length genome sequenced, and used to inoculate plants from a collection of commercial squash cultivars, including some described as potyvirus resistant. All inoculated plants showed marked symptoms including leaf bubbling, vein clearing and banding and incipient necrosis. In addition, twenty four *Cucurbita* spp. accessions were tested for their susceptibility to MWMV. *C. ecuadoriensis* PI 432441 plants showed no symptoms and ELISA readings similar to uninfected controls. Progeny analysis of F1 and F2 populations suggested that two recessive genes control PI 432441 resistance to MWMV. As many recessive resistance genes to potyviruses have been shown to be eIF4E, we studied the allele diversity within *Cucurbita* spp. accessions for this gene. A multiple sequence alignment of eIF4E sequences from *Cucurbita* spp., including sequences from known potyvirus resistance alleles, identified three amino acid substitutions in *C. ecuadoriensis* PI 432441 eIF4E that could potentially be implicated in potyvirus resistance. Inheritance studies are being conducted to test this hypothesis.

Área Temática: Interacción Planta-Patógeno Póster 190

La complejidad del agroecosistema en la interacción maíz-virus- vector

G. Clemente-Orta*, A. Juárez-Escario, R. Albajes y M. A. Achón

Universidad de Lleida, Centro Agrotecnio, Rovira Roure 177, 25198 Lleida, España.

Las interacciones planta-virus-vector ocurren a diferentes niveles de organización en el ecosistema. Sin embargo, los estudios que analizan estas interacciones a nivel del paisaje son reducidos. En este trabajo se ha estudiado durante 2 años la influencia del agroecosistema en la incidencia de 3 virus que afectan al cultivo del maíz. Dos de estos virus son transmitidos de forma no-persistente por pulgones: el virus del mosaico enanizante del maíz (MDMV) y el virus del mosaico de la caña de azúcar (SCMV); y el tercero de forma propagativa por el fulgórido *Laodelphax striatellus*: el virus del enanismo rugoso del maíz (MRDV). Se seleccionaron 23 áreas de muestreo siguiendo un gradiente de complejidad en el agroecosistema en el Valle del Ebro. En cada área, se seleccionó un campo de maíz y se caracterizaron los elementos del paisaje en un radio de 500 m alrededor del mismo: superficies de cultivos, márgenes y otros hábitats y se realizaron tres muestreos: (1) inventario y cobertura de malas hierbas por Braun-Blanquet (2) incidencia de virus en maíz y malas hierbas mediante análisis serológico y molecular (3) capturas de insectos vectores con trampas pegajosas.

Los análisis estadísticos preliminares sugieren que una mayor complejidad del paisaje puede favorecer la abundancia de insectos vectores pero no la incidencia de MDMV y SCMV en los dos años de estudio. Resultados similares se observaron en 2016 para MRDV y su insecto vector, pero en 2017 la complejidad del paisaje favoreció tanto la abundancia de *L. striatellus* como la incidencia del virus MRDV. Los elementos del paisaje que más pueden contribuir a la interacción maíz-virus-vector son la superficie de cereales y los márgenes entre cultivos.

Área Temática: Interacción Planta-Patógeno Póster 191

Effect of water availability on the sensitivity of garlic genotypes to the nematode *Ditylenchus dipsaci*.

Daniele Chirivi[1], Ana Navarro[2], Soledad Sanz-Alférez[2], Gloria Nombela*[1]

[1]Instituto de Ciencias Agrarias (ICA) - Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), Serrano 115 Dpdo. 28006. Madrid.[2]Universidad Autónoma de Madrid, Cantoblanco, 28009. Madrid.

The nematode *Dityelenchus dipsaci* is one of the main problems for the cultivation of garlic worldwide, and its reproduction is favored in the Mediterranean area during the months when the soil moisture and environmental are higher. Traditionally, garlic was a rainfed crop in our country but the competitive economy has made it necessary to increase irrigated areas. Moreover, the expected climatic conditions for the near future, with longer and more intense droughts in the Mediterranean region, pose the urgent need to select garlic cultivars more tolerant to water scarcity and, at the same time, more resistant to phytopathogenic organisms. Different water regimes modify the microclimatic conditions of the crop affecting both the nematode and the host. Here we present the first results of a study in which the response of several garlic genotypes against the phytopathogenic nematode *D. dipsaci* have been evaluated under 4 different water availability conditions: water stress during vegetative phase, water stress during bulbification phase, water stress during the whole cropping time and no water stress (control). For each garlic genotype and water treatment, 10 potted plants were infested with the same number of nematodes. At the time of crop harvest, infection levels of each plant were determined and the mean infection values were statistically compared.

Área Temática: Interacción Planta-Patógeno Póster 192

The RNA silencing suppressor activity of *Cucurbit yellow stunting disorder virus* (CYSDV) P25 protein is negatively affected by *Watermelon mosaic virus* (WMV) P1 protein

Maria Luisa Domingo-Calap, Ana Beatriz Moreno, Mariona Estapé, Ornela Chase, Juan José López-Moya*

Centre for Research in Agricultural Genomics, CRAG, CSIC-IRTA-UAB-UB, Campus UAB Bellaterra, Cerdanyola del Valles, Barcelona, Spain

Ocurrence of mixed viral infections in plants often remains unnoticed, except when causing severe symptoms. In mixed infections involving potyvirids, the load of companion viruses usually increases significantly, a synergy likely caused by the highly active potyviral RNA silencing suppresor (RSS) HCPro gene product.

Our project focuses on a mixed infection caused by the potyvirus *Watermelon mosaic virus* (WMV) and the crinivirus *Cucurbit yellow stunting disorder virus* (CYSDV). Both viruses are relevant pathogens affecting cucurbits, but there is no data available at the molecular level when they co-infect a plant. To explore in detail this pathosystem, susceptible melon plants were simultaneously infected, resulting in the expected increase of the viral load of CYSDV. Subsequently, we performed transient co-expression in N. benthamiana with viral proteins exhibiting RSS activity (HCPro of WMV and P25 of CYSDV), together with other proteins (P22 of CYSDV, or P1 of WMV, respectively). Our purpose was to evaluate possible functional interactions between heterologous products that could co-exist in mixed infections, and how they can influence the outcome of the double infection. In this way, we found an unexpected and dose-dependent negative effect of the P1 protein of WMV on the RSS activity of the P25 protein of CYSDV. Using fluorescent-phusion constructs, the subcellular localization of these proteins was determined, finding the presence of the two interactors in both nucleus and cytoplasm during transient co-expression in vivo. This represents a novel interaction, not previously described in other combinations of potyviruses and criniviruses that can modulate the responses to viruses in melon.

(Funded by AGL2016-75529-R)

Área Temática: Interacción Planta-Patógeno Póster 193

Role of the tomato-infecting torradovirus RNA2-ORF1 protein in plant infection

Inmaculada Ferriol[1,2], Luca Nerva[3], Marta Vallino[3], Marina Ciuffo[3], Bryce Falk[1], Massimo Turina[3*]

[1]UC Davis, Department of Plant Pathology, Davis, CA, USA. [2]Present address: Center for Research in Agricultural Genomics (CRAG), CSIC-IRTA-UAB-UB, Campus UAB, Cerdanyola del Vallés, Barcelona, 08193, Spain. [3]Institute for Sustainable Plant Protection (IPSP-CNR), Torino, Italy.

Torradoviruses (Family *Secoviridae*) are plant viruses that cause severe disease in tomato crops and have two positive-sense ssRNAs that are separately encapsidated in isometric capsids. The RNA1 (~7 kb) and the RNA2 (~5kb) encode one and two open reading frames (ORFs), respectively. In comparison to other plant picorna-like viruses, the existence of RNA2-ORF1 is unique for torradoviruses. Previously, we developed infectious cDNA clones for the torradovirus tomato apex necrosis virus (ToANV) and determined that the RNA2-ORF1 protein is required for systemic infection in tomato and *Nicotiana benthamiana* plants.

In this work, we engineered constructs encoding the RNA2-ORF1 and RNA2-ORF1-Flag proteins in the context of the 5'- and 3'-UTRs of RNA2 to be provided *in trans* to complement RNA2-ORF1 mutants. Systemic infection was restored when RNA2-ORF1 and RNA2-ORF1-Flag constructs were inoculated with RNA2-ORF1 stop codon mutant and the viral progeny reverted to the wild type sequence. However, only when the RNA2-ORF1 (but not RNA2-ORF1-Flag) construct was provided with the RNA2-ORF1 deletion mutant plants were occasionally systemically infected; in this case, the viral progeny consisted of three genomic replicating RNAs: the RNA1, the RNA2 with the deletion in the RNA2-ORF1 region, and a third short RNA encoding for RNA2-ORF1 carrying short deletions in the 3'- UTR. We are currently evaluating which conserved amino acids of the RNA2-ORF1 protein are relevant for systemic infection using this "tripartite" system.

Área Temática: Interacción Planta-Patógeno Póster 194

Comparación del perfil hormonal del castaño entre interacciones susceptible y resistente con *Phytophthora cinnamomi*

Álvaro Camisón[1], Ángela Martín[2], Francisco Alcaide[1], Pilar Santamargarita[1], Marina González[1], Paloma Sánchez Bel[3], Víctor Flors[3], David Morcuende[4], Paloma Abad-Campos[5], Beatriz Cuenca[6], Alejandro Solla[1*]

[1]Instituto de Investigación de la Dehesa; Ingeniería Forestal y del Medio Natural, Universidad de Extremadura. Av. Virgen del Puerto 2, 10600 – Plasencia, España. [2]Escuela Técnica Superior de Ingeniería Agronómica y de Montes, Universidad de Córdoba. Carretera Nacional IV Km 396, 14014 - Córdoba, España. [3]Escuela Superior de Tecnología y Ciencias Experimentales; Dpto. Ciencias Agrarias y del Medio Natural, Universidad Jaume I. Av. Vicent Sos Baynat s/n, 12071 – Castellón de la Plana, España. [4]Instituto de Investigación IProCor; Grupo de Investigación TECAL, Universidad de Extremadura. Av. de las Ciencias s/n, 10003 – Cáceres. [5]Instituto Agroforestal Mediterráneo, Universitat Politècnica de València, Camino de Veras/n, 46022 – Valencia, España. [6]TRAGSA, Vivero de Maceda, Carretera de Maceda-Baldrei km 2, 32700 - Maceda, Ourense, España

Los mecanismos moleculares relativos a la resistencia de *Castanea sativa* ante *Phytophthora cinnamomi* son poco conocidos. Estudios recientes relacionan la resistencia con una mayor expresión constitutiva e inducida de genes de defensa, pero los mecanismos de señalización hormonal ante el patógeno son desconocidos. Dentro del proyecto AGL2014-53822-C2 se evaluó el perfil hormonal constitutivo e inducido por *P. cinnamomi* en los clones 111-1 (híbrido resistente) y Cs14 (*C. sativa* susceptible). A los 0 y 9 dpi se analizaron hormonas, azúcares solubles (AS) y polifenoles totales (PT) en hoja y raíz (n=3). El clon resistente mostró un mayor contenido constitutivo de ABA, JA, JA-Ile y fenoles en hoja y de ABA y SA en raíz que el clon susceptible. Tras la inoculación, AS aumentaron significativamente en las hojas del clon resistente mientras que ABA, JA, JA-Ile y PT disminuyeron, aumentando en la raíz. En el clon susceptible no se apreció variación hormonal en hojas, pero sí un ligero incremento de SA y disminución de PT en raíz. Por tanto, la resistencia estuvo asociada a una homeostasis hormonal hoja-raíz, diferente tras la infección, con acumulación de diversas hormonas defensivas en la raíz, y no observándose el clásico antagonismo ABA-SA. Esto indica una señalización más eficiente en el clon resistente y, posiblemente, una menor eficiencia de los mecanismos de secreción de efectores por parte del patógeno. El incremento de JA-Ile en el clon resistente podría estar relacionado con la síntesis de metabolitos antioxidantes, encargados de amortiguar el aumento en ROS tras la infección. Los resultados indican la relevancia de la señalización hormonal y en particular la implicación a medio plazo de ABA y JA-Ile en la resistencia a *P. cinnamomi.*

Área Temática: Interacción Planta-Patógeno Póster 195

Descifrando el rol de la biopelícula en dos especies de *Pseudomonas* asociadas a planta

Zaira María Heredia Ponce*, Jose Antonio Gutiérrez Barranquero, Francisco Cazorla, Antonio de Vicente

Universidad de Málaga, Boulevar Louis Pasteur, Campus Universitario de Teatinos S/N

El género *Pseudomonas* puede ser un modelo de estudio de la interacción de los microorganismos con las plantas. *Pseudomonas syringae* es una especie bacteriana que produce enfermedades en la parte aérea de plantas tanto herbáceas como leñosas. Por otro lado, *Pseudomonas chlororaphis* interacciona con la raíz de la planta y es un agente de control biológico de enfermedades fúngicas en árboles de aguacate y plantas de tomate. Ambas especies bacterianas forman biopelícula y, a pesar de su diferente estilo de vida (epífito-patógeno y rizosfera-agente de biocontrol), están relacionadas filogenéticamente. Pensamos que, debido a esta relación filogenética, ambas bacterias deben contener componentes comunes y diferenciales en la matriz extracelular de la biopelícula que podrían tener un papel importante en la interacción con el huésped vegetal. Análisis *in silico* han mostrado que ambas presentan algunas regiones genómicas comunes y otras diferenciales que podrían codificar para proteínas implicadas en la síntesis de componentes de la matriz extracelular. Hemos construido mutantes de estas regiones y analizado su implicación en diferentes aspectos relacionados con la formación de biopelícula.

Este trabajo ha sido financiado por el Proyecto de Excelencia de la CICE, Junta de Andalucía (P12- AGR-1473) y el Proyecto del Plan Nacional I+D+I MINECO (AGL2014-52518-C2-IR), cofinanciado con fondos FEDER. Zaira María Heredia está financiada por un contrato del programa FPU del Ministerio de Educación (referencia FPU15/03644).

Área Temática: Interacción Planta-Patógeno Póster 196

Key genes for root development are induced and relevant during the development of galls and giant cell by root- knot nematodes

Rocío Olmo[1], Javier Cabrera[1], Alejandra Garcia[1], Angela Martínez[1], Virginia Ruiz-Ferrer[1], Marta Barcala[1], Fernando E. Díaz-Manzano[1], Miguel Ángel Moreno-Risueño[2], Maria Fe Andrés[3], Carmen Fenoll[1], Carolina Escobar[1*]

[1]*Facultad de Ciencias Ambientales y Bioquímica, Universidad de Castilla-La Mancha, Toledo, Spain,* [2]*Departmento de Biotecnología, Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas, Universidad Politécnica de Madrid INIA, Madrid, Spain* [3]*Departamento Protección Vegetal, Instituto Ciencias Agrarias CSIC, Madrid, Spain.*

Root-knot nematodes (RKNs; *Meloidogyne* spp.) are a group of phyto-endoparasitic nematodes with a negative impact on plant productivity. The gradual banishment of effective but contaminant chemical nematicides makes necessary the search for biotechnological alternatives. RKNs enter the vascular cylinder by intercellular migration and stablish in the differentiation zone inducing a group of feeding cells, called giant cells (GCs) derived from vascular cells by the effect of the nematode effector molecules. GCs expands and suffer numerous changes as repeated mitosis with partial cytokinesis. A knot or gall around the GCs by the divisions and hypertrophy of several tissues within the root is also formed. We obtained the transcriptomes of early-developing*Arabidopsis* GCs/galls after *M. javanica* infection by laser capture microdissection. They were compared *in silico* to those characteristics of different root cell types. Results indicated that the transcriptomes of GCs/galls were enriched in genes characteristics of undifferentiated root cell types, as those from the quiescent centre (QC), protoxylem and the lateral root initial cells. Hence, we studied the expression and function of key genes for the development of these cell types. Genes with essential roles in the root QC establishment and stem cell maintenance like *Schizoriza* (SCZ), *Scarecrow* (*SCR*), *Short root* (*SHR*) , *WUSCHEL-RELATED HOMEBOX* 5 (*WOX5*) and a protoxylem marker in the root apical meristem, *HISTIDINE PHOSPHOTRANSFER PROTEIN 6 (AHP6)*, were induced in Arabidopsis galls. Mutant lines for those genes were either affected in the number of galls formed and/or reproduction parameters. Our main conclusion is that genes characteristics of root developmental processes are also important during gall/GC development.

Área Temática: Interacción Planta-Patógeno Póster 197

Tomato chlorosis virus mutants: toward deciphering the molecular determinants of differential whitefly transmission of criniviruses

Elisa Navas-Hermosilla, Ana Isabel Millán, Elvira Fiallo-Olivé, Jesús Navas-Castillo*

Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea "La Mayora", Universidad de Málaga - Consejo Superior de Investigaciones Científicas (IHSM-UMA-CSIC), 29750 Algarrobo-Costa, Málaga, Spain.

Tomato chlorosis virus (ToCV) (genus *Crinivirus*, family *Closteroviridae*) causes important emergent diseases in tomato and other solanaceous crops worldwide. In tomato plants, ToCV causes a "yellow leaf disorder" syndrome that include interveinal yellowing and thickening of leaves that develop first on lower leaves and then advance towards the upper part of the plant. Production is reduced because of decreased fruit size and number as well as early senescence. Criniviruses have a bipartite genome of positive-sense single-stranded RNA encapsidated in flexuous virions of 800 to 850 nm in length. RNA1 contains four open reading frames (ORFs) which encode proteins devoted to virus replication, and RNA2 contains nine ORFs encoding proteins associated with virus encapsidation, movement, and whitefly transmission. Virions have a complex "rattlesnake" structure with a body and a tail. The body is composed of the major coat protein (CP) whereas the tail is composed of at least four proteins, including the minor coat protein (CPm). ToCV is the only crinivirus known to date which is transmitted by whiteflies of two different genera: *Bemisia tabaci*, *Trialeurodes vaporariorum* and *T. abutiloneus*. In order to decipher the role of the ToCV CPm in the differential whitefly transmission, a set of CPm-defective mutants were constructed using the available ToCV RNA2 infectious clone. These mutants included a premature termination codon and deletions of three different regions in the CPm gene The capability of the mutants to infect *Nicotiana benthamiana* and tomato plants, as well as transmission by *B. tabaci* and *T. vaporariorum* was assayed. The obtained results will be presented and discussed.

Área Temática: Interacción Planta-Patógeno Póster 198

Mechanims of gene repression on the root-knot nematode interaction in Arabidopsis

Ana Cláudia Silva[#1], Virginia Ruiz-Ferrer[#1], Javier Cabrera[1], Fernando E. Díaz-Manzano[1], Isabel Martínez[2], Carmen Fenoll[1] and Carolina Escobar[*1]

[1]*Department of Environmental Sciences, Faculty of Environmental Sciences and Biochemistry, Universidad de Castilla-La Mancha, Avenida Carlos III, s/n, 45071, Toledo, Spain.* [2]*Department of Agroforestry Science and Technology and Genetics, Faculty of Environmental Sciences and Biochemistry, Universidad de Castilla-La Mancha, Avenida Carlos III, s/n, 45071, Toledo, Spain*

[#]Both authors have contributed equally to this work

Plant-parasitic nematodes represent a major threat to the agricultural production. Within them, the root- knot nematodes (RKN), *Meloidogyne* spp., are endoparasites causing major crop losses. The banishment of most effective nematicides confirm a demand to search for alternative strategies, such as those based on biotechnology. The deep knowledge on the molecular basis of this interaction is therefore a requirement. RKNs penetrate within the root elongation zone and migrate intercellularly to the plant root tip stablishing in the vascular cylinder. RKNs feed from specialized feeding cells, the giant cells (GCs), that they induce by repeated mitosis without cytokinesis. The cells around the GCs start to proliferate and the cortex cells undergo hypertrophy, developing a pseudo-organ called gall. In the transcriptomes of the early-developing giant cells and galls induced by *M. javanica* in Arabidopsis roots at 3 days post infection, a generalised gene repression was observed (Barcala et al., 2010). This gene repression in galls could be mediated by small RNAs (sRNAs) through RNA silencing. We described the tight regulation and role of miR390, miR172 and miR159 during the RKN interaction with Arabidopsis (Cabrera et al., 2016; Díaz-Manzano et al., 2017; Medina et al., 2017). Furthermore, after sRNA sequencing we found that 24-nt-sRNAs were highly abundant in galls compared to non-infected tissue. Most of them were rasiRNAs which were described to regulate gene expression through RNA- directed DNA methylation pathways. Consequently, we aimed to deepen in the rasiRNA distribution along the Arabidopsis genome, as well as obtaining data on epigenetic marks (cytosine methylation) in galls and GCs through MethylC-seq and immunolocalization.

Área Temática: Interacción Planta-Patógeno Póster 199

Mecanismos moleculares implicados en la tolerancia y susceptibilidad de portainjertos de aguacate a la podredumbre blanca radicular causada por *Rosellinia necatrix*

A. Zumaquero[1], E. Martínez-Ferri[1], A. Matas[2], B. Farrow[3], N.A. Oliver[3], F. Pliego-Alfaro[2], A. Barceló[1], N. van den Berg[3], C. Pliego[1]

[1]IFAPA, Centro de Churriana, Cortijo de la Cruz s/n, 29140 Churriana, Málaga, Spain.[2]Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea "La Mayora" (IHSM-UMA-CSIC), Departamento de Biología Vegetal, Universidad de Málaga, 29071 Málaga, Spain.[3]Department of Microbiology, Forestry and Agricultural Biotechnology Institute (FABI), University of Pretoria, Pretoria, 0002, South Africa. University of Pretoria, Pretoria, South Africa.

El uso de portainjertos de aguacate tolerantes a *Rosellinia necatrix* será, sin duda, uno de los métodos más efectivos para el control de esta enfermedad en las plantaciones del litoral andaluz. En el programa de mejora del IFAPA-Centro de Málaga, se dispone de varias preselecciones en fase de evaluación en campo. Como apoyo a dicho programa, se ha llevado a cabo el análisis de la expresión génica del portainjerto tolerante (BG83, preselección del programa) en comparación con el portainjerto `Dusa´, susceptible a *R. necatrix* pero utilizado a nivel mundial por su tolerancia a *Pythophthora cinnamomi*. El análisis se llevó a cabo utilizando un microarray de cDNA que representa el transcriptoma de raíz de `Dusa´ en respuesta a la infección por *P. cinammomi*. El estudio reveló perfiles de expresión génica muy diferentes entre ambos portainjertos; así, mientras que en `Dusa´ la respuesta temprana a la infección estuvo relacionada con procesos de óxido-reducción y degradación de pared, en BG83, además de procesos de óxido-reducción, se indujeron inhibidores de proteasas y sus reguladores negativos, así como genes relacionados con la respuesta a estrés salino y osmótico. Además, este estudio revela que existen diferentes mecanismos de tolerancia en aguacate frente a *P. cinnamomi* y *R. necatrix*. Así, mientras que estudios previos han mostrado que la inducción de genes de defensa, generales tal como la proteína thaumatin-like y proteína de estrés universal, son importantes en la tolerancia a *P. cinnamomi*, la inducción de inhibidores de proteasas parece jugar un papel muy relevante en la tolerancia a *R. necatrix*. Este estudio será una herramienta útil para acelerar la selección de material dentro del programa de mejora de portainjertos del IFAPA-Málaga.

Proyectos AVA2016.01.14, RTA2017-00040-00-00, AGL2014-52518-C2-1-R.Dr. C. Pliego disfruta de un contrato Doctores INIA-CCAA 2017.

Área Temática: Interacción Planta-Patógeno Póster 200

Regulación de la expresión génica durante la fase epifita de *Pseudomonas syringae* pv tomato en respuesta a distintas condiciones lumínicas

Saray Santamaría-Hernando[1], Sofía de Francisco-de Polanco[1], Pedro Manuel Martínez-García[3], Sandra Nebreda-Díaz[1], José Juan Rodríguez-Herva[1,2], Pablo Rodríguez-Palenzuela[1,2], Emilia López Solanilla*[1,2]

[1]Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas. Universidad Politécnica de Madrid (UPM) - Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria (INIA) Campus Montegancedo UPM 28223-Pozuelo de Alarcón (Madrid), Spain. [2]Departamento de Biotecnología-Biología Vegetal, Escuela Técnica Superior de Ingeniería Agronómica, Alimentaria y de Biosistemas, UPM, 28040-Madrid, Spain. [3]Centro Andaluz de Biología Molecular y Medicina Regenerativa (CABIMER), CSIC-Universidad de Sevilla-Universidad Pablo de Olavide, Sevilla 41092, Spain

Durante la fase epifita del ciclo en planta de *Pseudomonas syringae* pv. tomato, la exposición a cambios en la intensidad y calidad de luz es una condición prevalente. En trabajos previos de nuestro laboratorio hemos llevado a cabo el estudio de la respuesta a la luz en condiciones in vitro poniendo de relevancia el control que esta condición ejerce sobre la expresión génica en esta bacteria. En este trabajo hemos abordado el estudio considerando el efecto de la luz en combinación con la situación del patógeno en contacto con la superficie de la hoja. Se ha llevado a cabo un estudio transcriptómico de la población bacteriana epifita sobre hojas de tomate y se ha comparado con los resultados obtenidos in vitro con el objeto de comprender la conexión entre las señales de la planta y el ambiente durante las primeras fases de la infección. Los resultados muestran una respuesta a la luz estrechamente relacionada con los mecanismos de percepción, apareciendo las categorías funcionales relativas a quimiotaxis y motilidad como las más sobrerrepresentadas. Hemos iniciado el estudio funcional de quimiorreceptores específicos a través de la construcción de mutantes simples y en fondos de mutantes en fotoreceptores para conocer la relevancia del fenómeno durante la infección.

Área Temática: Interacción Planta-Patógeno Póster 201

Identificación de nuevos mecanismos de patogénesis en la interacción *Rosellinia necatrix*/aguacate mediante análisis transcriptómico

Zumaquero A.[1], Hitoshi N.[2], Satoko K.[2], Matas A.[3], Martinez-Ferri E.[1], Barcelo A.[1], Lopez-Herrera C.[4], Pliego, F.[3], Cazorla F.M.[5], Pliego C.[1]

[1]IFAPA, Centro de Málaga, Cortijo de la Cruz s/n, 29140 Churriana, Málaga, Spain. [2]Division of Apple Research, Institute of Fruit Tree and Tea Science, National Agriculture and Food Research Organization, 92-24 Nabeyashiki, Shimokuriyagawa, Morioka, Iwate, 020-0123, Japón. [3]Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea "La Mayora" (IHSM-UMA-CSIC), Departamento de Biología Celular, Genética y Fisiología, Universidad de Málaga, 29071 Málaga, Spain. [4]Instituto de Agricultura Sostenible, CSIC. Córdoba. [5]Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea "La Mayora" (IHSM-UMA-CSIC), Departamento de Microbiología, Universidad de Málaga, 29071 Málaga, Spain.

Una de las enfermedades más importantes que afectan a las plantaciones de aguacate del litoral andaluz es la podredumbre blanca radicular causada por el hongo de suelo *Rosellinia necatrix*. El control de esta enfermedad es complejo y difícil, y se debe llevar a cabo desde una perspectiva integrada mediante el uso de métodos culturales, biológicos, genéticos y químicos, sin embargo, incluso en este caso, los resultados obtenidos no son satisfactorios por lo que se debe continuar trabajando en el desarrollo de nuevas estrategias para controlar la enfermedad. En esta línea, el conocimiento de los mecanismos de infección del patógeno se considera un objetivo esencial. Por ello, se ha llevado a cabo un estudio transcriptómico mediante RNAseq de *R. necatrix* colonizando la raíz de aguacate en comparación con su crecimiento *in vitro* en medio PDA. El análisis estadístico de la comparación de ambos transcriptomas reveló que un total de 1201 genes se inducen significativamente durante el proceso de infección en raíz, entre los cuales se encuentran genes relacionados con producción de micotoxinas, degradación de pared celular, síntesis de giberelinas y detoxificación de compuestos nocivos. Asimismo, se observaron un total de 137 genes de expresión única durante el crecimiento del hongo sobre raíz, entre los cuales se identificó uno que codifica para una proteína de alta identidad con una RNAsa, posiblemente implicada en silenciamiento génico transcripcional mediante RNA interferente. Los resultados de este trabajo se consideran de gran relevancia para conocer las bases moleculares de la interacción de este patógeno con la raíz de aguacate.

Proyectos AVA2016.01.14 y RTA2017-00040-00-00 cofinanciados al 80% por fondos FEDER dentro del Programa Operativo de Andalucía 2014-2020 e INIA. Dr. C. Pliego disfruta de un contrato Doctores INIA-CCAA 2017. Proyecto AGL2014-52518-C2-1-R

Área Temática: Interacción Planta-Patógeno Póster 202

CHBE1, una nueva ficha en el juego del escondite de la quitina en la interacción planta-hongo

Jesús Martínez-Cruz[1,2*], Jesús Hierrezuelo León[1,2], Antonio de Vicente[1,2], Alejandro Pérez-García[1,2]

[1]*Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias, Universidad de Málaga.* [2]*Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea "La Mayora"–Universidad de Málaga–Consejo Superior de Investigaciones Científicas (IHSM–UMA–CSIC).*

Uno de los mayores desafíos de los patógenos durante la colonización del huésped es evitar el reconocimiento de los denominados "patrones moleculares asociados a patógenos" (PAMP) por parte de la planta, evitando activar la respuesta de defensa. Para ello, los patógenos han desarrollado una amplia gama de efectores relacionados con su ocultación a la planta.

En este trabajo hemos identificado un nuevo efector de *Podosphaera xanthii*, agente causal del oídio de las cucurbitáceas, con un claro papel en la patogénesis. Este efector es una versión truncada de quitina deacetilasa (CDA) obtenida por *splicing* alternativo, dando lugar a una proteína que carece del dominio de actividad quitina deacetilasa pero conserva el dominio de unión a quitina. Esta proteína, denominada CHBE1 (*chitin-binding effector* 1), se une a quitina libre evitando así la activación de la inmunidad disparada por quitina en planta. Las fusiones traduccionales CHBE1-CFP y PxCDA1-GFP nos han permitido observar diferencias en la distribución, localizándose CHBE1-CFP en los puntos de penetración del huésped, lugar donde se acumula quitina, mientras que PxCDA1-GFP se localiza en la pared celular del hongo. Además, el análisis mediante HPLC y ESI-MS de los productos de la unión de CHBE1 a oligómeros de quitina ha demostrado que CHBE1 tiene preferencia por oligómeros ≥ 5 unidades, aquellos que disparan la respuesta de defensa en planta. Además, el análisis de la estructura génica de genes CDA presentes en bases de datos, sugiere que CHBE1 puede ser una proteína ampliamente distribuida en hongos fitopatógenos.

Este trabajo ha sido financiado por ayudas del Plan Nacional de I+D+I del Ministerio de Economía y Competitividad (AGL2016-76216-C2-1-R), cofinanciado con fondos FEDER (UE).

Área Temática: Interacción Planta-Patógeno Póster 203

Evaluación de la tolerancia a *Phytophthora cinnamomi* Rands de híbridos del género *Quercus*

David García Alonso*, María José Guerra Barrena, Francisco María Vázquez Pardo, María del Carmen Rodríguez-Molina

Centro de Investigaciones Científicas y Tecnológicas de Extremadura (CICYTEX). Autovía A5, km 372. 06187 Guadajira, Badajoz.

El decaimiento y muerte de algunas especies del género *Quercus*, fenómeno habitualmente denominado Seca, constituye uno de los principales problemas fitosanitarios que actualmente afectan a las masas del género *Quercus* en todo el mundo, y entre ellas a las de las dehesas/montado. Entre los agentes bióticos implicados en el proceso, se ha señalado al oomiceto *Phytophthora cinnamomi* Rands como un agente patógeno de significativa trascendencia.

Como línea de trabajo se planteó la evaluación de la susceptibilidad a este patógeno radicular de la progenie de cuatro híbridos naturales *Q.* x *mixta* Villalobos ex Colmeiro (*Q. suber* L. x *Q. rotundifolia* Lam.), *Q.* x *diosdadoi* F.M. Vázquez, Coombes, Rodr.-Coombes, Ramos & Doncel (*Q. rotundifolia* Lam. x *Q. pyrenaica* Willd.), *Q.* x *tentudaica* (F.M. Vázquez) F.M. Vázquez (*Q. broteroi* (Coutinho) Rivas Mart. & Sáenz de Rivas x *Q. rotundifolia* Lam.) y *Q.* x *airensis* Franco & Vasc. (*Q. coccifera* L. x *Q. rotundifolia* Lam.) y sus respectivos parentales.

Por cada progenie y parental se inocularon 10 plantas con el aislado MYC-018 de *P. cinnamomi* y se incluyeron testigos sin inocular. Las plantas se sometieron a encharcamientos semanales y se hizo un seguimiento de los síntomas y de la mortalidad.

En las progenies evaluadas el híbrido *Q.* x *mixta* presentó mejor comportamiento que sus parentales tanto al encharcamiento y/o estrés del trasplante como a la inoculación. Sin embargo *Q.* x *airensis*, *Q.* x *diosdadoi* y *Q.* x *tentudaica* mostraron síntomas más severos y mortalidades más elevadas. En términos generales, los parentales fueron menos susceptibles al patógeno, a excepción de *Q. broteroi* y *Q. suber*, que presentaron porcentajes de mortalidad equivalentes a los de los híbridos.

Financiado con el proyecto RTA2014-00063-C04 y fondos FEDER.

Área Temática: Interacción Planta-Patógeno Póster 204

CAS-mediated RNA targeting for functional studies of host cell reprogramming upon pathogen-triggered silencing suppression in plants

Albert Bernal[1,2], Luis Villar-Martin[2], Ignacio Rubio-Somoza*[2]

[1]*Master program in Plant Biology, Genomics and Biotechnology, Centre for Research in Agricultural Genomics (CRAG)- University of Barcelona (UB)- Autonomous University of Barcelona (UAB),*
[2]*Molecular Reprogramming and Evolution (MoRE) Laboratory, Centre for Research in Agricultural Genomics (CRAG), Vall Moronta s.n.-Edifici CRAG. 08193 Cerdanyola del Vallés, Spain.*

RNA interference (RNAi) is widely used to achieve customized inhibition of target genes in eukaryotes. RNAi is an antiviral defence system which is targeted by pathogen derived effectors, known as silencing suppressors, which interfere with its normal functioning. The production of silencing suppressors is part of the infection strategy employed by viruses and other classes of pathogens such as bacteria and oomycetes. Thus, RNAi approaches cannot be used to functionally characterize the role of host genes participating in cell reprogramming triggered by the intracellular presence of silencing suppressors. In order to overcome that limitation, we are developing a CRISPR/CAS system that allows gene silencing independently of the presence of silencing suppressors.in plants. To that end, we are comparing the ability of different Type II or Type VI CAS proteins to target RNA without affecting DNA sequence. Such approach will be of special interest to study genes that regulate plant development and which mutation at the DNA level is translated in phenotypic readouts that can mask their role within the infection-defence context. We will discuss our progress on such endeavor.

Área Temática: Interacción Planta-Patógeno Póster 205

Dynamics of RNA silencing suppression upon pathogen infections

Álvaro de Andrés-Pablo, Luis Villar-Martín, Ignacio Rubio-Somoza*

Molecular Reprogramming and Evolution (MoRE) Laboratory, Centre for Research in Agricultural Genomics (CRAG), 08193 Cerdanyola del Vallés, Barcelona, Spain.

RNA silencing is an antiviral defence mechanism in plants and animals. In order to evade that layer of defence, viruses produce counteracting effectors, known as silencing suppressors. It has been recently found that pathogens other than viruses, such as bacteria and oomycetes, also produce silencing suppressors as part of their infection strategy. Despite of that evolutionary convergent strategy, the ways those different classes of pathogens infect and spread in the host are diverse. Those dissimilarities might encompass a differential regulation of the production of their specific silencing suppressors and the host cells target of their action. The intracellular presence of silencing suppressors does not only disrupt a host´s defence system but interferes with other endogenous processes orchestrated by this universal gene regulatory system. Of especial interest is their impact on micro RNA-mediated gene regulation. Plant miRNAs tend to regulate the expression of genes with pivotal roles in plant development and stress responses. Since the repertoire of miRNAs and their targets is cell-type specific, the molecular events conducting to effector-mediated transcriptional reprogramming in plant cells might differ. Establishing the dynamics of pathogen-triggered miRNA dysfunction is a first key step to broaden our knowledge about the subsequent molecular events led by pathogen-deployed silencing suppressors. To reveal at which point of the infections and in which cell-types different pathogens interfere with miRNA function, we have combined fluorescently-labeled pathogens and plants bearing a sensor of miRNA activity.

Results from experiments with *Plump Pox Virus* and the bacterium *Pseudomonas syringae* will be discussed.

Área Temática: Interacción Planta-Patógeno Póster 206

Induction of tomato defense response by synthetic elicitor peptides

Aina Baró[1], Laura Montesinos[1], Cristina Camó[2], Àngel Oliveras[2], Esther Badosa[1], Lídia Feliu[2], Marta Planas[2], Emili Montesinos[1], Anna Bonaterra[1*]

[1]Institute of Food and Agricultural Technology-XaRTA-CIDSAV, University of Girona, Campus Montilivi, 17071 Girona. [2]LIPPSO, Department of Chemistry, University of Girona.

Diseases caused by plant pathogens produce important economic losses and their control with chemical pesticides is mainly based on synthetic or biological products. However, regulatory restrictions and consumer demand have led to the development of new alternatives. Advances in the research of the plant immune system pathways have provided information on the nature of the signal molecules implicated in its activation.

Several peptides have been reported as elicitors of the Systemic Acquired Resistance or Induced Systemic Resistance, both involved in the induction of the priming state of plants. Recently, a role of certain synthetic antimicrobial peptides (AMPs) in the induction of the plant immune system has also been observed.

The present work was focused on the characterization of two sets of synthetic peptides as potential inducers of the tomato's immune system. The first set included lipopeptides derived from BP100, which incorporated a fatty acid at different positions of its sequence. The second set of peptides was designed from KSL-W by replacing each L-amino acid for its D-enantiomer. Plants were treated with the peptides for 24 h and the relative expression levels of eleven key genes were analyzed by a quantitative polymerase chain reaction and the $\Delta\Delta C_T$ method.

Results confirmed that most lipopeptides derived from BP100 had no stimulating effect on the immune system. However, peptides derived from KSL-W displayed higher induction capacity of plant-defense genes compared to non-treated control plants. Studies on interference with pathogen infection are under way in several pathosystems.

This work was supported by AGL2015-69876-C2-1-R from the Ministerio de Economía y Competitividad of Spain.

Área Temática: Interacción Planta-Patógeno Póster 207

CgEP3, A small species-specific effector of *Colletotrichum graminicola* contributes to virulence during the early stages of infection.

José M. Sanz-Martín, Francisco Borja Cuevas-Fernández, Ernesto P. Benito, Michael R. Thon and Serenella A. Sukno*.

Instituto Hispanoluso de Investigaciones Agrarias (CIALE), University of Salamanca, 37185 Villamayor, Spain.

C. graminicola is the causal agent of leaf anthracnose and stalk rot or maize. Like many plant pathogens, this pathogen secretes effector proteins that disable plant defense components and promote successful infection. We performed a genome-wide survey to identify proteins that are predicted to encode a secretion signal peptide and have evidence of nuclear localization and/or DNA binding domains. One of the proteins identified in this screen, CgEP3, is predicted to encode a secretion signal, a partial nucleoside phosphorylase domain (NP), and a highly basic C-terminal domain and is predicted to have a nuclear localization motif. This protein has no similarity with previously described pathogenicity factors and there are no homologs in public databases. Sequence alignments revealed that the C-terminus is highly variable and bears only minimal similarity to other NP domain containing proteins, while the NP-like domain is highly conserved. Phylogenetic analysis shows that CgEP3 is related to fungal NP enzymes but underwent profound structural changes in *C. graminicola*. The basic C terminal region has an isoelectric point of 10.74, and has a characteristic arginine pattern that may define a DNA interaction domain. Transcriptional profiling and live cell imaging show that CgEP3 is specifically expressed in conidia, appressoria and during early penetration, suggesting a role at these time points. CgEP3 null mutants had significantly reduced lesion size and biomass accumulation on maize leaves. Therefore, CgEP3 is an effector that contributes to virulence during the early stages of infection. It is also an example of effector evolution through the acquisition of new protein functions in an existing gene family.

Área Temática: Interacción Planta-Patógeno Póster 208

Identifying sources of resistance to *Phaeomoniella chlamydospora* in minority and commercial grapevine germplasm collections

María del Pilar Martínez-Diz[1], Emilia Díaz-Losada[1], Enrique Barajas[2], David Ruano-Rosa[2], Marcos Andrés-Sodupe[3], David Gramaje*[3]

[1]Estación de Viticultura y Enología de Galicia (INGACAL-EVEGA), Ponte San Clodio s/n 32428-Leiro- Ourense, Spain. [2]Instituto Tecnológico Agrario de Castilla y León (ITACyL), Ctra. Burgos km 119, Finca Zamadueñas, 47071 Valladolid, Spain. [3]Instituto de Ciencias de la Vid y del Vino (ICVV), Consejo Superior de Investigaciones Científicas - Universidad de la Rioja - Gobierno de La Rioja, Ctra. LO-20 Salida 13, Finca La Grajera, 26071 Logroño, Spain.

Grapevine trunk diseases (GTDs) are a significant threat to viticulture worldwide. Esca is one of the most destructive trunk diseases which is caused by a complex of fungal species, being the Ascomycete *Phaeomoniella chlamydospora* the most frequently isolated species from affected vines. To date, no curative measures are known for control of GTDs; therefore, planting disease-resistant cultivars is a time-tested and sustainable approach for disease control. The aim of this study was to identify sources of resistance to *P. chlamydospora* among the minority and commercial grapevine germplasm collections of the ITACyL and EVEGA in Spain. For this purpose, 15 and 41 cultivars from the ITACyL and EVEGA collections, respectively, were selected based on the visual assessment of symptom expression in standing vines over the last 3 years, and inoculated with P. chlamydospora strain BV-130 in a detached cutting assay under greenhouse conditions over two consecutive years. Seven months after inoculation, cuttings were collected and inspected for lesion length. The severity of internal wood symptoms caused by *P. chlamydospora* varied considerably amongst the cultivars. No foliar symptoms were observed during the experiment. The induction of defense gene expression in grapevine will be studied with the most susceptible and the most tolerant cultivars. Our research will help to explain why the cultivars manifested disparate tolerance to the infection caused by *P. chlamydospora.*

Área Temática: Interacción Planta-Patógeno Póster 209

Identifying sources of resistance to *Neofusicoccum parvum* in a Tempranillo germplasm collection

Carmen Berlanas, Elisa Baroja, Marcos Andrés-Sodupe, David Gramaje*

Instituto de Ciencias de la Vid y del Vino (ICVV), Consejo Superior de Investigaciones Científicas - Universidad de la Rioja - Gobierno de La Rioja, Ctra. LO-20 Salida 13, Finca La Grajera, 26071 Logroño, Spain.

Botryosphaeria dieback is a grapevine trunk disease caused by a number of Botryosphaeriaceae spp., being *Neofusicoccum parvum* the most virulent species associated with this disease. To date, no curative measures are known for control of GTDs; therefore, planting disease-resistant cultivars is a time-tested and sustainable approach for disease control. The aim of this study was to identify sources of resistance to *N. parvum* among the Tempranillo germplasm collection of the ICVV in Spain. For this purpose, 47 Tempranillo clones were selected based on the visual assessment of symptom expression in standing vines over the last 3 years, and inoculated with *N. parvum* strain BV-056 in a detached cutting assay under greenhouse conditions over two consecutive years. Five months after inoculation, cuttings were collected and inspected for lesion length. In addition, to investigate the induction of defense genes expression in grapevines, leaves from control and inoculated plants were studied at different periods after inoculation. The severity of internal wood symptoms caused by *N. parvum* varied considerably amongst the Tempranillo clones. No foliar symptoms were observed during the experiment. The most susceptible clone and the most tolerant one were selected for real-time RT PCR analysis of relative gene expression. Our research could help to explain why the clones manifested disparate tolerance to the infection caused by *N. parvum*.

Área Temática: Interacción Planta-Patógeno Póster 210

Efecto de la modificación de la proteína de la cápsida del *Virus del mosaico del nabo* en el proceso de infección viral

Carmen Yuste-Calvo, Flora Sánchez, Fernando Ponz*

Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas (UPM-INIA). INIA. Autopista M-40, km 38 28223 Pozuelo de Alarcón – Spain

Los factores, tanto virales como del huésped, implicados en el éxito de una infección viral son múltiples. En el caso de los potyvirus, la proteína de la cápsida viral (CP) no únicamente está implicada en procesos de ensamblado de los viriones, sino que se le atribuyen, al menos, funcionalidades relacionadas con el movimiento durante el proceso infectivo. En el presente trabajo se diseñaron diversos mutantes del *Virus del mosaico del nabo* (TuMV por sus siglas en inglés) basándonos en la estructura de la proteína de la cápsida y las interacciones entre subunidades para formar la partícula elongada y flexuosa. En estos mutantes se delecionan secciones del domino carboxilo de la proteína de la cápsida, evaluando la capacidad infectiva del virus y su movilidad, así como si el autoensamblado de las partículas se mantiene aun desapareciendo la infectividad.

El planteamiento de este trabajo es el de avanzar en la identificación de dominios estructurales en las proteínas virales multifuncionales, característica casi general de las proteínas codificadas por los virus de plantas.

Área Temática: Interacción Planta-Patógeno Póster 211

Explorando las vías de producción de etileno por *Monilinia* spp. en condiciones de crecimiento *in vitro*

Marta Balsells-Llauradó, Jordi Giné-Bordonaba, Carla Casals, Josep Usall, Elena Costa, Neus Teixidó y Rosario Torres*

IRTA, XaRTA-Postcollita, Edifici Fruitcentre, Parc Científic i Tecnològic Agroalimentari de Lleida (PCiTAL), 25003 Lleida.

Monilinia spp. es el agente causante de la podredumbre parda de la fruta de hueso, una de las enfermedades más importantes de estos frutales. Su desarrollo en campo depende de unas condiciones climáticas favorables, por lo que se hace necesario conocer en detalle la interacción huésped-patógeno-ambiente, dada que su epidemiologia en campo ya está descrita. Se conoce que el etileno puede actuar como un potencial factor de virulencia por algunos patógenos y que su metabolismo también depende de las condiciones de crecimiento. Aunque la biosíntesis de etileno en plantas superiores es generalmente a partir de metionina vía ácido 1-aminociclopropano-1- carboxílico (1-ACC), en microorganismos se han descrito dos vías: vía 2-keto-4-ácido metiltiobutírico (KMBA) y vía 2-oxoglutarato. A diferencia de otros fitopatógenos, en *Monilinia* spp. no se ha descrito ni la producción de etileno ni el efecto de factores abióticos en la síntesis de esta hormona. En este estudio, se evaluó la capacidad de producir etileno por *Monilinia fructicola* y *Monilinia laxa* en condiciones *in vitro* así como el efecto de la luz en este metabolismo. De esta forma, se establecerán relaciones entre la producción de esta hormona en el metabolismo de *Monilinia* spp. y se elucidará la ruta metabólica que utiliza este patógeno para la biosíntesis de etileno.

Este estudio ha sido financiado por el Ministerio de Economía, Industria y Competitividad (AGL2017- 84389-C2-1-R), por la beca predoctoral FPI-INIA de Marta Balsells Llauradó (CPD2016-0159) y por el CERCA Programme / Generalitat de Catalunya.

Área Temática: Interacción Planta-Patógeno Póster 212

Identificación de fuentes de resistencia a *Monilinia* spp. en la población interespecífica almendro (‘Texas’) × melocotonero (‘Earlygold’) mediante análisis de QTLs

Núria Baró-Montel[1], Iban Eduardo[2], Rosario Torres[1], Carla Casals[1], Neus Teixidó[1], Elena Costa[1] y Josep Usall[1*].

[1]IRTA, XaRTA-Postcollita, Edifici Fruitcentre, Parc Científic i Tecnològic Agroalimentari de Lleida (PCiTAL), Parc de Gardeny, 25003 Lleida. [2]IRTA, Centre de Recerca en Agrigenòmica CSIC-IRTA- UAB-UB, Edifici CRAG, Campus UAB, Cerdanyola del Vallès (Bellaterra), 08193 Barcelona.

La podredumbre parda causada por el género *Monilinia* es una de las enfermedades más importantes en los frutales de hueso. Actualmente, la principal estrategia para el control de la enfermedad es la aplicación de fungicidas según calendario, tanto en pre como en poscosecha. Sin embargo, los principios activos autorizados cada vez están más limitados y las exigencias legales y comerciales para la reducción son cada vez mayores. Ante esta situación, una alternativa prometedora es el desarrollo de variedades resistentes a esta enfermedad, ya que hasta el momento no se ha encontrado ninguna.

El objetivo de este estudio fue realizar un análisis de QTLs en una población BC1 interespecífica de almendro (‘Texas’) × melocotonero (‘Earlygold’). Durante dos campañas consecutivas se realizaron infecciones artificiales con *M. fructicola* en más de 100 individuos de esta población. Mediante la aplicación de un test de fenotipaje desarrollado previamente por el grupo, se evaluó la respuesta al patógeno (diámetro de podredumbre y porcentaje de infección) en individuos, con y sin herida, inoculados con una suspensión de esporas del patógeno e incubados a 20 °C y alta humedad relativa. Los datos fenotípicos revelaron importantes diferencias en la respuesta a la inoculación con *M. fructicola*. Además, varios individuos sin herida mostraron ser muy tolerantes a la podredumbre parda.

Con la información obtenida se realizó un análisis de QTLs con el software MapQTL® que permitió la identificación de *locus* asociados a caracteres agronómicos de interés. Los resultados obtenidos pueden ser aplicables en programas de mejora para desarrollar variedades más tolerantes o resistentes a *Monilinia* spp. y por lo tanto, contribuir a un control más sostenible de esta enfermedad. Esta investigación ha sido financiada por el MINECO (AGL2014-55287-C02-02), por la AGAUR (contrato predoctoral 2017FI_B1_00153 (Baró-Montel, N.)) y por el CERCA Programme / Generalitat de Catalunya.

Área Temática: Interacción Planta-Patógeno Póster 213

Fenotipado de variedades de fruta de hueso a *Monilinia* spp.: ¿qué factores se deben tener en cuenta y cómo hacerlo?

Núria Baró-Montel[1], Rosario Torres[1], Carla Casals[1], Joan Segarra[2], Victoria Llorens[1] y Josep Usall[1*].

[1]*IRTA, XaRTA-Postcollita, Edifici Fruitcentre, Parc Científic i Tecnològic Agroalimentari de Lleida, Parc de Gardeny, 25003 Lleida.* [2]*Departament de Producció Vegetal i Ciència Forestal, Universitat de Lleida, Av. Rovira Roure, 191, 25198 Lleida.*

La podredumbre parda, causada por el hongo ascomiceto *Monilinia* spp. es una de las enfermedades más importantes en los frutales de hueso. En los últimos años, la aparición de cepas resistentes a los fungicidas y el endurecimiento de las normativas de aplicación de los productos fitosanitarios han creado la necesidad de hallar nuevas estrategias de control integradas con acciones más sostenibles. En este sentido, la selección de variedades resistentes a *Monilinia* spp. se presenta como una buena aproximación. Para introducir la resistencia en programas de mejora es necesario disponer de test fiables que valoren el fenotipo resistente/susceptible. Por ello, el objetivo de este estudio fue desarrollar un test de laboratorio en el que se estudiaron diferentes variables: a) relacionadas con el fruto: homogeneización del lote de fruta, efecto de la herida y de la desinfección y b) relacionadas con el patógeno: efecto de la concentración de inóculo y de la agresividad de la cepa. Los resultados obtenidos revelaron diferencias significativas a nivel de metodología (con y sin herida) y de concentración de inóculo. El efecto de la agresividad de la cepa también se confirmó mediante la evaluación de la severidad (diámetro de podredumbre) pero no a nivel de incidencia (porcentaje de infección). Por último, el estudio realizado mostró que la desinfección de la fruta tuvo un efecto en el proceso de colonización del patógeno. Los datos obtenidos han permitido desarrollar un test de fenotipaje robusto incluyendo los factores más importantes en el proceso de detección de resistencia a *Monilinia* spp. Además, toda esta información combinada con otras herramientas como el análisis de QTLs constituirá un primer paso para comprender la base genética de la resistencia a la podredumbre parda.

Esta investigación ha sido financiada por el MINECO (AGL2014-55287-C02-02), por la AGAUR (contrato predoctoral 2017FI_B1_00153 (Baró-Montel, N.)) y por el CERCA Programme / Generalitat de Catalunya.

Área Temática: Interacción Planta-Patógeno Póster 214

Alteración de la biosíntesis de etileno en fruta de hueso por parte de *Monilinia* spp.

Núria Vall-llaura, Núria Baró-Montel, Jordi Giné-Bordonaba, Josep Usall, Neus Teixidó, Sandra Serrano-Prieto y Rosario Torres*

IRTA, XaRTA-Postcollita, Edifici Fruitcentre, Parc Científic i Tecnològic Agroalimentari de Lleida (PCiTAL), Parc de Gardeny, 25003 Lleida.

Las plantas, así como los frutos, disponen de mecanismos de defensa para prevenir y/o combatir el ataque de patógenos. El etileno es una hormona implicada en distintos procesos fisiológicos y entre ellos, se le ha atribuido un papel dual tanto en la inducción de la resistencia como en la susceptibilidad a patógenos.

El presente estudio tenía como objetivo analizar como la infección por diferentes especies de *Monilinia* (*M. laxa* y *M. fructicola*) afectan la producción de etileno por parte del melocotón en distintos estadios fenológicos, concretamente 49 y 126 después de floración máxima (DAFB). Además se determinó mediante qPCR la expresión de diferentes genes implicados en la ruta biosintética del etileno del melocotón.

Los resultados mostraron una producción diferencial de etileno en frutos infectados con las diferentes especies de *Monilinia*. Los frutos correspondientes a 49 DAFB mostraron una mayor resistencia a la infección por ambas especies de *Monilinia*, y estas diferencias se vieron correlacionas con un patrón de producción de etileno diferente entre ambos estadios. En el estadio 49 DAFB, se observó cómo tanto *M. laxa* como *M. fructicola* tienen la capacidad de inhibir la producción de etileno, hecho que podría relacionarse con la mayor resistencia a la infección observada en este estadio de crecimiento. Estos resultados no se observaron en el estadio 126 DAFB.

Además, se analizó la expresión de algunos genes específicos de la biosíntesis de etileno para detectar expresiones diferenciales entre los frutos infectados con *M. laxa* y *M. cola*. Con ello se estableció la relación entre la modulación diferencial de la biosíntesis de etileno (y consecuentemente de las defensas del melocotón) con las diferentes incidencias de infección obtenidas con los patógenos evaluados.

Esta investigación ha sido financiada por el MINECO (AGL2017-84389-C2-1-R), por la AGAUR (contrato predoctoral 2018 FI_B2 00184 (Baró-Montel, N.)) y por el CERCA Programme / Generalitat de Catalunya.

Área Temática: Interacción Planta-Patógeno Póster 215

Análisis de los cambios en la expresión de diferentes familias de pectinasas como potenciales mecanismos de virulencia en *Monilinia laxa*

Núria Vall-llaura[1], Núria Baró-Montel[1], Josep Usall[1], Silvia Rodríguez-Píres[2], Antonieta De Cal[2] y Rosario Torres[1]*.

[1]*IRTA, XaRTA-Postcollita, Edifici Fruitcentre, Parc Científic i Tecnològic Agroalimentari de Lleida (PCiTAL), Parc de Gardeny, 25003 Lleida.* [2]*Grupo de Hongos Fitopatógenos, Departamento de Protección Vegetal, Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria (INIA), Carretera de La Coruña km 7, 28040 Madrid.*

La secreción de enzimas capaces de alterar la integridad de los polisacáridos que forman parte de la pared celular del huésped es uno de los mecanismos de virulencia de los hongos necrótrofos para colonizar los tejidos. Sin embargo, escasa o nula información se ha descrito acerca de los factores de virulencia de *Monilinia* spp., y concretamente de *Monilinia laxa*, una de las principales causantes de la podredumbre parda en fruta de hueso.

Con la reciente publicación del genoma de *M. laxa* 8L (CECT 21100), en el presente trabajo se realizó una búsqueda de diferentes genes que codifican para enzimas activas sobre carbohidratos (CAZymes) en base a su homología de secuencia con el genoma de *Botrytis cinerea*, centrada en pectinasas, esenciales en la degradación de la pared celular y la posterior invasión exitosa del patógeno.

Dentro de los genes analizados en este estudio se incluyeron enzimas de la familia glucósido hidrolasas, comprendiendo las poligalacturonasas (PGs) y las RG-hidrolasas, así como carbohidrato esterasas como las pectina metil esterasas (PMEs). Los niveles de expresión génica de un total de 5 PGs, 5 hidrolasas y 3 PMEs fueron analizados después de hacer crecer el hongo en medio mínimo suplementado con diferentes fuentes de carbono (glucosa y pectina) y durante distintos tiempos de crecimiento del micelio (30 min, 2 h, 6 h, 24 h y 48 h). Los resultados mostraron expresiones diferenciales de los diferentes genes que codifican para enzimas implicadas en la degradación de la pectina, siendo la expresión de algunos de ellos dependiente de la fuente de carbono. Estos estudios *in vitro* apuntan a que ciertos genes evaluados podrían ser potenciales candidatos a factores de virulencia de *M. laxa*, implicados en el proceso de infección y colonización del fruto.

Esta investigación ha sido financiada por el MINECO (AGL2014-55287-C02-02), por la AGAUR (contrato predoctoral 2018 FI_B2 00184 (Baró-Montel, N.)) y por el CERCA Programme / Generalitat de Catalunya.

Área Temática: Interacción Planta-Patógeno Póster 216

Efecto de la localización del cultivo y el estado de madurez de la manzana sobre su resistencia a los principales patógenos postcosecha y la fisiología y bioquímica del fruto

Neus Teixidó*, Rosario Torres, Christian Larrigaudière, Gemma Echeverria, Josep Usall y Jordi Giné- Bordonaba.

IRTA, XaRTA-Postcollita, Edifici Fruitcentre, Parc Científic i Tecnològic Agroalimentari de Lleida (PCiTAL), Parc de Gardeny, 25003 Lleida.

La selección del momento óptimo de cosecha es crucial para determinar las características organolépticas del fruto y también afecta al potencial de conservación y a la susceptibilidad del fruto a los principales patógenos postcosecha (*Penicillium expansum*, *Botrytis cinerea* y *Rhizopus stolonifer*). En el presente estudio se trabajó con manzanas procedentes de 4 localizaciones (2 del valle del Ebro y 2 de cultivo de montaña) y cosechadas en la fecha óptima de recolección, y frutos recolectados en una misma finca en 5 estadios distintos de madurez. Se evaluaron los siguientes parámetros de calidad (I_{AD}, firmeza, contenido en sólidos solubles, acidez e índice de almidón) así como también la actividad de enzimas relacionadas con la ruta de síntesis del etileno (ACO y ACS), el perfil de azúcares y ácidos orgánicos, la capacidad antioxidante y la susceptibilidad a los principales patógenos postcosecha. en el momento de la cosecha y después de frigoconservación.

Los resultados obtenidos muestran que el I_{AD}, obtenido con el DA-meter, es un buen indicador del estado fisiológico de los frutos en cosecha. Las diferencias de madurez en una misma localización afectan principalmente a los parámetros cualitativos (firmeza, ratio azúcares/ácidos e índice de almidón) mientras que la localización (valle o montaña) afecta en gran medida a la fisiología y bioquímica del fruto (capacidad antioxidante, concentración de azúcares y ácidos). La relación entre el potencial de conservación y la susceptibilidad de los frutos a los principales patógenos postcosecha se discute en base a los datos bioquímicos y la fisiología de los mismos.

Esta investigación ha sido financiada por el Ministerio de Economía, Industria y Competitividad y el FEDER (RTA2015-00037-C02-01), y por el programa CERCA, Generalitat de Catalunya.

Área Temática: Interacción Planta-Patógeno Póster 217

Study of the functional domains of V2 from *Beet curly top virus* (BCTV)

Ana P. Luna*, Edgar A. Rodríguez-Negrete,+, Gabriel Morilla, Araceli G. Castillo, Eduardo R. Bejarano

Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea "La Mayora" (IHSM-UMA-CSIC), Area de Genética, Facultad de Ciencias, Universidad de Málaga, Campus de Teatinos s/n, E-29071 Málaga, Spain. + *Present address: Instituto Politécnico Nacional, CIIDIR-IPN, Unidad Sinaloa, Departamento de Biotecnología Agrícola, Blvd. Juan de Dios Bátiz Paredes No 250. Guasave, Sinaloa CP 81101, Mexico.*

+ *Present address: Instituto Politécnico Nacional, CIIDIR-IPN, Unidad Sinaloa, Departamento de Biotecnología Agrícola, Blvd. Juan de Dios Bátiz Paredes No 250. Guasave, Sinaloa CP 81101, Mexico.*

Geminiviruses constitute a group of plant viruses that infect vegetable crops all over the world. Among the *Geminiviridae* family, the genera *Mastrevirus*, *Begomovirus* and *Curtovirus* are the most abundant.

Suppression of gene silencing is a key mechanism for viral infection in plants. In begomovirus, V2 is a strong posttranscriptional gene silencing suppressor. We recently showed that, despite the lack of sequence homology with V2 from begomovirus, V2 from curtovirus *Beet curly top virus* (BCTV) is also a PTGS suppressor by impairing the RDR6/SGS3 pathway.

In order to identify the domains involved the suppression activity and viral pathogenicity, we analysed the aminoacidic sequence, performing an alignment of several begomovirus and curtovirus V2 proteins. A protein kinase C (PKC) phosphorylation motif essential for suppression activity in begomovirus (P1) was founded in a similar position in all analysed sequences. Besides, other two putative CK2 and PKC phosphorilation motifs (P2 and P3) were also predicted only in BCTV V2. We also found similar hydrophobic profiles, consisting of two hydrophobic domains (H1 and H2) followed by a long hydrophilic domain. Then we generated BCTV V2 mutant proteins in each of them and performed transient assays in *Nicotiana benthamiana* plants to test their suppression activity. We also expressed them from a Potato virus X-derived vector to check the symptoms produced. Additionally, their subcellular localization was determined. Finally, we produced BCTV viruses mutated in the different domains and *N. benthamiana* plants were infected, analysing virus levels and symptoms produced. The results showed that P1, H1 and H2 are involved in the suppression activity and viral pathogenicity.

Área Temática: Interacción Planta-Patógeno Póster 218

Estudio del papel del sistema de dos componentes GacA/GacS en la virulencia de *Pseudomonas savastanoi*

Marta Martínez-Gil[1], Diana Ramirez[2], Carla Lavado-Benito[1], Jesús Murillo[2], Cayo Ramos[1*]

[1]*Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea "La Mayora", Universidad de Málaga-CSIC, Área de Genética, Universidad de Málaga, Campus de Teatinos s/n, 29010 (Málaga);*
[2] *Instituto de Agrobiotecnología, Universidad Pública de Navarra, 31192 (Mutilva Baja).*

Pseudomonas savastanoi, bacteria fitopatógena perteneciente al complejo *Pseudomonas syringae* comprende actualmente 4 patovares causantes de enfermedades en huéspedes leñosos: pv. *savastanoi* (olivo), pv. *nerii* (adelfa), pv. *fraxini* (fresno) y pv. *retacarpa* (retama). Recientemente se ha caracterizado un nuevo patovar causante de la necrosis bacteriana en la planta ornamental dipladenia (*Mandevilla* spp.) (Caballo-Ponce, 2017, Tesis Doctoral). Trabajos previos en nuestro grupo han identificado entre otros, el sistema de secreción de tipo III (T3SS), el metabolismo del c-di-GMP y de compuestos fenólicos, así como la síntesis de fitohormonas (IAA y citoquininas), como importantes determinantes genéticos implicados en la virulencia de *P. savastanoi* NCPPB3335 (Psv). Sin embargo, aún se desconocen las potenciales interconexiones entre la regulación génica de los mismos. En este trabajo hemos estudiado el papel del sistema de dos componentes GacA/GacS en la virulencia y patogenicidad de 3 patovares de *P. savastanoi* (pv. *savastanoi*, pv. *nerii*, pv. *fraxini*) y en el aislado Ph3 de *Mandevilla* spp. Para ello hemos construido un mutante en el gen *gacA* en el que hemos llevado a cabo una caracterización fenotípica en detalle. Así mismo hemos estudiado mediante qRT- PCR el papel de GacA en la expresión de aquellos genes implicados en virulencia, previamente descritos. Actualmente estamos llevando a cabo un estudio del regulón de GacA en distintos patovares de *P. savastanoi*. Este trabajo pretende profundizar en el entendimiento de la regulación de la virulencia de *P. savastanoi* y su posible implicación en la especificidad de huésped. Este trabajo ha sido financiado por los proyectos AGL2014-53242-C2-1-R y AGL2014-53242-C2-2-R del MINECO (cofinanciados por FEDER).

Área Temática: Interacción Planta-Patógeno Póster 219

Hacia la identificación de efectores del sistema se secreción tipo III implicados en la especificidad de huésped en *Pseudomonas savastanoi*

Alba Moreno-Pérez[1], Pablo Rodríguez-Palenzuela[2], Cayo Ramos[1*]

[1]Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea «La Mayora», Universidad de Málaga-CSIC, Área de Genética, Universidad de Málaga, Campus de Teatinos s/n, 29010. [2]Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas, Universidad Politécnica de Madrid – Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria, Parque Científico y Tecnológico de la UPM, Madrid, Spain.

La especie *Pseudomonas savastanoi* pertenece al complejo *Pseudomonas syringae* e incluye bacterias fitopatógenas de gran interés agrícola y económico. Se han descrito en *P. savastanoi* cuatro patovares (pv.) aislados de huéspedes leñosos: pv. savastanoi (Psv), pv. nerii (Psn), pv. fraxini (Psf) y pv. retacarpa (Psr), aislados de olivo, adelfa, fresno y retama, respectivamente. Además, se ha identificado a *P. savastanoi* como el agente causal de la necrosis bacteriana de la dipladenia (*Mandevilla* spp.), siendo el patrón de infección de estos aislados diferente al de los patovares ya establecidos dentro de esta especie. La patogenicidad de *P. savastanoi* depende, entre otros factores, del sistema de secreción tipo III (T3SS) y de su repertorio de efectores (T3E), los cuales han sido identificados como uno de los factores más relevantes en la determinación del rango de huésped. La reciente disponibilidad de nuevas secuencias genómicas de cepas de *P. savastanoi* aisladas de diferentes huéspedes, nos ha facilitado la predicción bioinformática de los genes que codifican su T3SS y su repertorio de T3E. Esto nos ha permitido la identificación del conjunto de efectores comunes a todos los patovares de *P. savastanoi*, así como de aquellos cuya presencia/ausencia sea especifica de patovar. Por otro lado, se han realizado ensayos de patogenicidad cruzada de todas estas cepas en diferentes huéspedes de *P. savastanoi*, con el objetivo de poder relacionar las diferencias encontradas en el repertorio de T3E con su especificidad de huésped. De esta comparativa, hemos obtenido varios T3E que podrían estar implicados en el rango de huésped, y cuya expresión y análisis funcional se está analizando actualmente.

Financiación AGL2014-53242-C2-1-R (MINECO-FEDER).

Área Temática: Interacción Planta-Patógeno Póster 220

Identificación bioinformática y análisis funcional de factores de transcripción de *Pseudomonas savastanoi* potencialmente implicados en la infección de *Mandevilla* spp.

Carla Lavado-Benito[1], Marta Martínez-Gil[1], Pablo Rodríguez-Palenzuela[2,3], Cayo Ramos[1].

[1]Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea "La Mayora", Universidad de Málaga-CSIC, Área de Genética, Universidad de Málaga, Campus de Teatinos s/n, 29010 (Málaga);[2]Centro de Biotecnología y Genómica de plantas. Universidad Politécnica de Madrid (UPM)-Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria (INIA). Campus Montegancedo UPM, 28223-Pozuelo de Alarcón (Madrid); [3]Departamento de Biotecnología-Biología Vegetal, Escuela Técnica Superior de Ingeniería Agronómica, Alimentaria y de Biosistemas, UPM, 28040 (Madrid).

La bacteria fitopatógena *Pseudomonas savastanoi*, perteneciente al complejo *Pseudomonas syringae,* incluye 4 patovares aislados de diferentes plantas leñosas: pv. *savastanoi* (olivo), pv. *nerii* (adelfa), pv. *fraxini* (fresno) y pv. *retacarpa* (retama). Recientemente, se ha caracterizado en nuestro grupo un nuevo patovar causante de necrosis bacteriana en la planta ornamental dipladenia (*Mandevilla* spp.) (Caballo-Ponce, E, 2017, Tesis Doctoral). Estudios filogenéticos han demostrado la estrecha relación entre cepas del patovar *nerii* (Psn) y las aisladas de *Mandevilla* spp. (Psm), sin embargo, éstas difieren en el rango de huésped. En este trabajo hemos llevado a cabo un análisis bioinformático comparativo del repertorio de posibles factores de transcripción codificados en los genomas de la cepa Ph3 de Psm y de las cepas de Psn ICMP16943 (capaz de infectar dipladenia y adelfa) y ESC23 (infecta solamente adelfa). De la comparativa bioinformática de un total de 500 posibles factores de transcripción, se han seleccionado 9 de ellos: 3 factores exclusivos de Psm Ph3, 2 factores truncados en Psm Ph3 y 4 factores ausentes en las cepas capaces de infectar dipladenia (Psn ICMP16943 y Psm Ph3). La ausencia/presencia o el truncamiento de los genes codificadores de estos factores se ha comprobado en estas y otras cepas de *P. savastanoi* mediante técnicas de PCR y secuenciación. Actualmente estamos llevando a cabo la construcción de mutantes en los factores seleccionados para determinar su papel en la infección de dipladenia. Este trabajo pretende contribuir en el conocimiento de los determinantes genéticos implicados en la especificidad de huésped de los diversos patovares de la especie *P. savastanoi*.

Financiado AGL2014-53242-C2-1-R (MINECO, FEDER).

Área Temática: Interacción Planta-Patógeno Póster 221

Run for your life: the relationship between speed of within-host invasion and seed transmission rate in plant-virus interactions

Alberto Cobos, Marisa López-Herranz and Israel Pagán*

Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas (UPM-INIA). Campus de Montegancedo, Universidad Politécnica de Madrid, Pozuelo de Alarcón (Madrid), Spain.

More than 30% of all known plant viruses are seed transmitted. As 90% of crops are propagated by seeds, seed-transmitted viruses are a major agricultural concern. However, the genetic determinants of seed transmission are poorly understood. Viruses reach the seed by: (i) direct invasion of the embryonic tissue after fertilization and before the programmed cell death of the embryonic suspensor; and (ii) infection of ovules or pollen prior to fertilization. Hence, for seed transmission to occur it is crucial that the virus reaches plant reproductive organs before gametogenesis and/or while embryonic suspensor is still functional. Thus, virus genes involved in seed transmission would encode proteins controlling virus multiplication and movement. We have analyzed whether the level of virus multiplication and the speed of within-host invasion plays a role in the efficiency of seed transmission. To do so, we used *Cucumber mosaic virus* (CMV) and its natural host *Arabidopsis thaliana*. We conducted a time course infection experiment, in which six *A. thaliana* accessions were challenged against CMV genotypes with high and low seed transmission rates. The level of virus multiplication in plant growth and reproductive structures was monitored every two days, from inoculation at 6-leaves rosette stage to silique ripening, and seed transmission rate was estimated in the six accessions. In parallel, we compared the genomic sequences of the utilized CMV genotypes. Results indicated that faster virus movement leads to higher seed transmission, and that adaptation to this mode of transmission is linked to mutations in the CMV genome. Thus, our study provides novel information on the determinants of virus seed transmission.

Área Temática: Interacción Planta-Patógeno Póster 222

Diferentes estilos de vida de aislados del género *Plectosphaerella* en *Arabidopsis thaliana*

Antonio Muñoz-Barrios[1,2], Vanessa Fernández[1], Laura San Felipe[1,2], Sandra Díaz[1,2], Sara Sopeña[1], Pablo González-Melendi[1,2], Antonio Molina[1,2] y Soledad Sacristán[1,2*]

[1]Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas, Universidad Politécnica de Madrid (UPM) - Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria (INIA) Campus Montegancedo UPM, 28223-Pozuelo de Alarcón (Madrid), Spain. [2]Departamento de Biotecnología-Biología Vegetal, Escuela Técnica Superior de Ingeniería Agronómica, Alimentaria y de Biosistemas, UPM, 28040-Madrid, Spain.

Los hongos pueden establecer diferentes tipos de interacción con las plantas, variando desde el parasitismo hasta el mutualismo y pasando por diferentes grados de interacciones más o menos neutras basadas en el comensalismo o en el saprofitismo. Muchos hongos pueden combinar estos diferentes estilos de vida dependiendo de factores ambientales o genéticos que pueden afectar tanto al hongo como al huésped. Es importante conocer cuáles son los factores que determinan el tipo de interacción entre los hongos y las plantas para entender mejor el papel de estos microorganismos en los ecosistemas naturales y agrícolas, y poder llevar a cabo su correcto manejo, aprovechando sus virtudes y minimizando sus riesgos. El género ascomiceto *Plectosphaerella* abarca especies y cepas que crecen en ambientes muy diversos, como saprófitos o como parásitos de diferentes huéspedes animales y vegetales, entre los que está la planta modelo *Arabidopsis thaliana*. En este trabajo presentamos la caracterización fenotípica, a nivel macro y microscópico, de la interacción con *A. thaliana* de diferentes aislados patogénicos y no patogénicos procedentes o no de poblaciones naturales de *A. thaliana*. También comparamos los transcriptomas de la planta y de los diferentes aislados en los estadios iniciales de la infección. Los resultados obtenidos indican que las diferencias fenotípicas entre aislados no dependen de su huésped de origen, y sí de su capacidad de activar diferentes mecanismos moleculares que determinan el tipo de colonización e interacción que establecen con *A. thaliana*.

Área Temática: Interacción Planta-Patógeno Póster 223

Deciphering the mechanism of melon resistance to the *Cucumber mosaic virus* aggressive strain CMV-FNY

Jinqiang Yan[1], Marta Pujol[1,2] and Ana Montserrat Martín-Hernández[1,2]

[1]Centre for Research in Agricultural Genomics (CRAG) CSIC-IRTA-UAB-UB, C/ Vall Moronta, Edifici CRAG, Bellaterra (Cerdanyola del Vallès), 08193 Barcelona, Spain. [2]IRTA (Institut de Recerca i Tecnologia Agroalimentàries), Barcelona, Spain.

Cucumber mosaic virus (CMV) can infect and cause significant losses in crop production in more than 1000 plant species including Solanaceae, Cucurbitaceae and Cruciferae. The melon accession PI 161375 was reported to be resistant to most CMV strains. The major gene, cmv1, confers total resistance to CMV strains of subgroup II by preventing viral transport from the bundle sheath cells to the phloem. Resistance to subgroup I strains, like CMV-M6, requires two additional QTLs (qwcmv3.1 and qwcmv10.1) acting in cooperation with cmv1. However, some strains in subgroup I, like CMV-FNY, can still overcome the resistance conferred by three QTLs, which indicates that there is still another unknown QTL(s) playing an important role in resistance. To characterize the resistance conferred by the new QTL, different introgression lines containing QTL combinations among cmv1, qwcmv3.1 and qwcmv10.1 were generated and re-sequenced. After inoculation with CMV-FNY, melon lines with different QTL combinations showed a delay of infection with respect to the susceptible accession Piel de Sapo. Further, our results indicated that the QTLs conferring resistance to CMV-FNY act restricting the viral transport to the phloem, rather than in restricting virus transport within the phloem.

To search for the virulence determinant that allows CMV-FNY to overcome the resistance conferred by three QTLs (cmv1, qwcmv3.1 and qwcmv10.1), we are generating reassortants between FNY and M6 as well as between FNY and LS. Infection of the same set of melon lines with those reassortants will uncover the virulence determinant of CMV-FNY.

Área Temática: Interacción Planta-Patógeno Póster 224

La asociación entre un endófito del género *Rhodotorula* y algunos genotipos de olmo puede ser clave para la tolerancia a la grafiosis.

Juan Sobrino-Plata[1*], Carmen Collada[1], Juan A. Martín[1], Corné M.J. Pieterse[2], Luis Gil[1]

[1]Genética, Fisiología e Historia Forestal. Escuela Técnica Superior de Ingeniería de Montes, Forestal y del Medio Natural. Universidad Politécnica de Madrid, Ciudad Universitaria s/n, 28040, Madrid. [2]Plant-Microbe Interactions. Utrecht University, Padualaan 8, 3584 CH, Utrecht, The Netherlands.

La grafiosis del olmo, causada por el hongo *Ophiostoma novo-ulmi*, es una de las enfermedades forestales más devastadoras del último siglo. Sin embargo, existen algunos genotipos de olmo capaces de tolerar la enfermedad. Aunque hoy en día se han caracterizado algunos mecanismos implicados en esta tolerancia, aún se desconoce su base molecular. Por otro lado, se han hecho estudios que relacionan la presencia de ciertos endófitos con un mayor grado de tolerancia. En este trabajo se diseñó un experimento para observar la diferente respuesta a nivel molecular entre 2 genotipos tolerantes de olmo común (*Ulmus minor*) y 2 susceptibles, frente a la inoculación por separado del patógeno y de un hongo endófito del género *Rhodotorula*. Se sumergió la raíz en una solución de esporas de cada uno de los hongos y posteriormente se crecieron una semana conservando la esterilidad. Se analizó la expresión de 7 genes relacionados con respuestas de defensa a nivel local en la raíz. Ambos hongos produjeron una sobreexpresión en los genes de la fenilalanina amonio liasa (PAL) y de una proteína relacionada con patogénesis, PR4, siendo ésta mayor en respuesta al patógeno. Este resultado nos llevó a plantear el uso del endófito para inducir resistencia en el olmo ante una invasión de *Ophiostoma*. Se repitió el ensayo incorporando una inoculación con *Rhodotorula* previa a la del patógeno y se midió la expresión de *PAL*. Este tratamiento, en comparación con la inoculación solo del patógeno, causó una reducción de la sobrexpresión de este gen en los genotipos tolerantes frente al no efecto o al aumento de ésta en los susceptibles. Estos primeros resultados parecen indicar una relación entre la asociación de ciertos endófitos y algunos genotipos de olmo y su tolerancia a la grafiosis.

Área Temática: Interacción Planta-Patógeno Póster 225

Evaluación *in vivo* de hongos endófitos de *Ulmus minor* como agentes de biocontrol frente a la grafiosis del olmo

Clara Martínez-Arias, Juan Sobrino-Plata, Jesús Rodríguez-Calcerrada, Juan Antonio Martín

Grupo de Investigación en Genética, Fisiología e Historia Forestal. Escuela Técnica Superior de Ingenieros de Montes. Universidad Politécnica de Madrid, Madrid, 28040

Los hongos endófitos crecen de manera simbiótica en los tejidos vegetales sin causar síntomas de enfermedad. Se piensa que algunos de estos endófitos podrían otorgar tolerancia al hospedante frente a estreses bióticos y abióticos. Este ensayo se centra en evaluar el potencial de ciertos hongos endófitos para mejorar la tolerancia frente a un estrés de tipo biótico, usando el sistema biológico compuesto por el hospedante *Ulmus minor* (olmo común), su patógeno vascular *Ophiostoma novo- ulmi* (agente causal de la grafiosis del olmo) y tres hongos endófitos cultivables aislados de ramillos de olmo. Dos de estos endófitos (cepas P5 e YM11) están presentes de forma ubicua y sistémica en genotipos de *U. minor* resistentes a la enfermedad, mientras que la cepa YCB36 se encuentra de forma aislada en ramillos de olmo y muestra un fuerte antagonismo frente al patógeno *in vitro*. La flora endófita de árboles de 4 años se complementó con una suspensión de esporas de estos endófitos para posteriormente inocularlos con el patógeno *O. novo-ulmi* y evaluar su respuesta. El éxito de colonización de los endófitos se analizó a los 75 en muestras de tallo mediante qPCR usando cebadores específicos. Los resultados revelaron un incremento en la presencia de endófito en árboles inoculados con cualquiera de las cepas y confirmó el comportamiento ubicuo de los endófitos P5 e YM11. Los árboles inoculados con el hongo YCB36 mostraron un porcentaje de marchitamiento foliar significativamente menor tras la inoculación con *O. novo-ulmi* que los árboles control sin endófito; sin embargo, esta diferencia no se observó en árboles inoculados con P5 e YM11. Estos resultados muestran el posible potencial de ciertos hongos endófitos como controladores biológicos de la grafiosis del olmo.

Área Temática: Interacción Planta-Patógeno Póster 226

Evaluación de la suscepbilidad / resistencia de variedades locales del Banco de Germoplasma de Manzano de Asturias al chancro europeo (*Neonectria ditissima*)

Alvaro Delgado, Enrique Dapena*

SERIDA, Programa de Fruticultura, Carretera de Oviedo s/n, 33300, Villaviciosa, Asturias,

El chancro europeo (*Neonectria ditissima* (Tul. & C. Tul.) Samuels & Rossman) es una de las enfermedades más destructivas del manzano y peral, con notable repercusión económica en muchas zonas de producción, en especial en regiones de clima templado-húmedo. Este hongo ataca los arboles causando chancros y la muerte de brotes jóvenes, deteriorando la estructura de ramificación y disminuyendo su productividad. Se han observado diferencias de susceptibilidad al chancro europeo entre variedades y distintas especies del género *Malus* y que la mayor parte de las variedades más cultivadas son susceptibles. Asturias es una de las regiones del Arco Atlántico con mayor diversidad varietal de manzano y el Servicio Regional de Investigación y Desarrollo Agroalimentario (SERIDA) dispone de un importante Banco de Germoplasma con cerca de 800 accesiones. Se consideró conveniente evaluar el comportamiento de una población de variedades locales, incorporados en colección en el año 1998-99, para ello se utilizó una plantación colección de variedades, establecida en el año 2004 en Oles (Villaviciosa), que presenta unas condiciones edafoclimáticas favorables al desarrollo del chanco europeo del manzano. En dicha parcela se evaluó en condiciones de campo el nivel de susceptibilidad / resistencia de 397 accesiones, utilizando una escala 0-5. El nivel de incidencia media de los árboles evaluados fue de 2,19 ± 0,97. El 30% de las accesiones resultaron susceptibles o muy susceptibles, mientras que un 19% presentaron tolerancia o baja susceptibilidad.

Trabajo financiado por INIA y FEDER (proyecto RTA2014-00090-C03-01).

Área Temática: Interacción Planta-Patógeno Póster 227

Avances en el conocimiento de los mecanismos de patogenicidad y resistencia en el patosistema *Pinus* spp/*Fusarium circinatum*

Jorge Martín-García[1,2*], Joana Amaral[1], Emigdio Jordán Muñoz-Adalia[2,3], Julio Javier Diez[2,3], Glória Pinto[1], Artur Alves[1]

[1]Department of Biology, CESAM (Centre for Environmental and Marine Studies), University of Aveiro, Campus Universitario de Santiago, 3810-193 Aveiro, Portugal. [2]Sustainable Forest Management Research Institute, University of Valladolid-INIA, Avenida de Madrid 44, 34071 Palencia, Spain, [3]Department of Plant Production and Forest Resources, University of Valladolid, Avenida de Madrid 44,34071 Palencia, Spain

Actualmente los bosques europeos están expuestos a un incremento de patógenos exóticos. Entre ellos *Fusarium circinatum* es considerado uno de los más importantes afectando tanto a plántulas de pino como a masas adultas. La información referente a los mecanismos de defensa e infección en la interacción hospedante/patógeno en este patosistema es todavía muy reducida, a pesar de ser crucial en el desarrollo de una estrategia de manejo. La existencia de variabilidad interespecífica en la susceptibilidad del género *Pinus* frente a *F. circinatum* puede ser clave para dilucidar los genes implicados en el proceso de infección y defensa. En el presente trabajo se seleccionaron tres especies de pino, *P. radiata*, *P. pinaster* y *P. pinea*, con un gradiente decreciente de susceptibilidad a *F. circinatum*. Un total de 8 genes (5 del patógeno y 3 del hospedante) fueron seleccionados como genes potenciales de patogenicidad o resistencia. RT-qPCR fue utilizada para identificar expresión diferencial de dichos genes en función del grado de susceptibilidad de la especie hospedante y en dos tiempos de infección (12 y 20 días después de la inoculación de las plántulas). Los niveles de expresión génica variaron en función de la especie hospedante, observándose una correlación con su nivel de susceptibilidad a *F. circinatum*. Del mismo modo, se observó un patrón opuesto en la evolución de la expresión génica conforme avanzó el proceso de infección entre la especie más vulnerable (*P. radiata*) y la más resistente (*P. pinea*). Esto parece apuntar que la planta no sería capaz de impedir la infección, pero en el caso de especies más resistentes (*P. pinea*) podrían desarrollar mecanismos de defensa para evitar el avance de la infección una vez establecida.

Área Temática: Interacción Planta-Patógeno Póster 228

Regulación de genes de resistencia de la familia TIR-NBS-LRR mediada por miRNA/phasiRNA durante la interacción con *P. syringae*

Diego López-Márquez[1], Ángel Del-Espino Pérez[1], Nieves López-Pagan[1], Edgar A. Rodríguez- Negrete[1], Adela Zumaquero[1], Javier Ruíz-Albert[1], Ignacio Rubio-Somoza[2], Eduardo R. Bejarano[1], Carmen R. Beuzon[1*].

[1]Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea "La Mayora" (IHSM-UMA-CSIC). Departamento de Biología Celular, Genética y Fisiología. Facultad de Ciencias. Universidad de Málaga. Málaga, 29071, España. [2]Centre for Research in Agricultural Genomics (CRAG), CSIC-IRTA-UAB-UB, Campus UAB, Bellaterra, Barcelona, 08193, España.

Durante un estrés biótico, las plantas modulan la expresión de una batería de genes involucrados en la respuesta de defensa, proceso donde recientemente se ha determinado el papel esencial que desempeña el silenciamiento génico. El silenciamiento génico es un mecanismo de regulación de la expresión génica, donde destacan como principales moléculas efectoras los pequeños RNAs (sRNAs). En plantas, estos sRNAs, son clasificados en pequeños RNAs interferentes (siRNAs) o microRNAs (miRNAs), presentando tamaños similares (20-24 nt) pero difiriendo en su biogénesis y modo de acción. Los miRNAs son pequeños RNAs de cadena sencilla que actúan regulando negativamente la expresión de genes, mediante su unión al complejo RISC (Rna Induced Silencing Complex) y en una forma dependiente de secuencia. En nuestro laboratorio, mediante el análisis de datos transcriptómicos, y el uso de herramientas bioinformáticas, identificamos un miRNA* de 22 nt como potencial regulador de la expresión de genes de resistencia ("R") del tipo TIR-NBS-LRR. Posteriormente hemos validado dicha regulación y caracterizado los patrones de expresión del Pri- miRNA, miRNA*, y de un gen "R" regulado por este, en diferentes tejidos y estadios del desarrollo, así como durante la interacción con *P. syringae*. Por otro lado, hemos generado plantas transgénicas que presentan niveles alterados del miRNA* (incremento y reducción) y hemos observado que muestran fenotipos alterados de PTI y una mayor/menor colonización de *P. syringae*. Finalmente hemos identificado la producción de sRNAs (phasiRNAs) a partir del gen de resistencia, en una forma dependiente de miRNA*-RDR6-DCL4, pudiendo estos sRNAs secundarios regular otros transcritos de la misma familia de genes de resistencia.

Área Temática: Interacción Planta-Patógeno Póster 229

Susceptibilidad de variedades de manzana de sidra a la proliferación del manzano ('*Candidatus* Phytoplasma mali')

Aitor Somoano, Enrique Dapena*

Direcciones de Trabajo SERIDA, Programa de Fruticultura, Carretera de Oviedo s/n, 33300 Villaviciosa, Asturias

La proliferación del manzano es una enfermedad inducida por '*Candidatus* Phytoplasma mali', cada vez más frecuente en Asturias. La presencia de "escobas de bruja" (síntoma característico) se observa en diversos cultivares de manzana en esta región. No obstante, esta enfermedad podría afectar de forma desigual a las variedades. Para comprobarlo, se ha estudiado en 11 variedades más cultivadas en la región la incidencia, según el porcentaje de árboles afectados (*I*), y la severidad, mediante un índice infección (*IS*), atendiendo a la edad de los árboles: 4-5, 7-8, 11-18 y 23-27 años. Además. se ha evaluado la evolución de los síntomas en 6 árboles de las 22 variedades de la Denominación Protegida Sidra de Asturias (DOP) (3 arqueados, 3 sin arquear). La infección en cada árbol se ha verificado mediante qPCR al noveno año. Las variedades *Regona*, *San Roqueña*, *De la Riega* y *Solarina* han mostrado una mayor incidencia y severidad en cada franja de edad. Para el conjunto de los periodos *Regona* fue la que presentó una mayor incidencia y severidad (I = 38,54 %; IS = 25,57), mientras que *Collaos* fue la que resultó menos afectada (I = 0,33 %; IS = 0,11). Siguiendo la evolución de los síntomas en todas las variedades de la DOP, a los 5 años sólo *San Roqueña* mostraba síntomas inequívocos, mientras que a los 8 años éstos fueron visibles en el 45,5 % de las variedades. Los análisis de qPCR mostraron que todas las variedades tenían al menos un árbol infectado. *Prieta* fue la variedad con menos árboles infectados (1/6), mientras que en *Perico*, *Carrió*, *Verdialona* y *Solarina* estaban infectados todos los árboles, pese a no haber mostrado síntomas. La media de árboles arqueados infectados fue menor que la de los no arqueados (arqueados: 2,18 ± 0,85; no arqueados: 2,68 ± 0,65; $U = 156,0$; $p < 0,05$).

Trabajo financiado por INIA y FEDER (proyecto RTA2013-00097-00-00) y el SERIDA (Principado de Asturias).

Área Temática: Interacción Planta-Patógeno Póster 230

An asymptomatic plant RNA virus infection induces changes in the methylation state of host DNA by interfering with the DNA methylation/demethylation machinery

Miryam Pérez-Cañamás, Elizabeth Hevia, Carmen Hernández*

Instituto de Biología Molecular y Celular de Plantas (CSIC-UPV), Ciudad Politécnica de la Innovación, Avenida del Ingeniero Fausto Elio s/n. 46011 Valencia

DNA cytosine methylation is one of the main epigenetic mechanism in higher eukaryotes and plays a key role in regulating gene expression. In plants, cytosine methylation can occur in all sequence contexts (CG, CHG and CHH), and its levels are controlled by multiple pathways, including *de novo* methylation, maintenance methylation and demethylation. Modulation of DNA methylation represents a potentially robust mechanism to adjust gene expression following exposure to different stresses. However, the potential involvement of epigenetics in plant-virus interactions has been scarcely explored, especially with regard RNA viruses. Here, we have studied the impact of a symptomless viral infection on the epigenetic status of the host genome. More specifically, we have focused our attention on the interaction between *Nicotiana benthamiana* and *Pelargonium line pattern virus* (family *Tombusviridae*), and have analysed cytosine methylation in the repetitive genomic element corresponding to ribosomal DNA (rDNA). Through a combination of bisulfite sequencing and RT-qPCR, we have obtained data showing that PLPV infection gives rise to a reduction in methylation at CG sites of the rDNA promoter. Such reduction correlated with an increase and decrease, respectively, in the expression levels of some key demethylases and of MET1, the DNA methyltransferase responsible for the maintenance of CG methylation. Hypomethylation of rDNA promoter was associated with a five-fold increment of rRNA precursor levels. Collectively, the results suggest that PLPV infection is able to modulate host transcriptional activity through changes in the cytosine methylation pattern arising from misregulation of methyltransferases/demethylases balance.

Área Temática: Interacción Planta-Patógeno Póster 231

Genetic evidence for the involvement of Dicer-like 2 and 4 as well as Argonaute 2 in the *Nicotiana benthamiana* response against *Pelargonium line pattern virus*

Miryam Pérez-Cañamás, Elizabeth Hevia, Carmen Hernández*

Instituto de Biología Molecular y Celular de Plantas (CSIC-UPV), Ciudad Politécnica de la Innovación, Avenida del Ingeniero Fausto Elio s/n. 46011 Valencia

In plants, RNA silencing functions as a potent antiviral mechanism. Virus-derived double-stranded RNAs (dsRNAs) trigger this mechanism, being cleaved by Dicer-like (DCL) enzymes into virus small RNAs (vsRNAs). These vsRNAs guide sequence-specific RNA degradation upon their incorporation into an RNA-induced silencing complex (RISC) that contains a slicer of the Argonaute (AGO) family. Host RNA dependent-RNA polymerases, particularly RDR6, strengthen antiviral silencing by generating more dsRNA templates from RISC-cleavage products that, in turn, are converted to secondary vsRNAs by DCLs. Previous work showed that *Pelargonium line pattern virus* (PLPV) is a very efficient inducer and target of RNA silencing as infected *Nicotiana benthamiana* plants accumulate extraordinarily high amounts of vsRNAs that, strikingly, are independent of RDR6 activity. Several scenarios may explain these observations including a major contribution of dicing *versus* splicing for defence against PLPV, as the dicing step would not be affected by the RNA silencing suppressor encoded by the virus, a protein that acts via vsRNA sequestration. Taking advantage of the availability of lines of *N. benthamiana* with DCL or AGO2 functions impaired, here we have tried to get further insights into the components of the silencing machinery that are involved in anti-PLPV silencing. The results have shown that DCL4 and, to lesser extent, DCL2 contribute to restrict viral infection and that they have additive effects. Interestingly, AGO2 was also found to be a key factor in the defence against PLPV, extending the number of viruses that are affected by this particular slicer. The data support that both dicing and slicing activities participate in the host race against PLPV.

Área Temática: Interacción Planta-Patógeno Póster 232

El efector bacteriano HopZ1a acetila ZIP1 para suprimir las respuestas de defensa en *Arabidopsis*

Javier Rueda-Blanco, Jose S. Rufián, Diego Lopez-Marquez, Carmen R. Beuzón, Javier Ruiz-Albert*

Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea "La Mayora" (IHSM-UMA-CSIC). Departamento de Biología Celular, Genética y Fisiología. Facultad de Ciencias. Universidad de Málaga. Málaga, 29071

Pseudomonas syringae es un patógeno bacteriano modelo capaz de infectar y desarrollar la enfermedad en una gran variedad de plantas. Para ello, *P. syringae* utiliza un sistema de secreción de tipo III para translocar proteínas efectoras dentro del citosol de la célula vegetal, muchas de las cuales suprimen la defensa basal PTI (PAMP-*Triggered Immunity*), disparada por el reconocimiento de patrones moleculares asociados a patógenos (PAMPs). Algunos de esos efectores suprimen la ETI (*Effector-Triggered Immunity*), respuesta de defensa más específica e intensa desencadenada por el reconocimiento de efectores y cuyo resultado final es la muerte celular programada llamada HR (*Hypersensitive Response*). Además de las respuestas locales, PTI y ETI, la planta puede activar una respuesta sistémica de defensa SAR (*Systemic Acquire Resistance*) que la protege contra ataques posteriores del patógeno.

El efector HopZ1a es una acetiltransferasa perteneciente a la superfamilia de efectores YopJ, capaz de suprimir las respuestas de defensa PTI, ETI y SAR en *Arabidopsis*. De entre todas las diana descritas para este efector, ZED1 es una pseudokinasa cuya única función conocida es ser acetilada por HopZ1a, activando así a una proteína R llamada ZAR1, y desencadenando ETI. Esta función de *decoy* de ZED1, junto a la existencia de interacciones entre otros efectores de la familia YopJ con kinasas de animales, nos lleva a pensar que una kinasa pueda ser diana de HopZ1a. Nuestro trabajo identifica a la kinasa ZIP1, regulador positivo de defensa, como diana de HopZ1a. Nosotros caracterizamos su interacción y demostramos que HopZ1a acetila a ZIP1 en una lisina esencial para su función kinasa para suprimir las defensas de la planta.

Área Temática: Interacción Planta-Patógeno Póster 233

Replication of viruses in hosts different from the natural host

Carlos García-Benítez, Eva Álvarez-Medrano, Manuel G. Moreno-Pérez, Yeturu Sivaprasad, Livia Donaire, María A. Ayllón*

Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas, Universidad Politécnica de Madrid (UPM)-Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria (INIA); Departamento de Biotecnología-Biología Vegetal, Escuela Técnica Superior de Ingeniería Agronómica, Alimentaria y de Biosistemas, Madrid, Spain.

Mycoviruses or fungal viruses are widespread in fungi, and to date have been isolated from various fungi, including mushrooms, plant-pathogenic and medical fungi. The origin and evolution of mycoviruses have been explained with two main hypotheses: the ancient coevolution and the plant virus hypotheses. The plant virus hypothesis proposes that at least the plant-pathogenic fungi have acquired recently the viruses from its infected plant host. This hypothesis is based on the similarity between fungal and plant viruses with the important difference that no mycovirus encodes a movement protein and some of them not even a coat protein. Therefore, if fungal viruses have evolved from plant viruses, they have eliminated genes encoding proteins dispensable for their survival inside the fungal host. If micoviruses derive from adaptation of plant viruses to fungal hosts, as proposed by the plant virus hypothesis, could the mycovirus leave the fungal host and infect plants again? If the answer is yes, could this mycovirus create by recombination with other viruses a new plant virus? In favor of the hypothesis that plant viruses can evolve by reassortments of different genome segments from viruses infecting fungi and plants, is the discovery of the plant virus genus *Ourmiavirus*. In this work we analyzed the replication in plants of two different mycoviruses. In the first approach we have used viral RNA transcribed in vitro from an infectious clone, and in the second approach we have used viral particles of a mycovirus naturally encapsidated. The assays have been developed in protoplasts and plants of the host *Nicotiana benthamiana*. The preliminary results indicated that mycoviruses can replicate in protoplasts of *N. benthamiana*, but the replication cannot be maintained in inoculated leaves of plants of the same host. Experiments are ongoing in new hosts to analyze the role of this factor in the failure of mycoviral replication. Acknowledgments: AGL2014-62178-EXP MINECO.

Área Temática: Interacción Planta-Patógeno Póster 234

Identificación y caracterización de los circuitos de regulación por temperatura en *Pseudomonas syringae* pv. phaseolicola

Diana Ramírez[1], Leire Bardaji[1], Marta Martínez-Gil[2], Cayo Ramos[2], Jesús Murillo[1*]

[1]*Instituto de Agrobiotecnología, Universidad Pública de Navarra, 31192 (Mutilva Baja);*
[2]*Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea "La Mayora", Universidad de Málaga-CSIC, Área de Genética, Universidad de Málaga, Campus de Teatinos s/n, 29010 (Málaga)*

Diversas bacterias fitopatógenas muestran una expresión génica diferencial por temperatura, que a su vez es un factor determinante de la progresión de enfermedades de plantas. *P. syringae* pv. phaseolicola (Pph) causa la grasa de la judía y sintetiza la fitotoxina faseolotoxina a 18 ºC, pero no a
28 ºC. La regulación de la producción de faseolotoxina es compleja, y depende del sistema de reguladores globales *gacA*/*gacS*. Este sistema determina la represión postranscripcional de diversos genes mediante la acción de la proteína CsrA, que es antagonizada por los ncRNAs *rsmX*, *rsmY* y *rsmZ*. La cepa Pph 1448A contiene seis alelos de *csrA*, cinco de *rsmX* y uno de *rsmY* y *rsmZ*, lo que sugiere especialización en los circuitos reguladores. Aquí, hemos abordado la identificación y caracterización de los genes que participan en la termorregulación de la biosíntesis de faseolotoxina. Hemos procedido a la identificación del regulón de GacA/GacS a 18 y a 28 ºC mediante un análisis RNAseq, y la validación por PCR cuantitativa, de UPN1230 (*gacA*⁻) en comparación con la cepa silvestre. Adicionalmente, hemos generado mutantes simples, dobles y múltiples de los diferentes alelos de *csrA*. No hemos observado fenotipos diferenciales en vida libre o durante la interacción con plantas de los mutantes simples en cada uno de los alelos. Sin embargo, la mutación conjunta de dos de los alelos de *csrA*, pero no otras combinaciones, da lugar a deficiencias en la tasa de crecimiento en medios mínimos y complejos, deficiencia en la producción de HR en tabaco y pérdida de patogenicidad en vainas de judía, entre otros fenotipos. Estos resultados sugieren que los alelos de *csrA* muestran especialización en sus dianas de regulación, aunque también pueden actuar de manera aditiva o redundante para la regulación de determinados genes. Este trabajo ha sido financiado por los proyectos AGL2014-53242 y AGL2017-82492 del MINECO (cofinanciados por FEDER).

Área Temática: Interacción Planta-Patógeno Póster 235

El plásmido A de *Pseudomonas syringae* pv. phaseolicola 1448A, que contiene la isla de patogenicidad, no es esencial para patogénesis

Diana Ramírez, Leire Bardaji, Jesús Murillo*

Instituto de Agrobiotecnología, Universidad Pública de Navarra, 31192 (Mutilva Baja)

Muchas cepas de *Pseudomonas syringae* pv. phaseolicola (Pph) contienen plásmidos que participan en virulencia. La cepa Pph 1448A contiene dos plásmidos nativos (pA: 132 y pB: 52 kb), el mayor de los cuales contiene una isla de patogenicidad (PAI) con diversos genes de efectores. La cepa Pph RW60, derivada de 1449B por pérdida de pA, produce una respuesta hipersensible (HR) en judía en vez de síntomas de enfermedad; en la cepa silvestre, esta HR está suprimida por la acción de los efectores de la PAI de pA. Hemos abordado la curación del plásmido mayor de 1448A para evaluar su contribución al ciclo de vida de la bacteria y a la virulencia. Dada la alta estabilidad de este plásmido, y en línea con resultados previos, obtuvimos repetidamente resultados negativos utilizando técnicas clásicas de curación. Así, hemos puesto a punto una estrategia de curación que implica la inactivación funcional de determinantes de mantenimiento junto con la utilización de incompatibilidad, y que puede servir para la eliminación de plásmidos altamente estables de otras bacterias. La cepa UPN1162, curada del plásmido de 132 kb, muestra un fenotipo en vida libre similar al de la cepa silvestre, aunque una virulencia muy reducida en inoculaciones en vainas de judía, que es esperable por la pérdida de 11 genes de efectores plasmídicos. Sin embargo, al contrario que Pph RW60, no induce la producción de HR en judía cv. Canadian Wonder. Mediante secuenciación y análisis del genoma de RW60 hemos identificado tres genes de efectores diferenciales con 1448A, que estamos caracterizando funcionalmente. Nuestros resultados ofrecen una estrategia generalizada de curación de plásmidos nativos y sugieren la acumulación de mutaciones en Pph para minimizar la inducción de las respuestas de defensa de la planta. Este trabajo ha sido financiado por los proyectos AGL2014-53242- C2-2-R y AGL2017-82492-C2-2-R del MINECO (cofinanciados por FEDER).

Área Temática: Interacción Planta-Patógeno Póster 236

Caracterización de ICElands en cepas de *Pseudomonas syringae* pv. phaseolicola

Leire Bardaji, Pablo Llop, Jesús Murillo*

Instituto de Agrobiotecnología, Universidad Pública de Navarra, 31192 (Mutilva Baja)

La bacteria *Pseudomonas syringae* pv. phaseolicola (Pph) causa la grasa de la judía y se divide en al menos 9 razas. Las razas 3 y 4 se definen por la posesión del gen *avrPphB*, incluido en una isla cromosómica tipo ICEland (PPHGI-1, 106 kb) en la cepa Pph 1302A. Se ha demostrado que PPHGI-1 se inserta en una de las dos copias de $tRNA_{Lys}$ presentes en Pph, que se escinde como un episoma y que es transferible mediante transformación *in planta*. El análisis de los genomas de 43 cepas de Pph ha mostrado que 33 de ellas contienen al menos una isla similar a PPHGI-1, pero con variaciones de secuencia, contenido génico y tamaño. La filogenia de dos genes altamente conservados en las islas sugiere que estos elementos tienen un origen diverso y que se han adquirido en varios eventos independientes. Catorce de las cepas contienen dos islas insertadas en tándem, mientras que una cepa contiene tres islas en tándem. Mediante PCR en tiempo real y cuantitativa con cebadores específicos utilizando una cepa de Pph con dos islas en tándem, hemos demostrado que las islas se escinden con alta frecuencia en cultivos en medio rico. Además, hemos demostrado la escisión como episoma de cada isla por separado y de las dos islas en tándem. Seis de las islas contienen el gen *avrPphB*, y se agrupan en tres clados filogenéticos separados, indicando una frecuente adquisición de este gen por ICEs. Otra de las islas contiene el gen de efectores *avrB4*, mientras que 14 islas tienen entre 1 y 4 alelos de los genes *vrgG* y *hcp1*, asociados a sistemas de secreción de tipo VI. Este trabajo ha sido financiado por los proyectos AGL2014-53242-C2-2-R y AGL2017-82492-C2-2-R del MINECO (cofinanciados por FEDER).

Área Temática: Interacción Planta-Patógeno Póster 237

Inducción del acido salicílico y fungicida para control de la fusariosis de la espiga en trigo sobre aislados de *Fusarium graminearum* y variedad de trigo (*Triticum aestivum* L.) cultivada en Paraguay.

Alexandri Brizuela[1*], Christian Dujak[2]

[1]Facultad de Ciencias Agropecuaria, Universidad San Carlos, 6000, Filial Encarnacion, Paraguay. direccion actual; Escuela Técnica Superior de Ingeniería Agronómica, Alimentaria y de Biosistemas, Universidad Politécnica de Madrid, Ciudad Universitaria, 28040, Madrid, España.[2]Instituto Paraguayo de Tecnología Agraria, Capitán Miranda, km 16, Asunción _Paraguay. dirección actual; Centre for research in agricultural genomics, Universidad Autónoma de Barcelona, Campus, 08193, Barcelona, España.

La fusariosis de la espiga en trigo (FET), considerada como una de las enfermedades con mayor impacto negativo en la producción cerealícola, es causada por el hongo fitopatógeno *Fusarium graminearum*, productor de micotoxinas como deoxinivalenol (DON), nivalenol (NIV) entre otras, su consumo es perjudicial para la salud humana y animal. El acido salicílico se encuentra de forma natural en gran número de tejidos vegetales, el incremento de su concentración se induce cuando las plantas son sometidas a alguna clase de estrés ya sea biótico o abiótico. El enfoque de este trabajo fue el estudio de la inducción del acido salicílico (AS) y del fungicida Pyraclostrobin/Epoxyconazole para disminución de la acumulación de la micotoxina deoxinivalenol en los granos de la variedad de trigo *Canindé 11*. El diseño experimental utilizado fue de bloques completamente al azar, con 8 tratamientos y 3 repeticiones totalizando 24 unidades experimentales. Los bloques principales correspondieron a parcelas con inoculacion (A1 y A2), aislados de *Fusarium graminearum* provenientes de dos localidades Yguazú y Canindeyú y parcelas sin inoculacion. Se evaluaron tres concentraciones diferentes de acido salicílico, combinación con fungicida y tratamientos sin inoculacion. Los resultados obtenidos para ambos aislados fueron estadísticamente significativos en la disminución de la severidad del patógeno tras la aplicación de acido salicílico y fungicida, presentando dichas parcelas un incremento en el rendimiento en comparación con los tratamientos infectados con *F. graminearum*. Así mismo se observó una disminución en la acumulación de micotoxinas DON en los tratamientos combinados con fungicida.

Resúmenes de Comunicaciones en Sesión de Empresas y Transferencia

Comunicación I

New breeding technologies: a solution for plant virus resistance?

Abiopep

Abiopep S.L., Departamento de I+D, Parque Científico de Murcia, Edf. R, 2º, Ctra. de Madrid, Km 388, Complejo de Espinardo, 30100 Espinardo, Murcia, España.

Abiopep es una empresa de base tecnológica que desarrolla soluciones biotecnológicas para la mejora de la calidad y la productividad en horticultura. El trabajo de Abiopep está centrado en investigación y desarrollo de soluciones relacionadas con la sanidad vegetal, generando estrategias para la protección de cultivos.

Abiopep ha desarrollado una solución para la protección de cultivos de tomate en invernadero contra la enfermedad causada por el virus del mosaico del pepino dulce (Pepino mosaic virus, PepMV). Esta solución se basa en el fenómeno de protección cruzada inducida por la inoculación de aislados atenuados de PepMV en plántulas de tomate. Hemos denominado AbioProtect® al conjunto del producto y el servicio que se preste a los agricultores, incluyendo el asesoramiento durante el cultivo. El uso de AbioProtect® da lugar a una infección asintomática y genera una resistencia inducida que protege a las plantas contra futuras infecciones por aislados agresivos presentes en el campo.

Abiopep también está trabajando en la obtención de resistencia genética mediante escrutinios fenotípicos de líneas de tomate sometidas a mutaciones aleatorias. Así, Abiopep ha identificado una línea mutada resistente a aislados agresivos de PepMV de las dos cepas principales de este virus; la mutación responsable de este fenotipo está siendo caracterizada siguiendo una estrategia de análisis de grupos segregantes acoplada a secuenciación masiva.

Otra estrategia seguida para la búsqueda de resistencia genética está asociada a la obtención de mutaciones de pérdida de función en genes diana, entendiendo como tales genes de la planta que codifican proteínas que interaccionan con las proteínas del virus y cuya ausencia podría impedir o dificultar la replicación del mismo. En esta estrategia, Abiopep ha puesto a punto la edición génica de tomate mediante la tecnología CRISPR/Cas9 en sus instalaciones. La eficiencia de edición que Abiopep está consiguiendo para tomate con esta tecnología está entre las mejores descritas en la literatura. En colaboración con el grupo de Patología Vegetal del Centro de Edafología y Biología Aplicada del Segura (CEBAS) del CSIC, Abiopep ha obtenido plantas editadas en algunos genes de susceptibilidad a PepMV identificados por este grupo; las plantas editadas, una vez genotipadas y autofecundadas, serán evaluadas fenotípicamente para determinar la resistencia o tolerancia a este virus.

Comunicación II

Addressing the interplay of genome, environment and phenome

Sandra Cuni -IZASA-

Phenotyping enables explaining genetic and physiological functions. Future progress in crop breeding requires a new emphasis in plant physiological phenotyping for specific, well-defined traits. Regardless the technology used to modify the crop, it is necessary to quantify the success of such modification. However, still many studies give only qualitative data for phenotypic properties, while underlying biochemistry and molecular biology of course is given in a quantitative manner. High throughput phenotyping and automated trait analysis is a key feature for classical breeding, gene mapping or phene to gene approaches.

Índice de Autores

Abad-Campos, Paloma.	Póster 194
Abelleira, Adela.	Póster 104
Abelleira, Adela.	Póster 107
Abuín, María.	Póster 038
Abuín, María.	Póster 106
Achón, M. A.	Póster 190
Achón, Mari Ángeles.	Póster 087
Acosta Morel, Wilson.	Póster 181
Acosta, Wilson.	Oral 59
Adrover, Francesc.	Ponencia Invitada III
Aguado, A.	Póster 060
Aguado, A.	Póster 061
Aguado, A.	Póster 062
Agüero, Jesús.	Póster 143
Aguilar, Emmanuel.	Oral 40
Aguilar, Emmanuel.	Oral 52
Aguilar, Emmanuel.	Póster 182
Aguilar, F.W.	Póster 126
Aguilar, M.	Póster 062
Aguilar, M.	Póster 062
Aguilera, Antonio.	Póster 116
Aguín, Olga.	Póster 038
Aguín, Olga.	Póster 103
Aguín, Olga.	Póster 104
Aguín, Olga.	Póster 105
Aguín, Olga.	Póster 106
Aguín, Olga.	Póster 107
Aguín, Olga.	Póster 129
Aguirre, J.	Póster 132
Agustí-Brisach, C.	Oral 19
Agustí-Brisach, C.	Póster 026
Agustí-Brisach, C.	Póster 027
Agustí-Brisach, C.	Póster 091
Agustí-Brisach, C.	Póster 092
Agustí-Brisach, C.	Póster 093
Agustí-Brisach, C.	Póster 144
Agustí-Brisach, C.	Póster 145
Agustí-Brisach, Carlos.	Oral 04
Albacete, Alfonso.	Oral 54
Albajes, R.	Póster 190
Albert, Jan.	Póster 161
Alcaide, Cristina.	Póster 142
Alcaide, Francisco.	Oral 14
Alcaide, Francisco.	Oral 60
Alcaide, Francisco.	Póster 194
Alcázar, Sandra.	Póster 146
Alegría Macías, Rosa Amanda.	Póster 085
Alfaro-Fernández, Ana.	Póster 121
Alfaro-Fernández, Ana.	Póster 123
Alicai, Titus.	Póster 150
Alonso, Alejandro.	Póster 181
Alonso, Gonzalo Luis.	Póster 023
Alonso-Prados, José Luis.	Póster 058
Altube, A.	Póster 037
Álvarez, Belén.	Oral 32
Álvarez, Belén.	Póster 079
Álvarez, Belén.	Póster 080
Álvarez, Belén.	Póster 082
Álvarez, Belén.	Póster 127
Álvarez, Belén.	Póster 128
Álvarez, Belén.	Póster 129
Álvarez-García, Samuel.	Póster 046
Alvarez-Gila, Aitor.	Póster 113
Álvarez-Medrano, Eva.	Póster 233
Álvarez-Pérez, Jose Manuel.	Póster 029
Alves Santos, Fernando M.	Póster 064
Alves-Santos, Fernando M.	Póster 065
Alves, Artur.	Póster 227
Alves, Jair.	Póster 031
Alza Aramburu, José.	Póster 024
Alza Aramburu, José.	Póster 025
Amaral, Joana.	Póster 227
Andrade, Eugénia.	Póster 108
Andres, María Fe.	Póster 070
Andrés, Maria Fe.	Póster 196
Andrés-Sodupe, Marcos.	Póster 066
Andrés-Sodupe, Marcos.	Póster 118
Andrés-Sodupe, Marcos.	Póster 208
Andrés-Sodupe, Marcos.	Póster 209
Anta Fernández, Francisco.	Póster 181
Anta, Francisco.	Oral 59
Antón-Domínguez, Begoña Isabel.	Oral 04
Antón-Iruela, Omar.	Póster 128
Aparicio, Beatriz.	Póster 121
Aparicio, Frederic.	Oral 51
Aprile, F.	Oral 62
Aragonés, Ana.	Oral 55
Aragonés, Ana.	Póster 119
Aragonés, Ana.	Póster 161
Aranda, M.A.	Póster 140
Aranda, Miguel A.	Oral 39

Aranda, Miguel A. Póster 184
Aranda, Miguel A. Póster 185
Aranda, Miguel A. Póster 188
Aranda, Miguel A. Póster 189
Aranda, Miguel Ángel. Oral 30
Aranda, Miguel Ángel. Póster 143
Archidona-Yuste, Antonio. Oral 20
Archidona-Yuste, Antonio. Póster 086
Arias-Calderón, Rocío. Póster 034
Ariza, J.J. Póster 048
Arjona-Girona, Isabel. Oral 47
Arjona-Girona, Isabel. Póster 050
Arjona-Girona, Isabel. Póster 051
Arjona-Girona, Isabel. Póster 157
Arjona-López, Juan Manuel. Oral 27
Arjona-López, Juan Manuel. Póster 050
Arjona-López, Juan Manuel. Póster 051
Arjona-López, Juan Manuel. Póster 052
Arjona-López, Juan Manuel. Póster 110
Arjona-López, Juan Manuel. Póster 157
Armengol, Josep. Oral 18
Armengol, Josep. Póster 090
Armijos-Jaramillo, Vinicio. Oral 24
Arquero, O. Póster 027
Arquero, O. Póster 091
Arquero, Octavio. Oral 04
Arrayás, Daniel. Oral 33
Arrebola, E. Oral 64
Arribas Fernández, Ana M. Póster 064
Arroyo, Francisco T. Póster 096
Arroyo, Francisco Teodoro. Póster 033
Arroyo, Francisco Tomás. Póster 032
Arroyo, Juan Manuel. Póster 014
Arroyo-Mateos, Manuel. Oral 53
Artigues, Miquel. Póster 158
Asensio, Adrián. Póster 123
Asensio, Carmen. Póster 123
Asensio-S.-Manzanera, M. Carmen. Póster 121
Asensio-S.-Manzanera, M. Carmen. Póster 170
Asensio-S.-Manzanera, M. Carmen. Póster 171
Astacio, Juan Diego. Póster 095
Astudillo-Calderón, Sergio. Póster 006
Astudillo-Calderón, Sergio. Póster 007
Astudillo-Calderón, Sergio. Póster 008
Aussel, Laurent. Oral 48
Ávila, A. Póster 144
Ávila, Arantxa. Póster 129
Ávila, Arantxa. Póster 130
Avilés, Manuel. Póster 030
Avilés, Manuel. Póster 031
Avilés, Manuel. Póster 101
Avilés, Manuel. Póster 115
Avilés, Manuel. Póster 154
Ayala-Doñas, A. Póster 059
Ayala-Doñas, Alejandro. Póster 116
Ayllón, María A. Póster 001
Ayllón, María A. Póster 233
Badillo, Eduardo. Póster 116
Badillo-López, E. Póster 059
Badillo-López, Eduardo. Póster 124
Badosa, Esther. Póster 067
Badosa, Esther. Póster 072
Badosa, Esther. Póster 073
Badosa, Esther. Póster 206
Balsells-Llauradó, Marta. Póster 211
Baños, A. Póster 048
Barajas, Enrique. Póster 208
Barbé, S. Oral 31
Barbé, Silvia. Póster 096
Barbé, Silvia. Póster 128
Barcala, Marta. Póster 196
Barcelo, A. Póster 201
Barceló, A. Póster 199
Bardaji, Leire. Oral 08
Bardaji, Leire. Póster 234
Bardaji, Leire. Póster 235
Bardaji, Leire. Póster 236
Baró, Aina. Póster 073
Baró, Aina. Póster 206
Baró, Nuria. Póster 174
Baroja, Elisa. Póster 209
Baró-Montel, Núria. Póster 212
Baró-Montel, Núria. Póster 213
Baró-Montel, Núria. Póster 214
Baró-Montel, Núria. Póster 215
Barón, M. Oral 22
Baroncelli, Ricardo. Oral 59
Baroncelli, Riccardo. Oral 65
Barrau, Carmen. Póster 032
Barrau, Carmen. Póster 033
Barrera Pérez, Martha Isabel. Póster 085
Barriuso, J. Póster 043

Bartra, Enric. Oral 36
Bartual, Julian. Póster 049
Basallote, M. José. Póster 033
Basallote, MªJosé. Póster 032
Bascón, Juan. Póster 154
Bastin, S. Oral 31
Bastin, Saskia. Póster 171
Batlle, Assumpció. Póster 158
Batlle, Assumpció. Póster 165
Batlle, Assumpció. Póster 168
Bautista, R. Oral 22
Beidas, Omar. Ponencia Invitada III
Bejarano, Eduardo R. Oral 49
Bejarano, Eduardo R. Oral 53
Bejarano, Eduardo R. Póster 217
Bejarano, Eduardo R. Póster 228
Bejarano-Alcázar, José. Póster 034
Belles, Jose María. Oral 51
Bellón-Gómez, Davinia. Oral 02
Beltrán Anadón, Daniel. Oral 07
Beltrán, Carmen. Póster 045
Beltrán, Victoria. Póster 049
Benito, Ernesto P. Oral 65
Benito, Ernesto P. Póster 207
Bera, Sayanta. Oral 03
Berbegal, Mónica. Oral 18
Berbegal, Mónica. Oral 38
Berbegal, Mónica. Oral 55
Berbegal, Mónica. Póster 118
Berlanas, Carmen. Oral 18
Berlanas, Carmen. Oral 38
Berlanas, Carmen. Póster 066
Berlanas, Carmen. Póster 209
Bernal, Albert. Póster 204
Bernal-Vicente, Agustina. Oral 30
Bernat, Maria. Póster 159
Beroiz, Beatriz. Póster 058
Bertolini, Edson. Póster 169
Beuzón, Carmen R. Póster 228
Beuzón, Carmen R. Oral 48
Beuzón, Carmen R. Póster 232
Bielsa-Lozoya, Sandra. Póster 128
Biosca, Elena G. Póster 079
Biosca, Elena G. Póster 080
Biosca, Elena G. Póster 082
Blanca, José. Póster 053
Boberg, Johanna. Ponencia Invitada I
Bolaños, Patricia. Póster 070
Bonaterra, Anna. Póster 067
Bonaterra, Anna. Póster 072
Bonaterra, Anna. Póster 206
Bordonaba, Jordi Giné. Oral 54
Borràs, David. Ponencia Invitada III
Borrero, Celia. Póster 030
Borrero, Celia. Póster 031
Borrero, Celia. Póster 101
Borrero, Celia. Póster 115
Borrero, Celia. Póster 154
Botella, Miguel Angel. Oral 50
Botella-Guillén, Moisés. Póster 131
Botella-Guillén, Moisés. Póster 133
Brenning, Alexander. Póster 161
Brizuela, Alexandri. Póster 095
Brizuela, Alexandri. Póster 139
Brizuela, Alexandri. Póster 237
Brosseau, Chantal. Oral 52
Burgos, Lorenzo. Ponencia Invitada VI
Burgos-Inca, Yessica. Póster 083
Cabaleiro, Cristina. Oral 12
Cabaleiro, Cristina. Póster 099
Caballero, José María. Póster 077
Cabrefiga, Jordi. Póster 067
Cabrefiga, Jordi. Póster 072
Cabrefiga, Jordi. Póster 081
Cabrera, Javier. Póster 196
Cabrera, Javier. Póster 198
Caffi, Tito. Póster 077
Calha, Isabel M. Póster 180
Calvo-Garrido, Carlos. Oral 36
Camacho, María. Póster 028
Cambra, Mariano. Póster 169
Camisón, Álvaro. Oral 14
Camisón, Álvaro. Oral 60
Camisón, Álvaro. Póster 019
Camisón, Álvaro. Póster 194
Camó, Cristina. Póster 206
Campelo, Mª Piedad. Póster 046
Campo-Garnica, Aura Cristina. Póster 167
Campos-Herrera, Raquel. Ponencia Invitada II
Cano, Ana. Póster 045

Cano-Rodríguez, Juan. Póster 034
Cantalapiedra-Navarrete, Carolina. Póster 086
Cantero, Alejandro. Póster 161
Canto, Tomás. Oral 40
Canto, Tomás. Oral 52
Canto, Tomás. Póster 182
Cantoral, Jesus. Póster 136
Cañizares, Carmen. Póster 094
Cañizares, M. Carmen. Póster 074
Cañizares, M. Carmen. Oral 63
Cañizares, Joaquín. Póster 053
Capote, Nieves. Póster 095
Capote, Nieves. Póster 096
Capote, Nieves. Póster 110
Capote, Nieves. Póster 115
Capote, Nieves. Póster 139
Carbó, Anna. Póster 068
Carbonell, Alberto. Oral 25
Carbonero Muñoz, Mª Dolores. Póster 024
Carbonero Muñoz, Mª Dolores. Póster 025
Cardillo, Enrique. Póster 015
Cardillo, Enrique. Póster 017
Cardillo, Enrique. Póster 141
Carpino, Caterina. Oral 44
Carreras, María. Oral 13
Carreras, María. Póster 021
Carreras, María. Póster 022
Carrillo-Barral, Néstor. Oral 13
Carrillo-Barral, Néstor. Oral 26
Carrillo-Barral, Néstor. Póster 010
Carro-Huerga, Guzmán. Póster 046
Caruso, Paola. Póster 055
Casado del Castillo, Virginia. Oral 65
Casals, Carla. Oral 34
Casals, Carla. Póster 159
Casals, Carla. Póster 211
Casals, Carla. Póster 212
Casals, Carla. Póster 213
Casariego, Gabriel. Póster 103
Casariego, Gabriel. Póster 105
Casquero, Pedro Antonio. Póster 046
Castaño, Fco. Javier. Póster 016
Castaño, Fco. Javier. Póster 063
Castaño, Raúl. Póster 101
Castillo, Araceli G. Oral 49
Castillo, Araceli G. Póster 217
Castillo, Pablo. Oral 20
Castillo, Pablo. Póster 086
Castillo, Purificación. Póster 023
Castillo, Purificación. Póster 090
Castillo, Purificación. Póster 098
Castillo, Raquel. Póster 002
Castillo, Raquel. Póster 134
Castro, Rossana. Póster 151
Cazorla, F.M. Oral 62
Cazorla, F.M. Oral 64
Cazorla, F.M. Póster 201
Cazorla, Francisco Manuel. Póster 051
Cazorla, Francisco. Póster 195
Cazorla., Francisco M. Póster 054
Cela, Rafael. Oral 36
Cellier, Gilles. Póster 108
Cendoya, Martina. Oral 45
Cerezo, Miguel. Oral 61
Cerna-Vargas, Jean Paul. Oral 23
Chase, Ornela. Póster 192
Cherubini, Marcello. Oral 14
Chico-Ruíz, Julio. Póster 083
Chirinos, Dorys T. Póster 151
Chirivi, Daniele. Póster 191
Choi, Kiung San. Póster 182
Christou, Paul. Oral 54
Cibriain, José Félix. Oral 38
Ciuffo, Marina. Póster 193
Clemente-Orta, G. Póster 190
Clemente-Orta, Gemma. Póster 087
Cobos, Alberto. Póster 221
Cobos, Rebeca. Póster 016
Cobos, Rebeca. Póster 029
Coira, Begoña. Póster 120
Collada, Carmen. Oral 05
Collada, Carmen. Póster 120
Collada, Carmen. Póster 224
Collar, Jesús. Póster 123
Colvin, John. Póster 150
Conesa, David. Oral 45
Cooper, Christopher N. Oral 29
Coque, Juan José R. Póster 029
Cordero, Teresa. Póster 179
Cornara, Daniele. Póster 155
Corozo-Quiñónez, Liliana. Póster 084
Costa, Elena. Póster 211

Costa, Elena. Póster 212
Costas, Daniel. Póster 103
Costas, Daniel. Póster 105
Covielles, Eva. Oral 40
Cretazzo, Enrico. Oral 47
Cruz, Leonor. Póster 108
Cubero, Jaime. Póster 055
Cubero, Jaime. Póster 108
Cubero, Jaime. Póster 123
Cuenca, Beatriz. Oral 60
Cuenca, Beatriz. Póster 019
Cuenca, Beatriz. Póster 194
Cuenca-Condoy, Mercedes. Póster 124
Cuevas-Fernández, Francisco Borja. Póster 207
Cunquero, Marina. Oral 07
D'onghia, Anna Maria. Póster 108
Daddaoua, Abdelali. Oral 23
Dalmau, Vicente. Oral 45
Dapena, Enrique. Póster 168
Dapena, Enrique. Póster 226
Dapena, Enrique. Póster 229
Daranas, Núria. Póster 067
Daranas, Núria. Póster 072
Darós, José-Antonio. Oral 25
Darós, José-Antonio. Póster 179
De Andrés-Pablo, Álvaro. Póster 205
De Cal, Antonieta. Póster 134
De Cal, Antonieta. Oral 34
De Cal, Antonieta. Póster 002
De Cal, Antonieta. Póster 043
De Cal, Antonieta. Póster 173
De Cal, Antonieta. Póster 174
De Cal, Antonieta. Póster 175
De Cal, Antonieta. Póster 215
De Cara, M. Póster 059
De Cara, Miguel. Póster 095
De Cara, Miguel. Póster 116
De Cara, Miguel. Póster 139
De Dios, Francisco. Oral 60
De Francisco-De Polanco, Sofía. Póster 200
De Herralde, Felicidad. Oral 36
De la Fuente, Leonardo. Oral 06
De la Lastra, Eduardo. Póster 095
De Lastra, Eduardo. Póster 139
De León, Leandro. Póster 122
De León, Leandro. Póster 123
De los Santos, B. Póster 060
De los Santos, B. Póster 061
De los Santos, B. Póster 062
De los Santos, Berta. Póster 028
De Santiago, Ana. Póster 015
De Santiago, Ana. Póster 017
De Vicente, A. Oral 22
De Vicente, A. Oral 62
De Vicente, A. Oral 64
De Vicente, Antonio. Oral 02
De Vicente, Antonio. Póster 018
De Vicente, Antonio. Póster 054
De Vicente, Antonio. Póster 195
De Vicente, Antonio. Póster 202
Del Toro, Francisco J. Oral 52
Del Toro, Francisco Javier. Oral 40
Del Toro, Francisco Javier. Póster 182
Del-Espino Pérez, Ángel. Póster 228
Delgado, Alvaro. Póster 226
Desbiez, Cecile. Oral 28
Desprez-Loustau, Marie-Laure. Ponencia Plenaria II
Devorshak, Christina. Póster 108
Díaz Pendón, Juan Antonio. Oral 42
Díaz, Carmen Elisa. Póster 070
Díaz, José. Oral 13
Díaz, José. Oral 26
Díaz, José. Póster 010
Díaz, José. Póster 021
Díaz, José. Póster 178
Díaz, Sandra. Póster 222
Díaz-Díaz, Paula Daniela. Póster 167
Díaz-Losada, Emilia. Oral 18
Díaz-Losada, Emilia. Póster 118
Díaz-Losada, Emilia. Póster 208
Díaz-Manzano, Fernando E. Póster 196
Díaz-Manzano, Fernando E. Póster 198
Díaz-Martínez, L. Póster 140
Díaz-Mínguez, José M. Oral 65
Díaz-Mínguez, José María. Oral 59
Díaz-Mínguez, José María. Póster 181
Díaz-Pendón, Juan A. Oral 49
Díaz-Pendón, Juan Antonio. Oral 11
Diego, M. Póster 102
Diez Casero, Julio J. Póster 117
Diez Casero, Julio Javier. Oral 17
Diez, Julio. Póster 153

Diez, Julio Javier. Póster 227
Diez Navajas, Ana. Póster 113
Diez-Galán, Alba. Póster 029
Domingo, G. Póster 121
Domingo-Calap, Maria Luisa. Oral 42
Domingo-Calap, Maria Luisa. Póster 192
Domingo-Calap, María Luisa. Oral 28
Donaire, Livia. Oral 30
Donaire, Livia. Oral 39
Donaire, Livia. Oral 50
Donaire, Livia. Póster 143
Donaire, Livia. Póster 185
Donaire, Livia. Póster 233
Dorado, F. Javier. Póster 019
Dorado, F. Javier. Póster 183
Dujak, Christian. Póster 237
Echazarra, Jone. Póster 113
Echeverria, Gemma. Póster 216
Echeverría, Myriam. Oral 08
Eduardo, Iban. Póster 212
El Hussein, Adil A. Póster 149
El Siddig, Marmar A. Póster 149
Elena, Georgina. Oral 38
Elorduy, Xoan. Oral 36
Elvira-González, Laura. Oral 44
Elvira-Recuenco, Margarita. Oral 55
Elvira-Recuenco, Margarita. Póster 163
Emilov-Hristov, Hristiyan. Póster 128
Escalona, A. Póster 026
Escobar, Carolina. Póster 196
Escobar, Carolina. Póster 198
Escriu, Fernando. Póster 114
Escudero, Nuria. Oral 07
Escudero, Nuria. Póster 075
Espeso, Eduardo A. Oral 13
Espeso, Eduardo A. Póster 022
Espeso, Eduardo. Póster 173
Espeso, Eduardo. Póster 174
Espino de Paz, Ana Isabel. Póster 131
Espino de Paz, Ana Isabel. Póster 133
Espinosa, A. Póster 062
Espinosa, Mónica. Póster 129
Espinosa, Mónica. Póster 130
Estapé, Mariona. Póster 192
Esteban del Valle, Alicia. Oral 50
Esteban, Adriana. Póster 044
Esteban, Adriana. Póster 045
Esteban, Adriana. Póster 146
Esteban, Adriana. Póster 148
Esteras, Cristina. Póster 053
Esteve-Codina, Anna. Oral 49
Expósito, Alejandro. Póster 075
Falk, Bryce. Póster 193
Farrow, B. Póster 199
Fedele, Giorgia. Oral 56
Fei, Zhanjun. Oral 49
Feliu, Lidia. Póster 073
Feliu, Lídia. Póster 206
Fenoll, Carmen. Póster 196
Fenoll, Carmen. Póster 198
Fereres, Alberto. Oral 16
Fereres, Alberto. Oral 42
Fereres, Alberto. Póster 155
Fereres, Alberto. Póster 156
Fereres, Alberto. Póster 169
Fermaud, Marc. Oral 36
Fernández Rebollo, Pilar. Póster 024
Fernández Rebollo, Pilar. Póster 025
Fernández, Alberto. Póster 010
Fernandez, Diana. Ponencia Plenaria I
Fernández, Iván. Oral 05
Fernández, J.L. Póster 062
Fernández, Jesús José. Póster 010
Fernández, Nuria. Póster 178
Fernández, Pedro. Póster 045
Fernández, Vanessa. Póster 222
Fernández-Muñoz, Rafael. Póster 003
Fernández-Ortuño, Dolores. Oral 02
Fernández-Ortuño, Dolores. Póster 018
Fernández-Pavía, Patricia. Póster 124
Fernández-Plaza, M. Póster 059
Fernández-Plaza, Marta. Póster 176
Ferreiroa, Vanesa. Póster 038
Ferreiroa, Vanesa. Póster 106
Ferreiroa, Vanesa. Póster 107
Ferrer-Matoses, Amparo. Oral 45
Ferriol, Inmaculada. Oral 28
Ferriol, Inmaculada. Póster 193
Ferriol, María. Póster 053
Ferro, Camila G. Póster 152
Fiallo-Olivé, Elvira. Oral 46
Fiallo-Olivé, Elvira. Póster 149

Fiallo-Olivé, Elvira. Póster 150
Fiallo-Olivé, Elvira. Póster 151
Fiallo-Olivé, Elvira. Póster 152
Fiallo-Olivé, Elvira. Póster 197
Figàs-Segura, Àngela. Póster 079
Flores, Diego. Póster 170
Flores, Diego. Póster 171
Flors, Victor. Oral 61
Flors, Víctor. Oral 26
Flors, Víctor. Póster 178
Flors, Víctor. Póster 194
Foix, Laura. Oral 58
Font, M. Isabel. Póster 121
Font, María Isabel. Póster 123
Fortes, Isabel M. Oral 11
Fortes, Isabel M. Póster 003
Fortuño, Paola. Oral 44
Fraile, Aurora. Oral 03
Fraile, Aurora. Oral 15
Francés, Jesús. Póster 067
Francés, Jesús. Póster 072
Franco -Lara, Liliana. Póster 166
Franco -Lara, Liliana. Póster 167
Franco-Lara, Liliana. Oral 37
Franco, R. Póster 092
Freijanes, Patricia. Póster 079
Gadea, Laura. Póster 079
Galeano, M. Póster 037
Galeano, Magda. Póster 035
Galeano, Magda. Póster 036
Galipienso, Luis. Oral 44
Gallardo, Manuel A. Póster 030
Gallardo, Manuel Ángel. Póster 115
Gallo García, Yuliana M. Póster 088
Gallo García, Yuliana M. Póster 089
Gálvez, Laura. Oral 57
Gálvez, Laura. Póster 014
Gálvez, Laura. Póster 109
Gámiz, Mario. Póster 031
Garcés-Claver, Ana. Póster 041
Garcés-Fiallos, Felipe R. Póster 084
García Alonso, David. Póster 203
García Calvo, Lucio. Póster 099
García Companys, Marina. Póster 007
Garcia, Alejandra. Póster 196
García, Eva María. Póster 123
García, Juan Antonio. Ponencia Invitada VI
García, Juan de Dios. Ponencia Invitada III
García, M. Teresa. Póster 147
García, Sergi. Póster 075
García, Tania. Oral 26
García, Tania. Póster 178
García-Arenal, Fernando. Oral 03
García-Arenal, Fernando. Oral 15
García-Baracaldo, Jennifer Andrea. Oral 37
García-Barreda, Sergi. Póster 043
García-Benítez, Carlos. Póster 233
García-Berrios, Julián J. Oral 12
García-Cano, Cristina. Póster 011
García-Cano, Cristina. Póster 012
García-Gutiérrez, Sandra. Póster 128
García-Méndez, Eva María. Póster 171
García-Pedrajas, M.Dolores. Oral 63
García-Pedrajas, Mª Dolores. Póster 074
García-Pedrajas, María Dolores. Póster 094
Garita-Cambronero, Jerson. Póster 055
Garzo, Elisa. Póster 155
Garzón-Jimeno, Jose Enrique. Póster 029
Gavilan, Rosario. Oral 15
Gea, F. J. Póster 069
Gea, Francisco J. Póster 160
Ghahremani, Zahra. Oral 07
Gil, Jessica. Póster 186
Gil, Jose Maria. Oral 36
Gil, Luis. Oral 05
Gil, Luis. Póster 071
Gil, Luis. Póster 120
Gil, Luis. Póster 224
Giné, Ariadna. Póster 075
Giné-Bordonaba, Jordi. Póster 211
Giné-Bordonaba, Jordi. Póster 214
Giné-Bordonaba, Jordi. Póster 216
Giraud-Heraud, Eric. Oral 36
Glasa, Miroslav. Póster 111
Glasa, Miroslav. Póster 112
Godoy Cancho, Belén. Póster 025
Godoy, Belén. Póster 015
Godoy, Belén. Póster 017
Godoy, Belén. Póster 180
Gómez, M. Carmen. Oral 33
Gómez, P. Póster 140
Gómez, Pedro. Póster 142

Gómez-Aix, Cristina. Oral 30
Gómez-Aix, Cristina. Póster 143
Gómez-Aparicio, Lorena. Oral 33
Gómez-Gálvez, Francisco Jesús. Póster 009
Gómez-Gálvez, Francisco Jesús. Póster 013
Gómez-Garay, Arancha. Póster 006
Gómez-Garay, Arancha. Póster 007
Gómez-Garay, Arancha. Póster 008
Gómez-Guillamón, María Luisa. Póster 041
Gómez-Lama Cabanás, Carmen. Oral 09
Gómez-Lama Cabanás, Carmen. Póster 005
Gómez-Lama Cabanás, Carmen. Póster 177
Gómez-Mora, J.A. Póster 060
Gómez-Mora, J.A. Póster 061
Gómez-Vázquez, Julio Manuel. Póster 116
Gonçalves, Danilo R. Póster 117
González, Marina. Oral 60
González, Marina. Póster 194
González, Mario. Póster 056
Gonzalez, Vicente. Póster 041
González, Vicente. Póster 114
González-Campo, David. Póster 008
González-Coloma, Azucena. Póster 070
González-Díaz, Susana. Póster 127
González-Díaz, Susana. Póster 128
González-Domínguez, E. Oral 19
González-Domínguez, E. Póster 145
González-Domínguez, Elisa. Oral 18
González-Domínguez, Elisa. Oral 56
González-Domínguez, Elisa. Póster 077
González-García, Sandra. Póster 029
González-González, Francisco Javier. Póster 131
González-Gragera, E. Póster 048
González-Melendi, Pablo. Póster 222
González-Osorio, Carlos. Póster 099
Gosálvez, Blanca. Oral 39
Gosálvez, Blanca. Póster 185
Gramaje, David. Oral 18
Gramaje, David. Oral 38
Gramaje, David. Póster 066
Gramaje, David. Póster 118
Gramaje, David. Póster 208
Gramaje, David. Póster 209
Grande-Pérez, A. Póster 140
Guerra Barrena, María José. Póster 203
Guerrero, María del Mar. Póster 076
Guerri, José. Póster 125
Guijarro, Belén. Oral 34
Guijarro, Belén. Póster 002
Guillamón, E. Póster 048
Guillén Bejarano, Rafael. Póster 032
Guillén Bejarano, Rafael. Póster 033
Güler, Pakize Gök. Póster 108
Gutiérrez Barranquero, Jose Antonio. Póster 195
Gutiérrez Sánchez, Pablo A. Póster 088
Gutiérrez Sánchez, Pablo. Póster 089
Gutiérrez, Santiago. Póster 046
Gutiérrez-Barranquero, J.A. Oral 62
Gutiérrez-Martín, Elena. Póster 058
Guzmán-Benito, Irene. Oral 50
Haro, Carmen. Oral 06
Heredia Ponce, Zaira María. Póster 195
Hermosa, Rosa. Oral 10
Hernández, Carmen. Póster 230
Hernández, Carmen. Póster 231
Hernandez, Laura. Póster 161
Hernández, M. Ángeles. Póster 044
Hernández, M. Ángeles. Póster 148
Hernández, Mª Ángeles. Póster 146
Hernández-Escribano, Laura. Oral 55
Hernández-Escribano, Laura. Póster 163
Hernández-Suárez, E. Oral 31
Hernández-Suárez, Estrella. Póster 169
Hernández-Suárez, Estrella. Póster 171
Hernando, Yolanda. Oral 30
Hernando, Yolanda. Póster 143
Herraiz-Peñalver, D. Póster 069
Herranz, Yolanda. Oral 13
Herranz, Yolanda. Póster 021
Herranz, Yolanda. Póster 022
Hervàs, Alba. Póster 125
Hevia, Elizabeth. Póster 230
Hevia, Elizabeth. Póster 231
Hidalgo Fernández, Mª Teresa. Póster 024
Hidalgo Fernández, Mª Teresa. Póster 025
Hidalgo, Javier Jesús. Póster 020
Hidalgo, Juan Carlos. Póster 020
Hidalgo-Moya, Javier Jesús. Póster 009
Hidalgo-Moya, Javier Jesús. Póster 013
Hidalgo-Moya, Javier Jesús. Póster 138

Hidalgo-Moya, Juan Carlos. Póster 009
Hidalgo-Moya, Juan Carlos. Póster 013
Hidalgo-Moya, Juan Carlos. Póster 138
Hierrezuelo León, Jesús. Póster 202
Hilscher, Ulrike. Oral 34
Hinarejos, E. Póster 037
Hio, J. Póster 132
Hitoshi, N. Póster 201
Hostachy, Bruno. Póster 108
Hurtado-Rodríguez, Andrea. Oral 23
Ibáñez, Ana. Póster 029
Ince, Elen. Póster 108
Iturritxa, Eugenia. Oral 55
Iturritxa, Eugenia. Póster 119
Iturritxa, Eugenia. Póster 161
Iturritxa, Eugenia. Póster 162
Iturritxa, Eugenia. Póster 163
Jaime, Ramón. Póster 147
Jara, Alberto. Póster 076
Jaramillo Mesa, Helena. Póster 089
Jiao, Chen. Oral 49
Jiménez Araujo, Ana. Póster 032
Jiménez Araujo, Ana. Póster 033
Jiménez, Jaime. Oral 16
Jiménez-Díaz, Rafael M. Oral 06
Jiménez-Díaz, Rafael M. Póster 164
Jiménez-Ruiz, Jesús. Póster 058
Jiménez-Urbano, J.P. Póster 093
Johannes, Alexander. Póster 113
Juan, Andreu. Ponencia Invit.III
Juárez, M. Póster 140
Juárez, Miguel. Oral 30
Juárez, Miguel. Póster 142
Juárez, Miguel. Póster 143
Juárez, Miguel. Póster 189
Juárez-Escario, A. Póster 190
Karray-Bouraoui, Najoua. Póster 039
Katis, Nikolaos. Póster 111
Katis, Nikolaos. Póster 112
Keča, Nenad. Póster 172
Krell, Tino. Oral 23
Lacasa, Alfredo. Póster 044
Lacasa, Alfredo. Póster 045
Lacasa, Alfredo. Póster 148
Lacasa, Carmen M. Póster 045
Lacasa, Carmen M. Póster 148
Lacasa, Carmen María. Póster 076
Lade, Sarah B. Oral 54
Ladurner, Edith. Oral 34
Lago, Clara. Póster 042
Laidani, Meriem. Oral 38
Lalak-Kańczugowska, Justyna. Póster 186
Lalak-Kańczugowska, Justyna. Póster 187
Lamilla-Monje, Julian Rodrigo. Oral 37
Landa, Blanca B. Oral 06
Landa, Blanca B. Oral 32
Landa, Blanca B. Póster 128
Landa, Blanca B. Póster 164
Landa, Blanca B. Póster 172
Larena, Inmaculada. Oral 13
Larena, Inmaculada. Póster 002
Larena, Inmaculada. Póster 021
Larena, Inmaculada. Póster 022
Larena, Inmaculada. Póster 042
Larena, Inmaculada. Póster 043
Larena, Inmaculada. Póster 134
Larena, Inmaculada. Póster 178
Larrigaudière, Christian. Póster 216
Lavado-Benito, Carla. Póster 218
Lavado-Benito, Carla. Póster 220
Laviña, Amparo. Póster 158
Laviña, Amparo. Póster 165
Leal Murillo, José Ramón. Póster 024
Leal Murillo, José Ramón. Póster 025
Lecomte, Pascal. Oral 36
Legarda Cristobal, Garikoitz. Oral 09
Legler, Sara E. Póster 077
León, Maela. Póster 090
León-Moreno, Lorenzo. Póster 034
Lerma, María Luisa. Póster 023
Lerma, María Luisa. Póster 090
Lerma, María Luisa. Póster 098
Liébanas, Gracia. Póster 086
Llave, César. Oral 50
Llop, Pablo. Oral 08
Llop, Pablo. Póster 236
Llorens, Victoria. Póster 213
Llorente, Isidre. Oral 35
Lois, Marta. Póster 010
Lois, Marta. Póster 021
Lois, Marta. Póster 178
López Cepero, Javier. Póster 005

López Solanilla, Emilia.	Póster 200
López, Carmelo.	Oral 25
López, Carmelo.	Póster 053
López, María Milagros.	Ponencia Extraordinaria
López-Bernal, Alvaro.	Póster 040
López-Carrasco, Celia.	Póster 129
López-Carrasco, Celia.	Póster 130
López-Escudero, Fco. Javier.	Póster 056
López-Escudero, Fco. Javier.	Póster 057
López-Escudero, Fco. Javier.	Póster 074
López-González, Silvia.	Oral 01
López-Gresa, Maria Pilar.	Oral 51
López-Herranz, Marisa.	Oral 43
López-Herranz, Marisa.	Póster 221
Lopez-Herrera, C.	Póster 201
López-Herrera, Carlos José.	Oral 27
López-Herrera, Carlos José.	Póster 050
López-Herrera, Carlos José.	Póster 051
López-Herrera, Carlos José.	Póster 052
López-Herrera, Carlos José.	Póster 110
López-Herrera, Carlos José.	Póster 157
López-Herrera, Carlos.	Oral 47
López-Manzanares, Beatriz.	Póster 066
Lopez-Marquez, Diego.	Póster 232
López-Márquez, Diego.	Oral 48
López-Márquez, Diego.	Póster 228
López-Moral, A.	Póster 026
López-Moral, A.	Póster 027
López-Moral, A.	Póster 091
López-Moral, A.	Póster 092
López-Moral, Ana.	Oral 04
López-Moya, Juan José.	Oral 28
López-Moya, Juan José.	Oral 42
López-Moya, Juan José.	Póster 192
López-Pagan, Nieves.	Póster 228
López-Pagán, Nieves.	Oral 48
López-Quílez, Antonio.	Oral 45
López-Solanilla, Emilia.	Oral 23
Lorenzana, Alicia.	Póster 046
Lotos, Leonidas.	Póster 111
Lotos, Leonidas.	Póster 112
Lovera, M.	Póster 027
Lovera, M.	Póster 091
Lovera, María.	Oral 04
Loza, Pablo.	Oral 07
Lozoya-Saldaña, Héctor.	Póster 124
Luna, Ana P.	Oral 49
Luna, Ana P.	Oral 53
Luna, Ana P.	Póster 217
Luque, F.	Póster 027
Luque, N.	Póster 132
Luquero, Laura.	Póster 019
Madonado-González, María Mercedes.	Póster 066
Magan, Naresh.	Póster 068
Maio, Francesca.	Oral 53
Malagón, José.	Póster 096
Maliogka, Varvara.	Póster 111
Maliogka, Varvara.	Póster 112
Mansilla, Pedro.	Póster 038
Mansilla, Pedro.	Póster 103
Mansilla, Pedro.	Póster 104
Mansilla, Pedro.	Póster 105
Mansilla, Pedro.	Póster 106
Mansilla, Pedro.	Póster 107
Manzano, Aránzazu.	Póster 163
Manzanos, Tania.	Póster 119
Manzanos, Tania.	Póster 161
Marchena, Daniel.	Póster 042
Marchena, Daniel.	Póster 043
Marco-Noales, E.	Oral 31
Marco-Noales, Ester.	Oral 32
Marco-Noales, Ester.	Póster 096
Marco-Noales, Ester.	Póster 128
Marcos, Ismael.	Póster 010
Marín Montoya, Mauricio.	Póster 088
Marín Montoya, Mauricio.	Póster 089
Marín, Francisco.	Póster 035
Marín, José Ignacio.	Póster 139
Marín-Marín, María J.	Póster 185
Marmol, Ariadna.	Póster 016
Marmol, Ariadna.	Póster 063
Marquínez, Raquel.	Póster 123
Martín Calvarro, Luisa.	Póster 006
Martín Calvarro, Luisa.	Póster 007
Martín Calvarro, Luisa.	Póster 008
Martín Hernández, Ana Montserrat.	Oral 41
Martín, Ángela.	Oral 14
Martín, Ángela.	Oral 60
Martín, Ángela.	Póster 183
Martín, Ángela.	Póster 194

Martín, Beatriz. Póster 080
Martín, Juan A. Oral 05
Martín, Juan A. Póster 224
Martín, Juan Antonio. Póster 071
Martín, Juan Antonio. Póster 120
Martín, Juan Antonio. Póster 225
Martín, Laura. Póster 016
Martín, Laura. Póster 029
Martín, Laura. Póster 063
Martín-Alonso, Ilenia. Póster 171
Martínez, Angela. Póster 196
Martínez, Carmen. Póster 123
Martínez, Carmen. Póster 146
Martínez, Cecilia. Póster 053
Martínez, E. Póster 132
Martínez, Isabel. Póster 198
Martínez, J.A. Póster 078
Martínez, J.A. Póster 126
Martínez, M. Carmen. Póster 044
Martínez, M. Carmen. Póster 045
Martínez, M. Carmen. Póster 148
Martínez, María Carmen. Póster 076
Martinez, Victoriano. Póster 076
Martínez, Victoriano. Póster 044
Martínez, Victoriano. Póster 045
Martínez, Victoriano. Póster 148
Martínez-Álvarez, Pablo. Póster 117
Martínez-Arias, Clara. Póster 071
Martínez-Arias, Clara. Póster 225
Martínez-Cruz, J. Oral 22
Martínez-Cruz, Jesús. Póster 202
Martínez-Diz, María del Pilar. Oral 18
Martínez-Diz, María del Pilar. Póster 118
Martínez-Diz, María del Pilar. Póster 208
Martinez-Ferri, E. Póster 201
Martínez-Ferri, E. Oral 66
Martínez-Ferri, E. Póster 199
Martínez-García, Pedro Manuel. Póster 200
Martínez-Gil, Marta. Póster 218
Martínez-Gil, Marta. Póster 220
Martínez-Gil, Marta. Póster 234
Martínez-Minaya, Joaquín. Oral 45
Martínez-Pérez, Mireya. Oral 51
Martín-García, Jorge. Póster 153
Martín-García, Jorge. Póster 227
Martín-Hernández, Ana Montserrat. Póster 223
Martín-Jiménez, Ana. Póster 071
Martín-Santafé, María. Póster 043
Marzachì, Cristina. Póster 001
Matas, A. Póster 199
Matas, A. Póster 201
Mattioni, Claudia. Oral 14
Mayo-Prieto, Sara. Póster 046
McLeish, Michael. Oral 15
Medel, David. Póster 071
Medel, David. Póster 120
Mediavilla Estébanez, Pedro. Póster 065
Medina, Angel. Póster 068
Medina, J.J. Póster 060
Medina, J.J. Póster 061
Medina, Vicente. Oral 44
Medina, Vicente. Oral 54
Medina-Turienzo, Jesús Esteban. Póster 029
Melero-Vara, José María. Póster 110
Melgarejo, Paloma. Póster 002
Melgarejo, Paloma. Póster 022
Melgarejo, Paloma. Póster 042
Melgarejo, Paloma. Póster 134
Melgarejo, Paloma. Póster 173
Melgarejo, Paloma. Póster 175
Méndez-López, Eduardo. Oral 39
Méndez-López, Eduardo. Póster 184
Méndez-López, Eduardo. Póster 185
Mercado-Blanco, Jesús. Oral 09
Mercado-Blanco, Jesús. Póster 005
Mercado-Blanco, Jesús. Póster 177
Mesanza, Nebai. Oral 55
Mesanza, Nebai. Póster 161
Mesanza, Nebai. Póster 162
Mesel, Frida. Ponencia Invitada VI
Metsis, Madis. Oral 06
Michailides, Themis J. Póster 147
Millán, Ana Isabel. Póster 197
Mira, Jose Luis. Póster 049
Miranda, L. Póster 060
Miranda, L. Póster 061
Miranda-Fuentes, Pedro. Póster 047
Miras, Manuel. Póster 188
Miras, Manuel. Póster 189
Moffett, Peter. Oral 52

Mohammed, Heyam S. Póster 149
Molina, Antonio. Póster 222
Molinero-Ruiz, Leire. Póster 039
Molinero-Ruiz, Leire. Póster 040
Molinero-Ruiz, Leire. Póster 047
Mollel, Happyness G. Póster 150
Monserrat, Antonio. Póster 076
Monserrat, Antonio. Póster 146
Monte, Enrique. Oral 10
Monterde, Adela. Póster 096
Monterde, Adela. Póster 128
Montero-Pau, Javier. Póster 053
Montes Osuna, Nuria. Póster 177
Montes, Nuria. Oral 43
Montes-Borrego, Miguel. Póster 128
Montesinos, Emili. Póster 206
Montesinos, Emilio. Oral 35
Montesinos, Emilio. Oral 58
Montesinos, Emilio. Póster 067
Montesinos, Emilio. Póster 072
Montesinos, Emilio. Póster 073
Montesinos, Laura. Oral 58
Montesinos, Laura. Póster 073
Montesinos, Laura. Póster 206
Montesinos, Marina. Ponencia Invit.III
Moragrega, Concepció. Oral 35
Moral, J. Oral 19
Moral, J. Póster 026
Moral, J. Póster 145
Moral, Juan. Póster 147
Moralejo, Eduardo. Ponencia Invit.III
Morales, Gerard. Oral 35
Morán, Félix. Póster 111
Morán, Félix. Póster 112
Morate-Gutiérrez, Esther. Póster 127
Morate-Gutiérrez, Esther. Póster 128
Morcuende, David. Oral 60
Morcuende, David. Póster 194
Moreira, Ana Cristina. Póster 180
Moreno, Ana Beatriz. Oral 42
Moreno, Ana Beatriz. Póster 192
Moreno, Aranzazu. Oral 42
Moreno, Aranzazu. Póster 169
Moreno, Aránzazu. Oral 16
Moreno, Aránzazu. Póster 155
Moreno, Aránzazu. Póster 156
Moreno-Ortega, G. Oral 66
Moreno-Pérez, Alba. Póster 219
Moreno-Pérez, Manuel G. Póster 233
Moreno-Risueño, Miguel Ángel. Póster 196
Morente, Marina. Póster 155
Morilla, Gabriel. Póster 217
Moriones, Enrique. Oral 11
Moriones, Enrique. Póster 003
Moura, Luisa. Póster 104
Moyano, Cristina. Póster 122
Mulero-Aparicio, Antonio. Póster 056
Mulero-Aparicio, Antonio. Póster 057
Mulero-Aparicio, Antonio. Póster 074
Münchow, Jannes. Póster 161
Muñoz, Ramona María. Póster 023
Muñoz, Ramona María. Póster 090
Muñoz, Ramona María. Póster 098
Muñoz-Adalia, Emigdio Jordán. Póster 227
Muñoz-Barrios, Antonio. Póster 222
Murillo Zerbini, F. Póster 152
Murillo, Jesús. Oral 08
Murillo, Jesús. Póster 218
Murillo, Jesús. Póster 234
Murillo, Jesús. Póster 235
Murillo, Jesús. Póster 236
Nadal, Anna. Oral 58
Navarro, Ana. Póster 191
Navarro, Inma. Póster 128
Navarro, M.J. Póster 069
Navarro, María J. Póster 160
Navarro-Bohigues, José Antonio. Oral 01
Navas-Castillo, Jesús. Oral 46
Navas-Castillo, Jesús. Póster 149
Navas-Castillo, Jesús. Póster 150
Navas-Castillo, Jesús. Póster 151
Navas-Castillo, Jesús. Póster 152
Navas-Castillo, Jesús. Póster 197
Navas-Cortés, Juan A. Oral 06
Navas-Cortés, Juan A. Oral 20
Navas-Cortés, Juan A. Póster 164
Navas-Cortés, Juan Antonio. Póster 159
Navas-Hermosilla, Elisa. Póster 152
Navas-Hermosilla, Elisa. Póster 197
Ndunguru, Joseph. Póster 150
Nebreda-Díaz, Sandra. Póster 200
Nerva, Luca. Póster 193

Nicolás, Carlos. Oral 10
Nieto, Alicia. Ponencia Invitada III
Nieto, José. Póster 121
Nilüfer, H. Yildiz. Póster 108
Niqui Arroyo, José Luis. Oral 09
Noguera-Manzano, M. Póster 048
Nombela, Gloria. Póster 191
Novoa Bueno, María. Póster 065
Núñez, Raquel. Póster 010
Ocaña, Luís. Póster 019
Ochoa-Vigo, Felipe. Póster 131
Ochoa-Vigo, Felipe. Póster 133
Olego, Miguel Ángel. Póster 029
Oliva, Jonàs. Ponencia Invitada I
Olivares, Concepción. Póster 172
Olivares-García, Concepción. Póster 164
Oliver, N.A. Póster 199
Oliveras, Àngel. Póster 206
Olmo, Diego. Oral 32
Olmo, Diego. Ponencia Invitada III
Olmo, Rocío. Póster 196
Olmos, Antonio. Póster 111
Olmos, Antonio. Póster 112
Onofri, Andrea. Póster 154
Ontiveros, Irene. Póster 156
Ormeño, Sara M. Oral 05
Ortega, Jonatan. Póster 165
Ortiz-Barredo, Amaia. Póster 113
Ortiz-Bustos, Carmen. Póster 040
Ortolá, Beltrán. Póster 179
Osorio, J. Póster 132
Otazo-González, Cecilia. Póster 131
Otazo-González, Cecilia. Póster 133
Pacios, Luis F. Oral 01
Pagán, Israel. Oral 15
Pagán, Israel. Oral 43
Pagán, Israel. Póster 221
Palacio-Bielsa, Ana. Póster 096
Pallás, Vicente. Oral 01
Pallás, Vicente. Oral 29
Pallás, Vicente. Oral 51
Palmero, Daniel. Oral 57
Palmero, Daniel. Póster 014
Palmero, Daniel. Póster 095
Palmero, Daniel. Póster 109
Palmero, Daniel. Póster 139
Palmero, Daniel. Póster 186
Palomares-Rius, Juan E. Póster 086
Palomo, J.L. Póster 102
Palomo, José Luis. Póster 123
Palou, Lluís. Póster 049
Palou, Lluís. Póster 097
Pando, Valentín. Póster 163
Parnell, Stephen. Ponencia Plenaria IV
Parra, M. A. Póster 126
Parra, M.A. Póster 078
Pascual, Aura. Ponencia Invitada III
Passarinho, José António. Póster 180
Pastor, Victoria. Oral 26
Pastor, Victoria. Oral 61
Pastor, Victoria. Póster 178
Patten, Cheryl L. Póster 162
Pedro, Marco. Póster 043
Peláez, Adrián. Oral 15
Peña, Marco. Póster 161
Peñalver, J. Oral 31
Perdrix, Víctor. Oral 34
Perea, F. Póster 062
Pereira, Paula SÁ. Póster 108
Pérez Benito, Ernesto. Oral 59
Pérez Benito, Ernesto. Póster 181
Pérez, Celestina. Póster 141
Perez, J.L. Póster 037
Pérez, Silvia. Póster 030
Pérez, Silvia. Póster 031
Pérez, Verónica. Póster 122
Pérez-Artés, Encarnación. Oral 63
Pérez-Artés, Encarnación. Póster 074
Pérez-Artés, Encarnación. Póster 094
Pérez-Bueno, M.L. Oral 22
Pérez-Cañamás, Miryam. Póster 230
Pérez-Cañamás, Miryam. Póster 231
Pérez-Díaz, Marta. Póster 082
Pérez-Díaz, Marta. Póster 128
Pérez-García, A. Oral 22
Pérez-García, Alejandro. Oral 02
Pérez-García, Alejandro. Póster 018
Pérez-García, Alejandro. Póster 202
Pérez-Muñoz, M.C. Póster 059
Pérez-Sierra, Ana. Póster 172
Pérez-Urria Carril, Elena. Póster 006

Pérez-Urria Carril, Elena.	Póster 008
Pesqueira, Ana M.	Oral 12
Peterschmitt, Michel.	Póster 143
Picó, Belén.	Póster 053
Picon, Artzai.	Póster 113
Piedra-Aguilera, Alvaro.	Oral 49
Pieterse, Corné M.J.	Oral 05
Pieterse, Corné M.J.	Póster 224
Pina, José Antonio.	Póster 125
Pineda, M.	Oral 22
Pintado, Adrian.	Oral 61
Pintado, Ramón.	Póster 129
Pinto, Glória.	Póster 227
Pinto-Bustillos, Manuel Alejandro.	Póster 042
Pintos López, Beatriz.	Póster 006
Pintos López, Beatriz.	Póster 007
Pintos López, Beatriz.	Póster 008
Pintos, Cristina.	Póster 103
Pintos, Cristina.	Póster 105
Pintos, Cristina.	Póster 129
Piñón, Pilar.	Póster 104
Piñón, Pilar.	Póster 107
Pizarro-Tobías, Paloma.	Oral 09
Pla, Maria.	Oral 58
Pla, Sandra.	Póster 156
Planas, Marta.	Póster 073
Planas, Marta.	Póster 206
Pliego, C.	Oral 66
Pliego, C.	Póster 199
Pliego, C.	Póster 201
Pliego, F.	Póster 201
Pliego-Alfaro, F.	Póster 199
Polonio, A.	Oral 22
Ponz, Fernando.	Oral 01
Ponz, Fernando.	Póster 210
Poveda, Jorge.	Oral 10
Prado, Alicia.	Póster 107
Predajňa, Lukáš.	Póster 111
Predajňa, Lukáš.	Póster 112
Prieto, Pilar.	Oral 63
Prins, Marcel.	Oral 53
Pródanov, Marín.	Póster 042
Pujol, Marta.	Póster 223
Quesada-Moraga, Enrique.	Póster 047
Quintana-González de Chaves, María.	Póster 169
Rabadán, M.P.	Póster 140
Rafiei, Vahideh.	Póster 172
Rakhshandehroo, Farshad.	Póster 182
Ramírez, Bartolome.	Póster 076
Ramirez, Diana.	Póster 218
Ramírez, Diana.	Póster 234
Ramírez, Diana.	Póster 235
Ramos, Cayo.	Oral 08
Ramos, Cayo.	Oral 61
Ramos, Cayo.	Póster 218
Ramos, Cayo.	Póster 219
Ramos, Cayo.	Póster 220
Ramos, Cayo.	Póster 234
Rapoport, Hava F.	Póster 086
Raposo, Rosa.	Oral 55
Raposo, Rosa.	Póster 161
Raposo, Rosa.	Póster 163
Rascoe, John.	Póster 108
Raya, M.C.	Póster 091
Raya-Ortega, M.C.	Póster 092
Raya-Ortega, M.C.	Póster 093
Raya-Ortega, Mª del Carmen.	Póster 057
Raya-Ortega, Maria del Carmen.	Oral 04
Real, Nùria.	Oral 41
Recuenco, Margarita Elvira.	Póster 161
Redondo, Cristina.	Póster 108
Redondo, Cristina.	Póster 123
Redondo, Miguel Angel.	Ponencia Invitada I
Redondo, Vanesa.	Póster 103
Redondo, Vanesa.	Póster 105
Rees, Helen.	Póster 172
Rego, Rute.	Póster 104
Reis, Ailton.	Póster 100
Rial, Cristina.	Póster 129
Ritter, Enrique.	Póster 161
Rivas, Juan C.	Oral 06
Rizza, R.	Oral 31
Roca Hernández, Amalia.	Oral 09
Roca, L.	Póster 144
Roca, L.F.	Oral 19
Roca, L.F.	Póster 091
Roca, L.F.	Póster 145
Roca-Castillo, L.F.	Póster 092
Roca-Castillo, Luis Fernando.	Oral 04
Rocha Lopes, Luiz Henrique.	Póster 100

Roda, Rafael.	Póster 016
Roda, Rafael.	Póster 063
Rodríguez Arcos, Rocío.	Póster 032
Rodríguez Molina, Mª Carmen.	Póster 025
Rodriguez, Isaac.	Oral 36
Rodríguez, Jesús.	Oral 60
Rodriguez, Maria Victoria.	Póster 036
Rodriguez, María.	Póster 036
Rodríguez-Arcos, Rocío.	Póster 033
Rodríguez-Arcos, Rocío.	Póster 039
Rodríguez-Calcerrada, Jesús.	Póster 225
Rodríguez-Fernández, Natalia.	Póster 028
Rodríguez-González, Álvaro.	Póster 046
Rodríguez-Herva, José Juan.	Oral 23
Rodríguez-Herva, José Juan.	Póster 200
Rodríguez-Jurado, Dolores.	Póster 009
Rodríguez-Jurado, Dolores.	Póster 013
Rodríguez-Jurado, Dolores.	Póster 020
Rodríguez-Jurado, Dolores.	Póster 034
Rodríguez-Jurado, Dolores.	Póster 138
Rodríguez-Mallol, Carlos.	Póster 039
Rodríguez-Molina, Mª Carmen.	Póster 015
Rodríguez-Molina, Mª Carmen.	Póster 017
Rodríguez-Molina, Mª Carmen.	Póster 141
Rodríguez-Molina, María del Carmen.	Póster 203
Rodríguez-Moreno, Luis.	Oral 39
Rodríguez-Moreno, Luis.	Póster 185
Rodríguez-Negrete, Edgar A.	Póster 217
Rodríguez-Negrete, Edgar A.	Póster 228
Rodríguez-Palenzuela, Pablo.	Oral 08
Rodríguez-Palenzuela, Pablo.	Oral 23
Rodríguez-Palenzuela, Pablo.	Póster 200
Rodríguez-Palenzuela, Pablo.	Póster 219
Rodríguez-Palenzuela, Pablo.	Póster 220
Rodriguez-Pires, Silvia.	Póster 173
Rodriguez-Pires, Silvia.	Póster 174
Rodriguez-Pires, Silvia.	Póster 175
Rodríguez-Píres, Silvia.	Póster 215
Rodríguez-Romero, Manuela.	Póster 180
Rodriguez-Vaamonde, Sergio.	Póster 113
Rojas, E.	Póster 132
Roldán-Chávez, Lenin.	Póster 084
Román-Castillo, Belén.	Póster 034
Román-Écija, Miguel.	Póster 164
Romeralo Tapia, Carmen.	Oral 17
Romeralo, Carmen.	Póster 117
Romero, Diego.	Ponencia Invitada V
Romero, J.	Oral 19
Romero, J.	Póster 144
Romero, J.	Póster 145
Romero-Rodríguez, Beatriz.	Oral 49
Ros, Caridad.	Póster 044
Ros, Caridad.	Póster 045
Ros, Caridad.	Póster 148
Rosas-Díaz, Tábata.	Oral 53
Roselló, Gemma.	Póster 072
Roselló, Montserrat.	Oral 32
Roselló, Montserrat.	Póster 108
Rossi, V.	Oral 19
Rossi, V.	Póster 145
Rossi, Vittorio.	Oral 56
Rossi, Vittorio.	Póster 077
Roudet, Jean.	Oral 36
Roura, L.	Póster 037
Ruano-Rosa, David.	Oral 09
Ruano-Rosa, David.	Póster 170
Ruano-Rosa, David.	Póster 171
Ruano-Rosa, David.	Póster 208
Rubio, Luis.	Oral 44
Rubio-Somoza, Ignacio.	Póster 204
Rubio-Somoza, Ignacio.	Póster 205
Rubio-Somoza, Ignacio.	Póster 228
Rueda-Blanco, Javier.	Póster 232
Rufián, Jose S.	Póster 232
Rufián, José S.	Oral 48
Ruiz, Alicia.	Póster 036
Ruiz, Ana.	Póster 123
Ruiz, Cristina.	Oral 58
Ruiz-Albert, Javier.	Oral 48
Ruiz-Albert, Javier.	Oral 53
Ruiz-Albert, Javier.	Póster 232
Ruíz-Albert, Javier.	Póster 228
Ruiz-Ferrer, Virginia.	Ponencia Invitada IV
Ruiz-Ferrer, Virginia.	Póster 196
Ruiz-Ferrer, Virginia.	Póster 198
Ruiz-García, Ana B.	Póster 111
Ruiz-García, Ana B.	Póster 112
Ruiz-Ramón, Fabiola.	Oral 39
Ruiz-Ramón, Fabiola.	Póster 184
Ruiz-Ramón, Fabiola.	Póster 185

Ruz, Lidia. Póster 073
Sabarit, Blanca. Oral 53
Sabaté, Jordi. Póster 158
Sabaté, Jordi. Póster 165
Sabaté, Jordi. Póster 168
Sabuquillo, Pilar. Póster 055
Sabuquillo, Pilar. Póster 108
Sacristán, Soledad. Póster 222
Saenz, Daniel. Póster 161
Sáez, Cristina. Póster 053
Sagües-Sarasa, Ana. Oral 38
Sainz, M. Jesús. Póster 038
Sainz, M. Jesús. Póster 106
Salazano, María. Póster 055
Salinas, María Rosario. Póster 023
Saltos-Rezabala, Luis. Póster 084
San Felipe, Laura. Póster 222
San León, David. Ponencia Invit.VI
Sánchez Bel, Paloma. Póster 194
Sánchez, Flora. Oral 01
Sánchez, Flora. Póster 210
Sánchez, Mario. Póster 029
Sánchez, Sergio. Póster 043
Sánchez-Campos, Sonia. Oral 11
Sánchez-Colmenero, Jorge. Oral 08
Sánchez-Durán, Miguel. Oral 53
Sánchez-Gómez, Ana María. Póster 114
Sánchez-Navarro, Jesús A. Oral 29
Sánchez-Navarro, Jesus Ángel. Oral 51
Sánchez-Pina, M. Amelia. Oral 39
Sánchez-Pina, M. Amelia. Póster 184
Sánchez-Pina, Ma Amelia. Oral 30
Sánchez-Pina, María Amelia. Póster 142
Sancho, Rosa. Póster 129
Sancho, Rosa. Póster 130
Sanjuan, Susana. Póster 121
Santacruz, Fernando. Póster 130
Santamargarita, Pilar. Oral 60
Santamargarita, Pilar. Póster 194
Santamaria Cantero, Raul. Póster 064
Santamaría-Hernando, Saray. Oral 23
Santamaría-Hernando, Saray. Póster 200
Santiago, R. Póster 015
Santiago, R. Póster 017
Santiago, Yolanda. Póster 121
Santiago, Yolanda. Póster 170
Santiago, Yolanda. Póster 171
Santos, M. Póster 069
Santos-Rufo, Antonio. Póster 013
Santos-Rufo, Antonio. Póster 020
Santos-Rufo, Antonio. Póster 138
Sanz-Alférez, Soledad. Póster 191
Sanz-Martín, José M. Oral 24
Sanz-Martín, José M. Póster 207
Sardaru, Papaiah. Oral 01
Sarwar, Arslan. Póster 099
Satoko, K. Póster 201
Schratz, Patrick. Póster 161
Schwanda, Katharina. Póster 172
Segarra, Joan. Oral 54
Segarra, Joan. Póster 159
Segarra, Joan. Póster 213
Seitz, Maximiliam. Póster 113
Sampere, Raquel N. Oral 39
Sempere, Raquel N. Póster 184
Sempere, Raquel N. Póster 185
Sempere-Hernández, Andrés Pedro. Póster 011
Sempere-Hernández, Andrés Pedro. Póster 012
Sena-Vélez, Marta. Póster 055
Serrano, Luis. Oral 54
Serrano, Luis. Póster 087
Serrano-De La Hoz, Kortes. Póster 023
Serrano-Gómez, Alicia. Póster 034
Serrano-Pérez, Paula. Póster 015
Serrano-Pérez, Paula. Póster 017
Serrano-Prieto, Sandra. Póster 214
Sierra Mejía, Andrea. Póster 088
Silva, Ana Cláudia. Póster 198
Simón-Mateo, Carmen. Ponencia Invitada VI
Sivaprasad, Yeturu. Póster 233
Siverio, F. Oral 31
Siverio, Felipe. Póster 123
Siverio, Felipe. Póster 169
Siverio, Felipe. Póster 171
Smets, Tom. Oral 34
Sobrino-Plata, Juan. Oral 05
Sobrino-Plata, Juan. Póster 071
Sobrino-Plata, Juan. Póster 120
Sobrino-Plata, Juan. Póster 224
Sobrino-Plata, Juan. Póster 225

Socorro Serrano, María.	Oral 33
Soler, José.	Póster 014
Solla, Alejandro.	Oral 14
Solla, Alejandro.	Oral 60
Solla, Alejandro.	Póster 019
Solla, Alejandro.	Póster 183
Solla, Alejandro.	Póster 194
Somoano, Aitor.	Póster 168
Somoano, Aitor.	Póster 229
Sopeña, Sara.	Póster 222
Soria, C.	Póster 061
Soriano, F.	Póster 037
Sorribas, F. J.	Oral 07
Sorribas, Francisco Javier.	Póster 075
Squarzoni, Alessandra.	Póster 046
Sseruwagi, Peter.	Póster 150
Stachenko, Helena.	Póster 085
Stenlid, Jan.	Ponencia Invit.I
Stępień, Łukasz.	Póster 186
Stępień, Łukasz.	Póster 187
Suárez, M.B.	Póster 102
Suárez-Villanueva, Víctor.	Póster 046
Sukno, Serenella A.	Oral 24
Sukno, Serenella A.	Póster 207
Suzuki, Nobuhiro.	Oral 27
Taberner, Verònica.	Póster 097
Tafur García, Geovanna.	Póster 085
Talavera, Miguel.	Póster 004
Talavera, Miguel.	Póster 135
Talavera, Miguel.	Póster 136
Talavera, Miguel.	Póster 137
Talavera, Miguel.	Póster 176
Talgø, Venche.	Póster 172
Tayahi, M.	Póster 140
Tazo, Isabel.	Póster 161
Teixidó, Neus.	Oral 34
Teixidó, Neus.	Póster 068
Teixidó, Neus.	Póster 159
Teixidó, Neus.	Póster 211
Teixidó, Neus.	Póster 212
Teixidó, Neus.	Póster 214
Teixidó, Neus.	Póster 216
Tej, Rabeb.	Póster 039
Tello Mariscal, Marisa.	Póster 006
Tello Mariscal, Marisa.	Póster 007
Tena, A.	Oral 31
Tenllado, Francisco.	Oral 40
Tenllado, Francisco.	Oral 52
Tenllado, Francisco.	Póster 182
Teresani, Gabriela R.	Póster 169
Testi, Luca.	Póster 040
Testi, Luca.	Póster 164
Thiery, Denis.	Oral 36
Thon, Michael R.	Oral 24
Thon, Michael R.	Oral 65
Thon, Michael R.	Póster 207
Thon, Mike.	Oral 59
Tienda, S.	Oral 64
Tienda, Sandra.	Póster 051
Tienda, Sandra.	Póster 054
Tihomirova-Hristova, Lilyana.	Póster 127
Tihomirova-Hristova, Lilyana.	Póster 128
Tilsner, Jens.	Oral 39
Tolosa, Víctor Manuel.	Póster 023
Tolosa, Víctor Manuel.	Póster 090
Tolosa, Víctor Manuel.	Póster 098
Torés, Juan A.	Oral 02
Torés, Juan Antonio.	Póster 018
Toro Fernández, Luisa Fernanda.	Póster 089
Torre, Covadonga.	Póster 143
Torres, Rosario.	Oral 34
Torres, Rosario.	Póster 068
Torres, Rosario.	Póster 159
Torres, Rosario.	Póster 174
Torres, Rosario.	Póster 211
Torres, Rosario.	Póster 212
Torres, Rosario.	Póster 213
Torres, Rosario.	Póster 214
Torres, Rosario.	Póster 215
Torres, Rosario.	Póster 216
Trapero, A.	Oral 19
Trapero, A.	Póster 026
Trapero, A.	Póster 027
Trapero, A.	Póster 091
Trapero, A.	Póster 092
Trapero, A.	Póster 093
Trapero, A.	Póster 144
Trapero, A.	Póster 145
Trapero, Antonio.	Oral 04
Trapero, Antonio.	Póster 056
Trapero, Antonio.	Póster 057
Trapero, Antonio.	Póster 074

Trapero, C. Póster 091
Trapero, C. Póster 144
Trenas, Almudena T. Póster 094
Triviño, Juan Carlos. Oral 09
Truniger, Veronica. Póster 188
Tubio, Miguel. Oral 36
Turina, Massimo. Póster 001
Turina, Massimo. Póster 193
Uceta-Gamaza, Alejandro F. Oral 53
Urbano, Alejandro. Ponencia Invit.III
Urbino, Cica. Póster 143
Urrutia, María Teresa. Oral 32
Usall, Josep. Oral 34
Usall, Josep. Póster 068
Usall, Josep. Póster 159
Usall, Josep. Póster 174
Usall, Josep. Póster 211
Usall, Josep. Póster 212
Usall, Josep. Póster 213
Usall, Josep. Póster 214
Usall, Josep. Póster 215
Usall, Josep. Póster 216
Vacas, Rubén. Póster 170
Vacas, Rubén. Póster 171
Vallino, Marta. Póster 193
Vall-llaura, Nuria. Póster 174
Vall-llaura, Núria. Póster 214
Vall-llaura, Núria. Póster 215
Valls, Marc. Oral 21
Valverde-Corredor, Antonio. Oral 09
Valverde-Corredor, Antonio. Póster 005
Valverde-Corredor, Antonio. Póster 177
Van den Berg, N. Póster 199
Van den Burg, Harrold A. Oral 53
Van Der Linde, Sietse. Póster 172
Van Kan, Jan. Oral 26
Van Kan, Jan. Oral 59
Vázquez Pardo, Francisco María. Póster 203
Vega, Victorino. Póster 020
Vega-Macías, Victorino. Póster 009
Vega-Macías, Victorino. Póster 013
Vega-Macías, Victorino. Póster 138
Vela-Delgado, Maria Dolores. Póster 136
Velasco, Leonardo. Oral 47
Velázquez, Karelia. Póster 125
Veloso, Javier. Oral 26
Veloso, Javier. Póster 178
Vera, L. Póster 037
Vera, N. Póster 037
Vera-Urbina, Juan Carlos. Póster 011
Vera-Urbina, Juan Carlos. Póster 012
Verdejo Lucas, Soledad. Póster 176
Verdejo-Lucas, Soledad. Póster 004
Verdejo-Lucas, Soledad. Póster 135
Verdejo-Lucas, Soledad. Póster 136
Verdejo-Lucas, Soledad. Póster 137
Vergara, J. Póster 132
Vicedo, Begonya. Póster 079
Vicent, Antonio. Oral 45
Vicent, Antonio. Póster 049
Vida, C. Oral 64
Vida, Carmen. Póster 054
Vielba-Fernández, Alejandra. Oral 02
Vielba-Fernández, Alejandra. Póster 018
Vilajeliu, Marià. Póster 081
Vilardell, Pere. Póster 081
Viles, Anna María. Póster 122
Villanueva, Francisco. Oral 49
Villaolmillos Abarquero, Celia. Póster 064
Villar, Breogán. Póster 010
Villarino, Maria. Póster 134
Villarino, María. Oral 13
Villar-Martin, Luis. Póster 204
Villar-Martín, Luis. Póster 205
Vioque, A. Póster 026
Vives, Mª Carmen. Póster 125
Walker, Gregory. Oral 16
Wang, Nian. Ponencia Plenaria III
Waśkiewicz, Agnieszka. Póster 187
Wiegand, Thorsten. Oral 20
Wierzbicki, Andrzej T. Oral 50
Wingfield, Brenda. Póster 153
Witaszak, Natalia. Póster 187
Xaviér, C. Póster 026
Yan, Jinqiang. Póster 223
Yaseen, Thaer. Póster 108
Yuste-Calvo, Carmen. Póster 210
Zamora, Cristina. Póster 117
Zamora-Ballesteros, Cristina. Póster 153
Zhao, Mingmin. Ponencia Invitada VI
Zhou-Tsang, Andrés. Póster 128

Zumaquero, A.	Oral 66
Zumaquero, A.	Póster 199
Zumaquero, A.	Póster 201
Zumaquero, Adela.	Póster 228

Adenda

Sistemas antioxidantes en *Vitis vinifera* en respuesta a la "yesca"

Garrido I[1], Ortega A[2], Del Moral-Martínez J[3], Del Moral de la Vega J[3], Espinosa F[1]

[1] Grupo de Investigación de Fisiología y Biología Celular y Molecular de Plantas, Universidad de Extremadura, Campus Av. Elvas s/n, 06071 Badajoz, Spain
[2] Departamento de Fisiología Vegetal, Universidad de Castilla-La Mancha, Av. Carlos III s/n, 45071, Spain
[3] Grupo de Investigación del Área de Recursos Naturales y Medio Ambiente de la Junta de Extremadura, CICYTEX, 06187 Guadajira (Badajoz)

Las vides afectadas por la "yesca" muestran alteraciones fisiológicas y bioquímicas tanto a nivel de planta como de uvas, afectando a la calidad final del vino, produciéndose en los mismos modificaciones en la composición fenólica y otros compuestos con atribuciones de valor sensorial, lo que influye en las características nutricionales y organolépticas del vino.
Hemos iniciado el estudio del estrés oxidativo y la respuesta antioxidante inducida por el ataque de los hongos responsables de la yesca en *Vitis vinífera*. Para ello, hemos evaluado una serie de parámetros indicativos tanto del desarrollo de un estrés oxidativo como del estado fisiológico de la planta. Se han recolectado hojas y uvas (en cosecha) de cepas sanas y otras ya infectadas, con claros sintomas del desarrollo de la enfermedad. En primer lugar, en hojas se observa una fuerte disminución del contenido en clorofilas a y b, y carotenoides en las hojas infectadas. Sin embargo, no se observan alteraciones en cuanto al contenido en compuestos fenólicos totales, ni flavonoides ni fenilpropanoides glicósidos, no estando tampoco afectada la actividad polifenoloxidasa. Los niveles de peroxidación de lípidos de membrana son similares a los control. Las hojas infectadas tienen menor capacidad antioxidante total, con una fuerte disminución de los componentes del ciclo del ascorbato/glutatión; así los niveles totales de ascorbato y dehidroascorbato son muy inferiores a los control, mientras que no se detecta glutatión reducido. El contenido en prolina en hojas infectadas es muy superior a los de hojas control. Las uvas cosechadas de cepas infectadas muestran menor contenido en compuestos fenólicos, con menor actividad polifenoloxidasa, menor contenido en prolina, y menor cantidad total de ascorbato y dehidroascorbato, todo ello lleva a una disminución de la capacidad antioxidante total. Los resultados parecen indicar una alteración en los niveles de compuestos antioxidantes inducida por la "yesca".

Agradecimientos: Este trabajo ha sido posible gracias a la Junta de Extremadura/FEDER por la Ayuda al Grupo de Investigación FBCMP.

PRIMERA DETECCIÓN DE *SCLEROTINIA SCLEROTIORUM* SOBRE ROMERO (*ROSMARINUS OFFICINALIS*) EN ESPAÑA

Roca, L.F., Raya, M.C., Trapero, A.

Dpto. Agronomía (Patología Agroforestal), Universidad de Córdoba. Campus de Rabanales, Edificio C-4, 14071, Córdoba. E-mail: trapero@uco.es

El romero (*Rosmarinus officinalis*) es una planta típicamente mediterránea, utilizada como ornamental y con usos culinarios. En marzo de 2018 se recibieron en el Servicio de Diagnóstico del Grupo de Patología Agroforestal de la Universidad de Córdoba, plantas de romero (*Rosmarinus officinalis*) procedentes de cultivo, con síntomas de marchitamiento foliar y necrosis de tallos. Se pusieron tallos sintomáticos en cámara húmeda y se realizaron aislamientos en PDA. Se aisló consistentemente un hongo que fue identificado como *Sclerotinia sclerotiorum*. En medio de cultivo se observaron los esclerocios característicos de la especie. Se procedió a su identificación molecular mediante secuenciación de la región ITS. Se comprobó la patogenicidad mediante inoculación de plantas de romero de 3 meses de edad en condiciones controladas. El inóculo se produjo mediante colocación de palillos de madera estériles en placas de PDA con micelio en crecimiento activo. Una vez colonizados los palillos por el hongo se procedió a clavar dichos palillos en los tallos de la planta, produciendo heridas de unos 3 mm de profundidad y a 1 cm de la superficie del sustrato. Las plantas inoculadas mostraron lesiones necróticas extensas en la zona de inoculación y marchitez de las ramas inoculadas. Hasta el momento y según el conocimiento de los autores, esta parece ser la primera cita de este patógeno fúngico afectando a esta especie vegetal en España.

SOCIEDAD ESPAÑOLA DE FITOPATOLOGÍA (SEF)

Dpto. de Protección Vegetal, Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria (INIA). Ctra. de La Coruña Km 7,5, Madrid-28040.

Teléfono: 913 364 532 / 918 373 112

sef@sef.es // www.sef.es

Socios protectores de la SEF:

aida

BELCHIM Crop Protection

CITROSOL ADVANCED POSTHARVEST SOLUTIONS

ENZA ZADEN

fedisprove

nbt new bio technic

BASF We create chemistry

RIJK ZWAAN

Coordinadores de la revista:

Juan A. Navas-Cortés/ Nieves Capote Maínez

Colaboradores de este número:

Asistentes al XIX Congreso de la Sociedad Española de Fitopatología

Miembros del Comité Organizador:

Presidenta: Carolina Escobar

Vicepresidente: Jaime Cubero

Secretario: César Llave

Tesorera: María Ángeles Ayllón

Vocales: Maria Fé Andrés
Rosa Raposo
Javier Cabrera
Carmen Fenoll

Miembros del Comité Científico:

Miembros del Comité Organizador y miembros de la Junta directiva de la SEF.

Miembros de la Junta directiva de la SEF:

Presidente: Vicente Pallás
Vicepresidente: Jaime Cubero
Secretaria: Carolina Escobar
Tesorero: Francisco Cazorla

Vocales: Jesús Ángel Sánchez-Navarro; Juan Antonio Navas-Cortés; Inmaculada Viñas; Nieves Capote; Antonio Vicent

Edición y coordinación:

Alicia Izurzun (editorial Hélice)
Tlf: 91 548 11 90

Diseño y maquetación:

Antonio V. Robles
Tlf: 675 651 107

Página web:

Antonio Vicent y Jesús Ángel Sánchez Navarro

La responsabilidad del contenido de las colaboraciones aquí publicadas corresponderá a sus autores, quienes autorizan la reproducción de sus artículos e imágenes a la SEF exclusivamente para esta revista. La SEF no hace necesariamente suyas las opiniones o los criterios expresados por sus colaboradores.

©Sociedad Española de Fitopatología, 2018. Reservados todos los derechos. El contenido de la presente publicación no puede ser reproducido, en ninguna forma, ni por ningún medio, sin la previa autorización por escrito del titular de los derechos de explotación de la misma.

FOTOGRAFÍA DE PORTADA: Primer premio de fotografía del XVIII Congreso de la Sociedad Española de Fitopatología. Autor: Miguel Cambra. Título: Albaricoques con *Xanthomonas arboricola* pv. *Pruni* (Xap)