



16,17,18 y 19 Sept. 2024

XXI CONGRESO DE LA SEF

Palacio
de Congresos
de Córdoba

www.sefcordoba2024.com





16,17,18 y 19 Sept. 2024

XXI CONGRESO DE LA SEF

Palacio
de Congresos
de Córdoba





Título: XXI Congreso de la Sociedad Española de Fitopatología

Textos: Autores



XXI Congreso de la Sociedad Española de Fitopatología

Organizado por:

Sociedad Española de Fitopatología
Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC)
Instituto de Agricultura Sostenible (IAS)
Junta de Andalucía. Consejería de Agricultura , Pesca, Agua y Desarrollo Rural.
Universidad de Córdoba

Patrocinan:

Oro:

Fungicide Resistance Action Committee
Ayudas del Plan Propio de Investigación Enrique Aguilar Benítez de Lugo de la
Universidad de Córdoba, 2024'

Plata:

Promega
ThermoFisher

Nivel 1:

Agromillora
Agrama
BASF
Cambrico Biotech
Colegio Oficial de Ingenieros Agrónomos de Levante
Cajamar
Drimay
Fertinyect
Neval
Phytoma
Plantas Continental
Trichodex

Nivel 2:

IQV

Nivel 3:

Departamento de Agronomía. Universidad de Córdoba
C.Viral



Domca
Grontal

Otros colaboradores:

Ayuntamiento de Córdoba

Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC)

Proyecto Horizon Europa 'BeXyl'

Junta de Andalucía. Consejería de Cultura y Deporte

Ciudad Califal de Medina Azahara

Bodegas Maillo

Ibesa

Plataforma Temática Interdisciplinar sobre Xylella fastidiosa (PTI -SolXyl) del CSIC



Comité Organizador

Blanca B. Landa Del Castillo [Presidenta]
Juan A. Navas Cortés [Vicepresidente]
Ana Sánchez Montero [Secretaría]
Enrique Castilla [Secretaría (Esmeeting)]
Pablo Castillo Castillo [Tesorería]
Rocío Perez Maseres [Tesorería]
Carlos Agustí Brisach [Vocal]
Antonio Archidona Yuste [Vocal]
Antonio Di Pietro [Vocal]
Mónica Fernández Aparicio [Vocal]
Lorenzo León Moreno [Vocal]
Leire Molinero Ruiz [Vocal]
Juan Moral Moral [Vocal]
Juan Emilio Palomares Rius [Vocal]
Elena Prats Pérez [Vocal]
María Esperanza Sánchez Hernández [Vocal]
Miguel Talavera Rubia [Vocal] `

Comité Científico

Carolina Escobar Lucas
Dolores Fernández Ortuño
Pedro Gómez López
David Gramaje Pérez
Carmen Hernández Fort
Aránzazu Moreno Lozano
Diego Olmo García
Soledad Sacristan Benayas



Bienvenida

Queridos compañeros y amigos de la SEF,

Vivimos en un mundo rápidamente cambiante en el que ciertos temas tienen una alta repercusión mediática momentánea, y otros cuya importancia ha llegado para perdurar y quedar retenidos en la conciencia de la sociedad. Cada vez somos más conscientes de la importancia de la sanidad vegetal en el día a día, y que ésta no solo se limita al ámbito agrícola, donde la salud de los cultivos es fundamental para garantizar la seguridad alimentaria y la producción sostenible. También tiene un impacto significativo en la salud global y el medio ambiente.

El objetivo fundamental de la SEF, según sus estatutos, consiste en promover, facilitar, consolidar y divulgar investigaciones en diversos ámbitos de la Fitopatología. Este propósito se materializa principalmente durante los congresos bianuales de la Sociedad. Dichos eventos se erigen como los principales espacios para la interacción y el intercambio de conocimientos, experiencias y tecnologías derivadas del estudio de las enfermedades vegetales en España, Europa e incluso a nivel global.

No obstante, aún nos queda una gran labor por delante como profesionales de esta disciplina para transmitir que la importancia de la Fitopatología no solo radica en nuestra capacidad para prevenir y controlar las enfermedades de las plantas, sino que también tenemos un papel clave en dar respuesta a las emergencias fitosanitarias. Para ello, la colaboración y la investigación continua e interdisciplinar son fundamentales para garantizar la salud global y promover un futuro sostenible.

El Congreso se organizará en sesiones que intentarán abarcar todos los aspectos fundamentales de la Fitopatología, como Control, Resistencia a enfermedades, Manejo integrado, Detección y diagnóstico, Epidemiología, Interacción planta-patógeno, Manejo de enfermedades en la era genómica, y Enfermedades emergentes, entre otros. Este enfoque será multidisciplinar, incluyendo perspectivas agronómicas, moleculares, celulares y bioquímicas, entre otras.

Además de contar con la participación de expertos nacionales, se invitará a destacados ponentes internacionales especializados en las temáticas más actuales. Se brindará la oportunidad a los jóvenes fitopatólogos para presentar sus avances en más de 60 comunicaciones orales programadas y entre los más de 200 pósters disponibles. Siguiendo la tradición, se reconocerá el esfuerzo y la dedicación en estas presentaciones mediante premios a la mejor comunicación, el mejor póster y la mejor fotografía científica. Finalmente, siguiendo en el empeño de fomentar la divulgación de la Fitopatología, se convocará por tercera vez el premio de relatos cortos



en Fitopatología que este año tendrá la denominación Premio SEF Relatos Cortos en Fitopatología «Javier Romero», en honor a nuestro querido compañero y amigo, que fue un pilar para la SEF desde sus inicios.

La ciudad de Córdoba ofrece una fusión única de legados romanos, árabes, judíos y cristianos, con monumentos históricos reconocidos como Patrimonio de la Humanidad por la UNESCO. También es una ciudad joven y vibrante con modernas zonas comerciales, una excepcional gastronomía mediterránea y un clima privilegiado. El Comité Organizador se ha esforzado por brindar a los participantes no solo un programa científico de alta calidad, sino también actividades sociales para disfrutar de los sabores distintivos de nuestra ciudad.

En cualquier caso, os animamos a perderos por las calles de su judería, pasear por la ribera del Guadalquivir, cruzar al otro lado del puente romano para admirar desde la lejanía, su Mezquita-catedral y Alcázar iluminados por la noche brillando en todo su esplendor. Imaginad la ciudad maravillosa que fue en el pasado y que sigue siendo, para que durante estos días podáis poner en valor, al igual que en el pasado se hizo en sus calles, la interacción multidisciplinar de distintas áreas de conocimiento.

En definitiva, os animamos a disfrutar tanto científica como socialmente del XXI Congreso de la SEF y a contribuir juntos para que la Patología Vegetal obtenga el merecido reconocimiento social que le corresponde.

Blanca B. Landa, Presidenta de la SEF
Presidenta del Comité Organizador del XXI Congreso SEF



16,17,18 y 19 Sept. 2024

XXI CONGRESO DE LA SEF

Palacio
de Congresos
de Córdoba





ÍNDICE

Bienvenida	6
Programa	11
Ponencias Invitadas.....	20
Comunicaciones Orales	24
Comunicaciones Póster.....	38
Resúmenes Ponencias Invitadas.....	58
Comunicaciones Orales	70
Sesión Plenaria I: Epidemiología, Detección y Diagnóstico.....	72
Sesiones Simultáneas 1A: Epidemiología.....	81
Sesiones Simultáneas 1B: Microbioma vegetal	87
Sesiones Simultáneas 1C: Interacción Planta-Virus	94
Sesiones Simultáneas 2A: Nuevos métodos de Diagnóstico y vigilancia epidemiológica. ..	102
Sesiones Simultáneas 2B: Interacción Planta-Virus.....	109
Sesiones Simultáneas 2C: Gestión de Enfermedades. Nuevos productos, enmiendas y extractos naturales.	116
Sesión Plenaria II: Interacción Planta – Microorganismo/Microbioma.....	123
Sesiones Simultáneas 3A: Epidemiología y Diagnóstico. Enfermedades Emergentes.	132
Sesiones Simultáneas 3B: Gestión de enfermedades. Control Biológico & IPM.	139
Sesiones Simultáneas 3C: Interacción Planta -Hongo.	146
Sesión Plenaria III: Gestión de enfermedades.	153
Sesiones Simultáneas 4A: Gestión de Enfermedades. Resistencia y ARNi.....	162
Sesiones Simultáneas 4B: Interacción Planta-Virus/Hongo-Virus.....	168
Sesiones Simultáneas 4C: Control biológico hongos.....	174
Sesiones Simultáneas 5A: HTS en diagnóstico y genómica comparativa.....	180
Sesiones Simultáneas 5B: Patogenicidad y Resistencia.	185
Sesiones Simultáneas 5C: Otras.....	190
Resúmenes Comunicaciones Póster.....	194
Área: Detección y Diagnóstico.....	196
Área: Epidemiología.....	231
Área: Gestión de Enfermedades.....	255
Área: Interacción Planta-Patógeno/Microbioma Vegetal.....	319



16,17,18 y 19 Sept. 2024

XXI CONGRESO DE LA SEF

Palacio
de Congresos
de Córdoba





PROGRAMA



Lunes 16– Sesiones Workshop (Sala Plenaria)

15:00-15:30 Registro/entrega de documentación

15:30-15:45 Presentación del Grupo SEF-FITORES

Ponente: **Antonieta de Cal**. Directora del Dpto. de Protección Vegetal del INIA-CSIC. Presidenta del Grupo SEF-FITORES

15:45-16:00 **FRAC España, Comité de Acción de Resistencia a Fungicidas**

Ponente: **Marta Benito**. Responsable de FRAC España

16:00-16:20 **El futuro de los fitosanitarios**

Ponente: **Antonio Monserrat**. Responsable del equipo de Protección de Cultivos. Instituto Murciano de Investigación y Desarrollo Agrario y Medioambiental” IMIDA

16:20-16:40 **Los ascomicetos entomopatógenos como microorganismos multipropósito para la agricultura sostenible**

Ponente: **Enrique Quesada**. Catedrático de Producción Vegetal y Entomología Agrícola en el Departamento de Agronomía, Unidad DAUCO María de Maetzu de la ETSIAM de la Universidad de Córdoba

16:40-17:00 **Inmunidad vegetal y protección de cultivos: nuevas estrategias de bioprotección para una agricultura más sostenible**

Ponente: **Antonio Molina**. Catedrático de Bioquímica y Biología Molecular en el Departamento de Biotecnología-Biología Vegetal de la UPM

17:00-17:30 Café

17:30-17:50 **Sustancias activas y productos fitosanitarios de bajo riesgo, aproximación a su evaluación de riesgo por el Proyecto RATION**

Ponente: **José Luis Alonso Prados**. Director Unidad de Productos Fitosanitarios. Dpto. Protección Vegetal. INIA-CSIC

17:50-18:10 **Nanotecnología en agricultura: herramientas basadas en silenciamiento génico para control de plagas y enfermedades**

Ponente: **Leonardo Velasco**. Investigador Instituto Andaluz de Investigación y Formación Agraria (IFAPA)



- 18:10-18:30 **Nuevas tecnologías para el control integrado de enfermedades fúngicas**
 Ponente: **Dolores Fernández Ortuño**. Profesora Titular de Universidad. Dpto. Microbiología. Universidad de Málaga
- 18:30-18:50 **Proteomics as a tool for phytopathogen management**
 Ponente: **Francisco Javier Fernández-Acero**. Profesor Titular de Universidad. Instituto de Investigaciones Vitivinícolas y agroalimentarias (IVAGRO) de la Universidad de Cádiz
- 18:50-19:15 **Mesa redonda y cierre**

Martes, 17 Septiembre 2024

8:00-8:45 **Registro/entrega documentación**

8:45-9:00 **Inauguración Oficial**

9:00-10:45 **Sesión Plenaria I: Epidemiología, Detección y Diagnóstico.**

Moderadores: **Ana Pérez Sierra** y **Pedro Gómez**.

9:00-9:45 **I.1 // Charla invitada 1: “Novel tools and approaches to infer processes and patterns of pathogen emergence”**

Ponente: **Nick Grünwald**. USDA Agricultural Research Service

9:45-10:15 **I.2 // Charla invitada 2: “La modelización epidemiológica como herramienta en la detección y gestión de enfermedades de cuarentena”**

Ponente: **Antonio Vicent**. Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias

10:15-10:45 **I.3 // Charla invitada 3: “Optimización de la vigilancia y el manejo de patógenos vasculares en cultivos leñosos mediante sensores espectrales y térmicos”**

Ponente: **Juan Antonio Navas-Cortés**. Instituto de Agricultura Sostenible de Córdoba

10:45-11:30 **Café**



11:30-13:30 Sesión Plenaria I: Epidemiología, Detección y Diagnóstico

Moderadores: **José Luis Palomo y Antonio Vicent.**

Defensa comunicaciones orales: **de O.1 a O.8.**

13:30-15:30 Comida + Posters

15:30-17:00 Sesiones Simultáneas 1A: Epidemiología

Sala Plenaria

Moderadores: **Juan Moral y Elvira Fiallo.**

Defensa comunicaciones orales: **de O.9 a O.14.**

15:30-17:00 Sesiones Simultáneas 1B: Microbioma vegetal

Sala San Zoilo

Moderadores: **Esther Badosa y David Ruano.**

Defensa comunicaciones orales: **de O.15 a O.20.**

15:30-17:00 Sesiones Simultáneas 1C: Interacción Planta-Virus

Sala Julio Romero de Torres

Moderadores: **María A. Ayllón y César Llave.**

Defensa comunicaciones orales: **de O.21 a O.26.**

17:00-17:30 Café

17:30-19:00 Sesiones Simultáneas 2A: Nuevos métodos de Diagnóstico y vigilancia epidemiológica

Sala Plenaria

Moderadores: **Diego Olmo y Mónica Berbegal.**

Defensa comunicaciones orales: **de O.27 a O.32.**

17:30-19:00 Sesiones Simultáneas 2B: Interacción Planta-Virus.

Sala San Zoilo

Moderadores: **Israel Pagán y Aránzazu Moreno.**

Defensa comunicaciones orales: **de O.33 a O.38.**



17:30-19:00 **Sesiones Simultáneas 2C: Gestión de Enfermedades. Nuevos productos, enmiendas y extractos naturales.**

Sala Julio Romero de Torres

Moderadores: **Laura Montesinos y Manuel Áviles.**

Defensa comunicaciones orales: **de O.39 a O.44.**

21:00 **Visita nocturna al conjunto arqueológico Madinat Al-zahra**

Miércoles, 18 Septiembre 2024

9:00-10:45 **Sesión Plenaria II: Interacción Planta - Microorganismo/Microbioma**

Moderadores: **Carmen Hernández y Emilio Montesinos.**

9:00-9:45 **I.4 // Charla invitada 4: “Phylogenetic relationships structure plant-pathogen networks”**

Ponente: **Gregory Gilbert.** University of California Santa Cruz

9:45-10:15 **I.5 // Charla invitada 5: “Transposons drive environmental adaptation in the clonally evolving fungal pathogen *Fusarium oxysporum*”**

Ponente: **Antonio Di Pietro.** Universidad de Córdoba

10:15-10:45 **I.6 // Charla invitada 6: “Vacuolar Protein Sorting 41, a host player in Cucumber mosaic virus infection in melon and tomato. Weina How, Andrea Giordano, Irene Villar, Suzanne Laijen, Ana Montserrat Martin-Hernandez.**

10:45-11:30 **Café**

11:30-13:30 **Sesión Plenaria II: : Interacción Planta - Microorgaismo/Microbioma**

Moderadores: **Soledad Sacristán y Vicente Pallás.**

Defensa comunicaciones orales: **de O.45 a O.52.**

13:30-15:30 **Comida + Posters**



15:30-17:00 **Sesiones Simultáneas 3A: Epidemiología y Diagnóstico. Enfermedades Emergentes.**

Sala Plenaria

Moderadores: **José Luis Palomo y Ester Marco.**

Defensa comunicaciones orales: **de O.53 a O.58.**

15:30-17:00 **Sesiones Simultáneas 3B: Gestion de enfermedades. Control Biológico & IPM.**

Sala San Zoilo

Moderadores: **Inmaculada Larena y Miguel Talavera.**

Defensa comunicaciones orales: **de O.59 a O.64.**

15:30-17:00 **Sesiones Simultáneas 3C: Interacción Planta -Hongo.**

Sala Julio Romero de Torres

Moderadores: **Carlos Agustí Brisach y Elena Prats.**

Defensa comunicaciones orales: **de O.65 a O.70.**

17:00-17:30 **Café**

17:30-19:00 **Asamblea General de Socios y Renovación Junta Directiva**

19:45 **Visita nocturna al conjunto arqueológico Madinat Al-zahra**

Jueves, 19 Septiembre 2024

9:00-10:45 **Sesión Plenaria III: Gestión de enfermedades**

Moderadores: **Juan A. Navas Cortés y Carolina Escobar**

9:00-9:45 **I.7// Charla invitada 7: “*The Root Microbiome of Dryland and Irrigated Spring Wheat: An Eight-Year Study*”**

Ponente: **David Weller.** USDA Agricultural Research Service



9:45-10:15 **I.8 // Charla invitada 8: “Retos de la Fitopatología: debilidades, oportunidades y fortalezas”**

Ponente: **Rafael Jiménez-Díaz**. Catedrático emérito de la Universidad de Córdoba

10:15-10:45 **I.9 // Charla invitada 9: “Propuesta metodológica para el screening de plagas de cuarentena candidatas a ser plagas prioritarias.”** Jesus Barreiro-Hurle, Kevin Schneider, Emilio Rodríguez-Cerezo, Estefania Vazquez-Torres.

10:45-11:30 Café

11:30-13:30 Sesión Plenaria III: Gestión de enfermedades

Moderadores: **Dolores Fernández Ortuño y David Gramaje**.

Defensa comunicaciones orales: **de O.71 a O.78**.

13:30-15:30 Comida + Posters

15:30-16:45 Sesiones Simultáneas 4A: Gestión de Enfermedades. Resistencia y ARNi.

Sala Plenaria

Moderadores: **Leonardo Velasco y Jonatan Niño Sánchez**.

Defensa comunicaciones orales: **de O.79 a O.83**.

15:30-16:45 Sesiones Simultáneas 4B: Interacción Planta-Virus/Hongo-Virus.

Sala San Zoilo

Moderadores: **Manuel Sánchez López-Berges y Montse Martín**.

Defensa comunicaciones orales: **de O.84 a O.88**.

15:30-16:45 Sesiones Simultáneas 4C: Interacción Planta-Virus/Hongo-Virus.

Sala Julio Romero de Torres

Moderadora: **María Teresa García López**.

Defensa comunicaciones orales: **de O.89 a O.93**.

16:45-17:15 Café



17:15-18:15 Sesiones Simultáneas 5A: HTS en diagnóstico y genómica comparativa.

Sala Plenaria

Moderadores: **Ana Palacio y Jaime Cubero.**

Defensa comunicaciones orales: **de O.94 a O.97.**

17:15-18:15 Sesiones Simultáneas 5B: Patogenicidad y Resistencia.

Sala San Zoilo

Moderadores: **Anna Bonaterra y Lorenzo León.**

Defensa comunicaciones orales: **de O.98 a O.101.**

17:15-18:30 Sesiones Simultáneas 5C: Otras

Sala Julio Romero de Torres

Sala: Julio Romero de Torres

Moderadora: **Ana Alfaro.** Defensa comunicaciones orales: de O.102 a O.105.

18:15-18:45 Ponencia extraordinaria

Sala Plenaria

Moderadora: **Blanca B. Landa**

I.10. Challenges to APS and plant pathology: Does SEF face the same threats?

Ponente: **Nick Grünwald.** USDA Agricultural Research Service

18:45-19:00 Clausura

21:00 Cena de gala



PONENCIAS INVITADAS



Ponencias Invitadas (Sala Plenaria)

Sesión Plenaria I: Epidemiología, Detección y Diagnóstico.

- I.1. “Novel tools and approaches to infer processes and patterns of pathogen emergence” Nick Grünwald.
- I.2. “La modelización epidemiológica como herramienta en la detección y gestión de enfermedades de cuarentena” Antonio Vicent Civera.
- I.3. “Optimización de la vigilancia y el manejo de patógenos vasculares en cultivos leñosos mediante sensores espectrales y térmicos” Juan Antonio Navas Cortés.

Sesión Plenaria II: Interacción Planta – Microorganismo/Microbioma

- I.4. “Phylogenetic relationships structure plant-pathogen networks” Gregory Gilbert.
- I.5. “Transposons drive environmental adaptation in a clonally evolving fungal pathogen” Antonio Di Pietro.
- I.6. “Vacuolar Protein Sorting 41, a host player in Cucumber mosaic virus infection in melon and tomato” Weina How, Andrea Giordano, Irene Villar, Suzanne Laijen, Ana Montserrat Martin-Hernandez.

Sesión Plenaria III: Gestión de enfermedades

- I.7. “The rhizosphere microbiome of dryland and irrigated wheat and suppression of root diseases”. David M. Weller.
- I.8. “Retos de la Fitopatología: debilidades, oportunidades y fortalezas” Rafael M. Jiménez Díaz.
- I.9. “Propuesta metodológica para el screening de plagas de cuarentena candidatas a ser plagas prioritarias” Jesus Barreiro-Hurle, Kevin Schneider, Emilio Rodríguez-Cerezo, Estefanía Vázquez-Torres.

Ponencia Extraordinaria

- I.10. Challenges to APS and plant pathology: Does SEF face the same threats? Nick Grünwald.



COMUNICACIONES ORALES



Comunicaciones Orales

Sesión Plenaria I: Epidemiología, Detección y Diagnóstico

O.1. Manejo de germoplasma vegetal resistente a *Meloidogyne* para evitar la selección por virulencia. Aída M Fullana, Alejandro Expósito, Nuria Escudero, Marina Cunquero, Pablo Loza-Alvarez, Meritxell Pérez-Hedo, Carla Maleita, Isabel Abrantes, Ariadna Giné, Francisco Javier Sorribas.

O.2. Pepper vein yellows virus 5, el primer polerovirus transmitido por pulgón y mosca blanca. José Natividad Jaén Sanjur, Ana Cristina García Merenciano, Jesús Navas Castillo, Elvira Fiallo Olivé.

O.3. *Monilinia laxa* en almendros del Valle del Ebro: Comportamiento epidemiológico. Erick Zúñiga Rodríguez, Carla Casals, Xavier Miarnau, Laura Torquet, Neus Teixidó, Rosario Torres.

O.4. Introducción de plagas y patógenos en la UE: efectos ambientales, antropogénicos y espaciales. Martina Cendoya, Maria Chiara Rosace, David Conesa, Antonio López-Quílez, Miguel A. Martínez-Beneito, Lorenzo Marini, Davide Nardi, Vittorio Rossi, Antonio Vicent.

O.5. Tríplex qPCR para la detección simultánea de especies de *Botryosphaeriaceae* en el cultivo del almendro y en muestras ambientales. Laura Romero Cuadrado, Ana Aguado, David Ruano Rosa, Nieves Capote.

O.6. Unveiling hidden viruses inducing similar yellowing symptoms or remaining asymptomatic in melon and watermelon crops. Celia de Moya Ruiz, Miguel Juárez, Pedro Gómez López.

O.7. Detección temprana del patógeno del género *Phytophthora* en alisos mediante PCR a tiempo real. Alba Díez-Galán, Raquel Del Campo-Calvo, Eduardo Pastor-Durántez, Julio Javier Díez Casero.

O.8. La moria o el síndrome del decaimiento del kiwi. Ana M Pérez Sierra, Carlos Salas, Miguel Angel Cañaveras, Tracy khalil, José Luis Mira, Antonio Vicent.

Sesiones Simultáneas 1A: Epidemiología

Sala Plenaria

O.9. Determinants of infection risk of generalist plant viruses across habitats in a heterogeneous ecosystem. Fernando García-Arenal, Michael McLeish, Adrian D. Zamfir, Bisola Babalola, Aurora Fraile.



O.10. Transmisión diferencial de tomato chlorosis virus por *Bemisia tabaci* y *Trialeurodes vaporariorum*. Ana Cristina García Merenciano, Elisa Navas Hermosilla, Elvira Fiallo Olivé, Jesús Navas Castillo.

O.11. Análisis del impacto del manejo y ambiente local sobre la diversidad de nematodos fitoparásitos de olivo en la Cuenca Mediterránea en un contexto de cambio global. Rosana Salazar-García, Juan E. Palomares-Rius, Carolina Cantalapiedra-Navarrete, Víctor Valenzuela-Polo, Ana García-Velázquez, Pablo Castillo and Antonio Archidona-Yuste.

O.12. Selective pressures on Wheat Powdery mildew populations in the Iberian Peninsula. David Encalada-Bustamante, Alejandro J. Alcañiz, Victoria Widrig, Gonzalo Costas Fernández, Narciso Martín Quijada, Javier Sánchez-Martín.

O.13. Dinámica de la población de *Aspergillus* spp. sección Flavi en higos secos españoles: del campo a la planta de procesado. Zakaria Janfi, Francisco Abel Guerrero Paéz, María Ángeles Romero Martín, Concepción M. Díez, María Teresa García López, Juan Moral.

O.14. Efecto de la lluvia en la dispersión y lavado de conidios de *Spilocaea oleagina*. Francisco Abel Guerrero Páez, Rafael Campos Figueras, María Ángeles Romero Martín, Purificación Alcázar Teno, Juan Moral.

Sesiones Simultáneas 1B: Microbioma vegetal

Sala San Zoilo

O.15. Un nuevo rol de los efectores LysM fúngicos como moduladores de la microbiota. Ana López-Moral, Hui Tian, Fantin Mesny, Jinyi Zhu, Bart PHJ Thomma.

O.16. Functional analysis of soil microbial communities associated with common bean crops under conventional and organic farming systems. Marta Suarez-Fernandez, Juan José Ferreira, Ana Campa.

O.17. Impacto del déficit hídrico en la microbiota fúngica y *Phaeomoniella chlamydospora* en el xilema de vid. María Mercedes Maldonado-González, Catarina Leal, María Julia Carbone, Ales Eichmeier, Tomas Kiss, Rebeca Bujanda, David Gramaje.

O.18. Unlocking the secrets of plant microbiomes. Víctor J. Carrión Bravo.

O.19. Unraveling the impact of microplastics on plant and soil health. Giovana P. F. Macan, José Luis Trapero Casas, Guillermo León-Ropero, Concepción Olivares-García, Carmen Haro, Manuel Anguita-Maeso, Juan A. Navas-Cortés, Blanca B. Landa.

O.20. Análisis del microbioma rizosférico como indicador del estado fitosanitario en olivares afectados por Verticilosis en Andalucía. Luis F. Arias-Giraldo, Livio Antonielli, Stéphane Compant, Juan A. Navas-Cortés, Blanca B. Landa.



Sesiones Simultáneas 1C: Interacción Planta-Virus

Sala Julio Romero de Torres

O.21. Adaptive substitutions in two amino acids of HCPro modify its functional properties to separately increase the virulence of a potyviral chimera. Hao Sun, Malgorzata Ciska, Mongia Makki, Francisco Tenllado, Tomás Canto.

O.22. The proximity-labeling interactome of a plant viral protein targeted to mitochondria and chloroplasts. María Sáiz Bonilla, Yuanyuan Li, Christian Montes Serey, Justin W. Walley, Savithramma P Dinesh Kumar, Vicente Pallás Benet, Jose Antonio Navarro Bohigues.

O.23. The receptor-like kinase BIR1 is a negative regulator of antiviral defense that inhibits plasmodesmata callose-deposition and PTI-gene expression. Carmen Robinson, Irene Guzmán-Benito, Manfred Heinlein, Thorsten Nürnberger, César Llave.

O.24. Characterization of the Ty-2 resistance-breakdown by the geminivirus Tomato yellow leaf curl virus (TYLCV). Araceli G. Castillo, Verónica Pérez Rubio, Beatriz Romero-Rodríguez, Ana Pérez-Luna, Tábata Rosas-Díaz, Marta A. Rey, Emmanuel Aguilar-Parras, Rosa Lozano-Durán, Enrique Moriones, Eduardo R. Bejarano.

O.25. Virus de transmisión no circulativa y su posible competencia en los lugares de retención en su pulgón vector *Aphis gossypii*. Rocío Galán-Cubero, Jaime Jiménez Ruiz, María Guirao Monreal, María Plaza Martín, Alberto Fereres Castiel, Aranzazu Moreno Lozano.

O.26. The regulatory module miR395 – Primase controls the resistance to ToLCNDV infection in melon in an environment dependent manner. C. Saez, G.H. Hernandez-Azurdia, A. Sifres, V. Aragones, J. Marquez-Molins, A.M. Perez de Castro, J.A. Daros, C. Lopez, M.B. Picó, G.G. Gomez.

Sesiones Simultáneas 2A: Nuevos métodos de Diagnóstico y vigilancia epidemiológica.

Sala Plenaria

O.27. Diversidad viral en ecosistemas forestales mediterráneos. Sergio Diez-Hermano, Álvaro Benito Delgado, Alba Diez Galán, Raquel del Campo Calvo, Julio Javier Diez Casero.

O.28. Olive leaf mottling virus: nuevo virus del género *Olivavirus*, familia *Closteroviridae*. Antonio Olmos Castelló, José Malagón Cañizares, Manuel Ruiz Torres, Sergio Paz Compañía, Ana Belén Ruiz García.

O.29. Problemas y desafíos en la identificación de especies del género *Neofusicoccum*. David Hernández Hernández, Federico Laich, Felipe Siverio de la Rosa.

O.30. Identificación de especies y cepas de *Botrytis cinerea* mediante MALDI-TOF. Marco Samuel Vallejo Jiménez, Almudena Escobar-Niño, Francisco Javier Fernandez Acero.



O.31. Prevalencia de nematodos fitoparásitos en el cultivo del guisante y sus implicaciones en el diagnóstico y mejora genética. María Córdoba-Sánchez, Diego Rubiales, Pablo Castillo, Juan Emilio Palomares-Rius.

O.32. Validación de una metodología basada en qPCR para cuantificar inóculo de especies de *Botryosphaeriaceae* en aguacate. David Hernández Hernández, Felipe Siverio de la Rosa, Maela León, Josep Armengol Fortí, Mónica Berbegal Martínez.

Sesiones Simultáneas 2B: Interacción Planta-Virus.

Sala San Zoilo

O.33. Regulation of the receptor-like kinase BIR1 is critical for plant immune homeostasis and plant fitness during viral infections. *Irene Guzmán-Benito, Carmen Robinson, César Llave.*

O.34. Interacción entre estrés hídrico e infección viral doble en plantas de melón. Jaime Jiménez, Victor Sadras, Noel Espaillat, Aránzazu Moreno, Alberto Fereres.

O.35. Exploring the relevance of extracellular vesicles in geminiviral infection. Pablo Morales-Martínez, Pepe Cana-Quijada, Tábata Rosas-Díaz, Benjamin L Koch, Lucía M Borniego, Meenu Singla-Rastogi, Rosa Lozano-Durán, Roger W Innes, Eduardo R Bejarano, Araceli G Castillo.

O.36. Evolutionary tuning of plant antiviral immunity. *Luis Villar-Martín, Tamara Jiménez-Góngora, Eric Moner-Ros, Paloma Álvarez, Ignacio Rubio-Somoza.*

O.37. Natural variability and RNA silencing suppression function in two isolates of the potyvirus Sweet potato feathery mottle virus (SPFMV). Clara Ontañón Rojas, Juan José López-Moya.

O.38. Characterization and dynamics of a tomato transcription factor interacting with pepino mosaic virus TGB1. Jesus Enmanuel R. Úbeda, Livia Donaire, Blanca Gosálvez, Miguel A. Aranda.

Sesiones Simultáneas 2C: Gestión de Enfermedades. Nuevos productos, enmiendas y extractos naturales.

Sala Julio Romero de Torres

O.39. Grape pomace biochar protects tomato plants from *Meloidogyne javanica* infection. Ángela Martínez Gómez, Maria Fe Andrés, Ángel Barón Sola, Fernando E. Díaz Manzano, Ibraheem Yousef, Ismael F. Mena, Elena Díaz, Óscar Gómez Torres, Luis E. Hernández, Carolina Escobar.



O.40. Respuesta transcriptómica-fenotípica de *Xylella fastidiosa* al aceite de eucalipto y a un péptido bifuncional. Núria Daranas, Gemma Roselló, Aniol Buisac, Beatriz Gascón, Aina Baró, Emilio Montesinos, Laura Montesinos.

O.41. Proyecto APLICADRON: nanotransportadores para la encapsulación de productos naturales frente a patógenos de cultivos hortícolas. Eva Sánchez-Hernández, R. Celada Caminero, Alberto Santiago-Aliste, Jesús Martín-Gil, Luis Manuel Navas-Gracia, José Luis Marcos-Robles, V. González García, Luis Fernando Sánchez-Sastre, Zacarías Clérigo-Pérez, Pablo Martín-Ramos.

O.42. Infectividad y Supervivencia de *Phytophthora cinnamomi* en suelos tratados con extractos de residuos agrícolas. Rosa López García, Maite Hidalgo Fernández, Marta García García, Rocío Rodríguez Arcos, Ana Jiménez Araujo, María Serrano Socorro Moral.

O.43. Estudio y control de agentes causales de la muerte regresiva del aguacate en España. Lucía Guirado Manzano, Clara Pliego Prieto, Dolores Fernández Ortuño, Emilio Guirado Sánchez, David Sarmiento Sarmiento, Francisco Manuel Cazorla López, Antonio De Vicente Moreno, Eva Arrebola Díez.

O.44. Recubrimientos comestibles antifúngicos para el control en poscosecha de la podredumbre marrón de la ciruela causada por *Monilinia fructicola*. Lluís Palou, María Victoria Alvarez, Verònica Taberner, María Bernardita Pérez-Gago.

Sesión Plenaria II: Interacción Planta – Microorganismo/Microbioma

O.45. Unraveling sequence-specific and -unspecific dsRNA -mediated control of the Rice Blast fungus, *Magnaporthe oryzae*. Maria Jose Ladera Carmona, Ying Zheng, Benjamin Moorlach, Desiree Jakobs-Schönwandt, Anant Patel, Stefan Jacob, Minna M. Poranen, Ana Rocio Sede, Manfred Heinlein, Karl-Heinz Kogel.

O.46. A β glucanase from *Zymoseptoria tritici* releases cell wall-derived immune response elicitors that modulate the outcome of wheat colonization. Cristian Carrasco-López, Diego Rebaque, Parvathy Krishnan, Gemma López, Sergio López-Cobos, Asier Largo, Hugo Mérida, Antonio Molina, Andrea Sánchez-Vallet.

O.47. Mac1-dependent copper acquisition is essential for *Fusarium Oxysporum* pathogenicity. Rafael Palos Fernández, María Victoria Aguilar Pontes, Gema Puebla Planas, Harald Berger, Lena Studt-Reinhold, Joseph Strauss, Antonio Di Pietro, Manuel Sánchez López-Berges.

O.48. Cell wall genes modulate plant virus seed transmission. Lucía García Ordóñez, Cristina Sáez Sánchez, Helena Martín Rivilla, Alberto Cobos Piñuela, Elena Birlanga Navarro, Israel Pagán Muñoz.



O.49. Efectores de diferentes bacterias fitopatógenas interaccionan con la enzima sulfito reductasa, alterando el metabolismo del azufre en plantas. José S. Rufián, Javier Ruiz Albert, Alberto P. Macho.

O.50. El papel del sistema de secreción tipo IV en la capacidad de competición de *Xanthomonas arboricola*. Sara Cuesta Morondo, Jerson Garita Cambroner, Ralf Koebnik, Jaime Cubero Dabrio.

O.51. Root cells-specific responses triggered by root-knot nematodes in *Arabidopsis* by single cell RNA sequencing. Almudena Gómez Rojas, Maite Saura, Olga Delgado de Castro, Patricia Abril Urias, Fernando E. Díaz Manzano, Thomas Eekhout, Bert De Rybel, Tina Kyndt, Tom Beeckam, Carolina Escobar Lucas.

O.52. El microbioma de la manzana: fuente de agentes de biocontrol de enfermedades en postcosecha. Ana María Sánchez Ruiz, Jonas Oliva, Ahmed Abdelfattah, Cristina Solsona, Elena Costa, Neus Teixidó.

Sesiones Simultáneas 3A: Epidemiología y Diagnóstico. Enfermedades Emergentes.

Sala Plenaria

O.53. Enfermedad re-emergente: irrupción de la podredumbre ácida en fruta de hueso. Carla Casals, Erick Zúñiga, Josep Usall, Júlia Borrás-Bisa, Pilar Plaza, Neus Teixidó.

O.54. Emergencia de un nuevo geminivirus en *Plantago lagopus*: amenaza para el cultivo del tomate. Elvira Fiallo-Olivé, Jesús Navas-Castillo.

O.55. Identificación de aislamientos del patógeno fúngico emergente *Neopestalotiopsis* spp. en plantas de fresa cultivadas en viveros de altura. Jorge Iribarren Baró, Laura Sánchez Gándara, José Luis Palomo Gómez, Belén Suárez Fernández.

O.56. La enfermedad de Pierce de la vid: una nueva amenaza para la viticultura europea. Eduardo Moralejo, Alex Giménez-Romero, Manuel A. Matías.

O.57. Impacto de temperaturas extremas en la supervivencia de *Xylella fastidiosa* en el área Mediterránea. Miguel Román-Écija, Concepción Olivares-García, Lucas Testi, Juan A. Navas-Cortés, Blanca B. Landa.

O.58. Implicaciones epidemiológicas y de gestión de *Xylella fastidiosa* subsp. *pauca* ST53 en Mallorca. Diego Olmo, Alicia Nieto, Marta López, Inmaculada Navarro-Herrero, Silvia Barbé, Ester Marco-Noales, María Pilar Velasco-Amo, Concepción Olivares-García, Blanca B. Landa, Eduardo Moralejo.



Sesiones Simultáneas 3B: Gestión de enfermedades. Control Biológico & IPM.

Sala San Zoilo

O.59. Nueva cepa de *Pseudomonas seleniipraecipitans* con actividad bioestimulante y biocontrol. Agustina Bernal Vicente, Pedro Joaquín Sánchez Pujante, Miguel Aranda Regules, Yolanda Hernando Saiz.

O.60. A biological agent for the handling of nematode *Meloidogyne* spp. in tomato. Fernando Evaristo Díaz Manzano, Deisy Amora, Ángela Martínez-Gómez, Lars Moelbak, Carolina Escobar Lucas.

O.61. Selección de bacteriófagos frente a *Xylella fastidiosa* como estrategia de biocontrol. Carlos Selles-Ribera, Miriam Simó-Esquivel, María Luisa Domingo-Calap, Pilar Domingo-Calap, Ester Marco-Noales.

O.62. Producto fungicida microbiano de nueva generación para inducir la resistencia en cultivos hortícolas de zonas templadas contra patógenos transmitidos por el suelo. Belén Guijarro Díaz-Otero, María del Mar Guerrero Díaz, María del Carmen Rodríguez- Molina, Paula Serrano-Pérez, Yolanda Herranz-Fernández, María Victoria Gómez Gómez, Paloma Melgarejo Nárdiz, Inmaculada Larena Nistal.

O.63. Combinación de metodologías para el control del mildiu de la vid, *Plasmopara viticola*. Ainhoa Lasarte, Helene Sánchez Zelaia, Ana María Díez Navajas.

O.64. Evaluación de estrategias de control químico y biológico de *Diaporthe amygdali* en almendro. Carolina Francia, Mónica Berbegal, Josep Armengol.

Sesiones Simultáneas 3C: Interacción Planta -Hongo.

Sala Julio Romero de Torres

O.65. Efecto combinado de la cepa no patogénica *Fusarium Oxysporum* FO12 en la absorción de Fe y la expresión de genes de resistencia inducida frente a *Verticillium dahliae*. Jesús Sevillano-Caño, Clara Córdoba-Galván, Antonio Rafael Sánchez-Rodríguez, Francisco Javier Romera, Antonio Trapero, María José García del Rosal, Carlos Agustí-Brisach.

O.66. Estudio de nuevas dianas de la pared celular fúngica en la interacción de *Podosphaera xanthii*-melon. Isabel Padilla Roji, Dolores Fernández Ortuño, Alejandro Pérez García.

O.67. Reguladores globales de diferenciación y patogenicidad en *Botrytis cinerea*. Ernesto Pérez Benito, Virginia Casado del Castillo, Vlad Paul Mihaila, Alessandro Gabrielli García, Nuria Cabrera Gómez, Paulo Canessa, Gabriel Pérez Lara, Isidro González Collado, Josefina Aleu Castaneja, José María Díaz Mínguez.



O.68. Networks of co-expressed genes in tolerant and susceptible almond trees infected with *Polystigma amygdalinum*. Núria Real, Alejandro Calle, Soledad Martos, Xavier Miarnau, Iban Eduardo, Ignasi Batlle, Jordi Luque.

O.69. *CgEP4* encodes an effector that significantly contributes to virulence of *Colletotrichum graminicola* on maize. Pablo García-Rodríguez, Francisco Borja Cuevas-Fernández, Lucía Rodríguez-Mónaco, Sioly Becerra, Silvia Gutiérrez-Sánchez, Jossué Ortíz-Álvarez, Riccardo Baroncelli, Michael R. Thon, Serenella A. Sukno.

O.70. Comparative transcriptome analysis reveals defense-related genes and pathways against *Verticillium dahliae* in wild olive. Francisco Javier Molina-Hidalgo, Beatriz Mascuñano, Rosario Blanco-Portales, José Luis Caballero, José Luis Trapero-Casas, Rafael M. Jiménez-Díaz, Fernando Pliego-Alfaro, José A. Mercado, Juan Muñoz-Blanco.

Sesión Plenaria III: Gestión de enfermedades.

O.71. “Urgavona”, “Castula” e “Ilturgitana”: tres nuevas variedades resistentes a la Verticilosis del olivo. Lorenzo León, Raúl De la Rosa.

O.72. Extractos de granada y algarrobo como potenciales inductores de resistencia frente a la Verticilosis del olivo. Begoña I. Antón-Domínguez, Ana López-Moral, Beatriz Mascuñano, Francisco J. Molina-Hidalgo, Francisco J. Romero-Salguero, Juan Muñoz-Blanco, Antonio Trapero, Carlos Trapero, Carlos Agustí-Brisach.

O.73. Control de infecciones por *Xylella fastidiosa* en plantas de almendro mediante un péptido inhibidor de la motilidad. Luis Moll, Núria Giralt, Sergi Llanet-Ferrer, Marta Planas, Lidia Feliu, Leonardo De La Fuente, Emilio Montesinos, Anna Bonaterra, Esther Badosa.

O.74. Uso de aptámeros de ADN para controlar *Botrytis cinerea* como estrategia novedosa en agricultura. Alba López-Laguna, Álvaro Polonio, Laura Ruiz-Jiménez, Alejandra Vielba-Fernández, Yandira Morales, Alejandro Pérez-García, Dolores Fernández-Ortuño.

O.75. Agentes de biocontrol, microbiota y nematodos de la rizosfera de almendro (*Prunus dulcis*) infectado por nematodos nodulares (*Meloidogyne* spp.). Ilenia Clavero-Camacho, Alba N. Ruiz-Cuenca, Jorge Martín-Barbarroja, Guillermo León-Roper, Antonio Archidona-Yuste, Carolina Cantalapiedra-Navarrete, Pablo Castillo, Juan Emilio Palomares-Rius.

O.76. Spray-induced gene silencing (SIGS) as an effective strategy to control Pine Pitch Canker caused by *Fusarium circinatum* in forests. Huma Amin, Irene Teresa Bocos-Asenjo, Sandra Mosquera, Julio Javier Díez, Jonatan Niño-Sánchez.

O.77. Análisis evolutivo de la superación de la resistencia en pimiento por el virus del bronceado del tomate. Luis Rubio Miguélez, Ángela Martínez Fernández, Luis Galipienso Torregrosa.



O.78. Potencial antifúngico de extractos de subproductos del aguacate contra las podredumbres verde y ácida de los cítricos. Ricardo Lima De Souza, María Bernardita Pérez-Gago, Lluís Palou.

Sesiones Simultáneas 4A: Gestión de Enfermedades. Resistencia y ARNi.

Sala Plenaria

O.79. Propuesta de reglamento UE sobre nuevas técnicas genómicas: el potencial para la obtención de variedades resistentes. Emilio Rodríguez-Cerezo, Jesus Barreiro-Hurle, Kevin Schneider.

O.80. Management of cucurbit powdery mildew using an RNAi technology strategy targeting virulence genes. Nisrine Bakhat, Alejandro Jiménez Sánchez, Leonardo Velasco, Alejandro Pérez García, Dolores Fernández Ortuño.

O.81. Pangenome-wide association study analysis reveals novel QTLs and candidate genes controlling Wheat Powdery Mildew in tetraploid wheat landraces. Javier Sánchez Martín, David Encalada Bustamante, Gonzalo Costas Fernández, Victoria Widrig.

O.82. Bacterial extracellular vesicles as nanocarriers for the delivery of dsRNA in the control of fungal pathogens via spray-induced gene silencing (SIGS). Sandra Mosquera, Irene Teresa Bocos Asenjo, Huma Amin, Julio J Diez, Jonatan Niño.

O.83. Silenciamiento génico inducido por pulverización: Claves para una implementación exitosa en el control de hongos fitopatógenos. Jonatan Niño Sánchez, Sandra Mosquera, Irene Teresa Bocos Asenjo, Huma Amin, Julio Javier Diez Casero.

Sesiones Simultáneas 4B: Interacción Planta-Virus/Hongo-Virus.

Sala San Zoilo

O.84. Host miRNA targets enabled a counter-defense mechanism upon pathogen-inflicted silencing suppression. Luis Villar-Martín, Shubhada Kulkarni, Alessandro Silvestri, Detlef Weigel, Klaas Vandepoele, Ignacio Rubio-Somoza.

O.85. Components of the RNA quality system machinery are involved in restraining geminivirus infection. Emmanuel Aguilar Parras, Carlos Martínez-Zamora, Rubén Repiso-Chinchilla, Leonardo Boiteaux, Rafael Fernández-Muñoz, Araceli G. Castillo, Eduardo R. Bejarano.

O.86. Shade modulates virus seed transmission and plant tolerance to infection. Cristina Sáez Sánchez, Nuria Montes Casado, Marisa López-Herranz, Israel Pagán Muñoz.



O.87. The heterologous mycovirus *Cryphonectria hypovirus 1* induces hypovirulence in *Fusarium Oxysporum* f. sp. *lycopersici*. María Carmen Cañizares, Ana Isabel López-Sesé, María Dolores García-Pedrajas.

O.88. Análisis funcional de la proteína de la cápsida del micovirus *Botrytis virus F*. Javier Pardo-Medina, Julio Rodríguez-Romero, María A. Ayllon.

Sesiones Simultáneas 4C: Control biológico hongos.

Sala Julio Romero de Torres

O.89. El antagonismo indirecto de los endófitos de *Fusarium Oxysporum* aislados de judía común. Virginia Casado del Castillo, Daniel Martín Jiménez, Vlad Paul Mihaila, Alessandro Gabrielli Garcia, Ernesto Pérez Benito, José María Díaz Mínguez.

O.90. Dinámica de interacción e internalización de la proteína antifúngica PeAfpA. Moisés Giner-Llorca, Carolina Ropero-Pérez, Sandra Garrigues, Paloma Manzanares, Jose F. Marcos.

O.91. Modulación de las defensas del maíz por el hongo endófito beneficioso *Colletotrichum tofieldiae*. Carlos González-Sanz, Sandra Díaz-González, Sara González-Bodí, Soledad Sacristán.

O.92. Levaduras como potenciales agentes de biocontrol frente a hongos fitopatógenos en plantas de *Arabidopsis thaliana*. Carlos Lucena León, Armando De la Fuente Carrión, Carlos Agustí Brisach, Francisco Javier Ruiz Castilla, María José García del Rosal, Jesús Sevillano Caño, Francisco Puerta Puerta, Rafael Pérez Vicente, José Ramos Ruiz, Francisco Javier Romera Ruiz.

O.93. Bacterias del almendro como agentes de biocontrol: evaluación *in vitro* del antagonismo contra patógenos. Lorena Sanz, Isabel Cored, Soledad Martos, Jordi Cabrefiga, Jordi Luque.

Sesiones Simultáneas 5A: HTS en diagnóstico y genómica comparativa.

Sala Plenaria

O.94. Detección temprana de Verticilosis de olivo con espectroscopía y algoritmos de aprendizaje automático. María Teresa García López, Alberto Jesús Jiménez Valera, Dolores Rodríguez Jurado, Victorino Vega Macías, Juan Carlos Hidalgo, Carlos Camino, José Antonio Jiménez Berni.

O.95. Uso de perfiles plasmídicos en la vigilancia epidemiológica de *Xylella fastidiosa* en la Comunidad Valenciana. Pilar Velasco Amo, Concepción Olivares García, Miguel Román Écija, Luis F. Arias Giraldo, David Cubillo Pérez, Montserrat Roselló, Lourdes Rius, Silvia Barbé, Juan A. Navas Cortés, Blanca B. Landa.



O.96. Genómica comparativa de plásmidos nativos de bacterias patógenas de plantas de la clase Gammaproteobacteria. Miriam Urriza, Giulio Dimaria, Luiz Oliveira, Vittoria Catara, Ana Beatriz Fernández, Jesús Murillo.

O.97. Chromosomal dynamics as a source of genomic plasticity in the soil-borne pathogen *Fusarium Oxysporum*. Lucía Gómez Gil, Cristina Lopez Diaz, Dilay Hazan Ayhan, María Victoria Aguilar Pontes, Li-Jun Ma, Antonio Di Pietro.

Sesiones Simultáneas 5B: Patogenicidad y Resistencia.

Sala San Zoilo

O.98. Patogenicidad de cepas de *Xylella fastidiosa* de distintas subespecies y STs en *Nicotiana benthamiana*. Aniol Buisac, Beatriz Gascón, Laura Montesinos, Rosa Bohórquez, Emilio Montesinos.

O.99. Performance of six *Prunus* spp. rootstocks under drought stress and co-inoculated with the root rot pathogen *Armillaria mellea* and AMF *Rhizoglyphus irregulare*. Pablo Vargas, Carme Biel, Xavier Parladé, Amèlia Camprubí, Cinta Calvet, Luciana Castro, Amaia Nogales.

O.100. Resistance to cucumber green mottle mosaic virus (CGMMV) in cucumber. Esperanza Gea Caballero, Almudena Castillo López, Jesús Abad Martín, Miguel Ángel Aranda Regules.

O.101. ¿Qué es la Tolerancia?: Mecanismos genéticos y moleculares. Laura Elvira González, Todd Blevins, Valérie Schurdi-Levraud, Manfred Heinlein.

Sesiones Simultáneas 5C. Otras.

Sala Julio Romero de Torres

O.102. Modelo experimental para el aislamiento y selección de hongos endófitos entomopatógenos para el control de plagas en el bosque mediterráneo (ensayo sobre *T.molitor*). Álvaro Benito Delgado, Sergio Díez Hermano, Julio Díez Casero.

O.103. Nanotecnología aplicada a la gestión sostenible de *Botrytis cinerea* en viticultura. Eva Sánchez Hernández, J. García Martín, Alberto Santiago-Aliste, Jesús Martín-Gil, Pablo Martín-Ramos.

O.104. La secuenciación híbrida de los genomas de *Penicillium rubens* revela la presencia de Numts en el ADN nuclear y la ausencia de genes específicos para el biocontrol. Elena Requena, Javier Veloso, Paloma Melgarejo, Eduardo Antonio Espeso, Inmaculada Larena.



O.105. Responsabilidad Civil de los Asesores de Productos Fitosanitarios. José Carbonell Castelló, Manuel Chalud Del Corral.



COMUNICACIONES PÓSTER



Comunicaciones Póster

Área: Detección y Diagnóstico

P.2. Prospección e identificación de virosis del tomate en la Región de Murcia. *Modesto del Pino Pérez, Carmen María Lacasa Martínez, Antonio Monserrat Delgado.*

P.3. Síndromes de decaimiento del almendro: un complejo de micosis, bacteriosis y factores abióticos. *Carlos Agustí-Brisach, Begoña I. Antón-Domínguez, Ana López-Moral, María C. Raya, María Lovera, Luis F. Roca, Carmen Luque-Cruz, Octavio Arquero, Antonio Trapero.*

P.4. Identification of a recombinant Old World/sweepovirus begomovirus infecting *Ipomoea eriocarpa* in Sudan. *Heyam Mohammed Babiker, Marmar A. El Siddig, Adil A. El Hussein, Jesús Navas-Castillo, Elvira Fiallo-Olivé.*

P.5. Identificación de whitefly-associated begomovirus 7 en *Achyranthes sicula* y patogenicidad en tomate. *Ismael Trujillo Artero, Eduardo de la Lastra, Elvira Fiallo Olivé, Jesús Navas Castillo.*

P.6. Evaluación de técnicas de PCR para la detección de *Rhizobium radiobacter* (syn. *Agrobacterium tumefaciens*). *Gemma Roselló, Beatriz Gascón, María Dolores Jiménez, Emilio Montesinos, Laura Montesinos.*

P.7. Caracterización morfológica, molecular y patogénica de especies de *Alternaria* causantes de la alternariosis del manzano en Catalunya. *Zohra El Khattabi, Concepció Moragrega, Isidre Llorente.*

P.8. Diversidad de especies de *Alternaria* causantes de lesiones en hojas y frutos en manzano en Catalunya basada en nuevos marcadores moleculares. *Marc Vila De Vargas, Maria Pla, Isidre Llorente, Concepción Moragrega.*

P.9. Primera cita en Portugal de *Fusarium Oxysporum* f. sp. *fragariae* raza 1. *Pablo Prieto Rodríguez, Ana María Pastrana, Celia Borrero, Manuel Avilés.*

P.10. Primera cita de podredumbre radicular causada por *Fusarium Oxysporum* en *Prunus cerasifera* en España. *Javier Ordoñez, Ana María Pastrana, Celia Borrero, Manuel Avilés.*

P.11. Validación de un método de qPCR para la detección específica de *Neopestalotiopsis* spp. en muestras de planta de fresa y suelo. *Ana María Pastrana, Patricia López, Nuria María Montes, Celia Borrero, Manuel Avilés.*

P.12. Nematodos del género *Paratylenchus* en la rizosfera del olivo en la Cuenca Mediterránea. *Rosana Salazar-García, Juan E. Palomares-Rius, Ilenia Clavero-Camacho,*



Carolina Cantalapiedra-Navarrete, Alba N. Ruiz-Cuenca, Pablo Castillo, Antonio Archidona-Yuste.

P.13. Reliability of high-throughput sequencing for the sanitary certification of viruses in fruit trees. *Francisco Guillén Chable, Pedro Javier Escobar Turriza, Alejandro Pereira-Santana, Alejandro Zamora Briseño, Carlos Lahoz Crespo, Leonardo Velasco.*

P.14. Efecto antifúngico de la albociclina producida por *Streptomyces* sp. frente a *Verticillium dahliae*. *Rebeca Cobos, Carla Calvo-Peña, José María Sánchez-López, Ana Ibáñez, Juan José R. Coque.*

P.15. Aplicación de Secuenciación de Alto Rendimiento para Diagnóstico de Enfermedades en Cítricos. *Félix Morán, Edson Bertolini, Sofía Carvajal, Camilo Paredes-Tomás, Maritza Luis-Pantoja, Julia Lesher-Gordillo, Silvia Barbé, Ester Marco-Noales.*

P.16. Caracterización de los hongos asociados a enfermedades de madera de la viña en parcelas de la Denominación de Origen Valle de La Orotava (Tenerife, España). *Santiago Perera González, Christian Rodríguez García, Jonay Delgado Hernández, Eugenia Trujillo García, David Hernández Hernández, Ana Espino de Paz, Felipe Siverio de la Rosa.*

P.17. Evaluación de técnicas moleculares para el diagnóstico de *Phytophthora cinnamomi* Rands en el sistema de control de calidad de los plantones de aguacates producidos en los viveros de Canarias. *Leandro de León Guerra, Laura María Pulido Suárez, Ana Espino de Paz, Felipe Siverio de la Rosa, Ana Rodríguez Pérez.*

P.18. Nuevo procedimiento de diagnóstico y caracterización genética de *Xylella fastidiosa* en plantas e insectos. *Maria Pilar Velasco-Amo, Luis F. Arias-Giraldo, Concepción Olivares-García, Juan Imperial, Blanca B. Landa.*

P.19. Avances en la diversidad genética de la especie *Olivavirus flavioleae* con implicaciones en diagnóstico. *Ana Belén Ruiz García, José Malagón Cañizares, Manuel Ruiz Torres, Sergio Paz Compañ, Antonio Olmos Castelló.*

P.20. Determinación de infecciones virales mixtas en cultivos de Tamarillo (*Solanum betaceum*) en Nariño, Colombia. *Carolina Martínez Moncayo, Tulio Cesar Burbano Lagos, Juan José López Moya, Clara Ontañón, Inmaculada Ferriol.*

P.21. Detección del virus del amarilleo clorótico de las cucurbitáceas (CCYV) mediante RT-LAMP a tiempo real. *Ángela Martínez Fernández, Esmeralda Sanahuja Edo, Ana Alfaro Fernández, Isabel Font San Ambrosio, Josemaría Delgado-Martín, Luis Galipienso, Luis Rubio.*

P.22. Detección simultánea de *Xylella fastidiosa*, *Xanthomonas citri* y “*Candidatus Liberibacter*” mediante qPCR en cítricos. *Silvia Barbé, Félix Morán, Jacobo Dobón, Laura Santamaría, Edson Bertolini, Sofía Carbajal, Maritza Luis-Pantoja, Julia Lesher-Gordillo, Alberto Gochez, Ester Marco-Noales.*



P.23. Enfermedades detectadas en el cultivo del aguacate en condiciones semi-áridas en la Comunidad Valenciana. Ana María Pérez Sierra, Carlos Salas, Miguel Angel Cañaveras, Antonio Vicent.

P.24. Nematicidal potential of *Mentha x rotundifolia* hydrolate by-product. María Fe Andres Yeves, Carmen Elisa Diaz Hernandez, Juliana Navarro Rocha, Azucena Gonzalez Coloma.

P.25. Detección e identificación del fitoplasma causante de flavescencia dorada de la vid en Galicia. Pilar Piñón, Rosa Pérez, Carmen Salinero, Olga Aguín, Personal Técnico.

P.26. Especies del género *Colletotrichum* detectadas en aguacate en Galicia. Pilar Piñón, Cristina Rial, Olga Aguín, Andrea Abelleira, Carmen Salinero.

P.27. Detección de *Paratylenchus enigmaticus* asociado al cultivo de lechuga en Galicia. Noelia Regueira Paz, Pilar Piñón Esteban, Adela Abelleira Argibay, Olga Aguín Casal, Carmen Salinero Corral.

P.28. Especies de nematodos fitoparásitos detectadas en diferentes cultivos en Galicia. Noelia Regueira Paz, Pilar Piñón Esteban, Adela Abelleira Argibay, Olga Aguín Casal, Carmen Salinero Corral.

P.29. Polerovirus en cultivos de pimiento en España. Ana Alfaro Fernández, Esmeralda Sanahuja Edo, Paloma Castillo, Juan Carlos Blanco, María Isabel Font San Ambrosio.

P.30. Microbiota fúngica y bacteriana asociada al daño interno de la cebolla en Castilla-La Mancha. Laura Gálvez, Rocío López-Gómez, Simón Albonis, Daniel Palmero.

P.31. Identification of fungal isolates from diseased *Conyza bonariensis* and *Conyza canadensis* plants in Spain. Monica Fernandez-Aparicio, Concepción Olivares García, Juan A. Navas Cortés, Antonio Cala Peralta, Jesus Zorrilla, Rafael Castillejo Fernández, Susana Vilariño Rodríguez, Blanca B. Landa.

P.32. Potexvirus en cultivos de pitahaya en España. Ana Alfaro-Fernández, Esmeralda Sanahuja-Edo, Marina Casas-Fernández, Araceli Iborra-Font, Iratxe García-Bascuñan, Alejandro Aymerich Perez, María Isabel Font-San-Ambrosio.

P.33. Patógenos de pistachero descritos en la Comunidad de Madrid. Belén Álvarez, Alicia Rodríguez-Cárdenas, Sandra Bielsa-Lozoya, Lilyana Tihomirova-Hristova, Marta Adalia-Mínguez, Esther Morate-Gutiérrez, Eduardo Fernández-Suela, Noelia Ramírez-Martín, Jesús Alegre, Pablo Garcia-Estringana.

P.34. Interceptación de tobamovirus en semilla comercial de tomate y pimiento procedentes de países terceros. Esmeralda Sanahuja-Edo, Ana Alfaro-Fernández, Pablo Muñoz-Ortega, Ana



Gallach-Martínez, Jesús Ángel Sánchez-Navarro, Vicente Pallás-Benet, María Isabel Font-San-Ambrosio.

Área: Epidemiología

P.35. Evolución de la fusariosis vascular de la lechuga en la Región de Murcia. Determinación de razas. *Maria del Mar Guerrero Díaz, Carmen María Lacasa Plasencia, Victoriano Martínez, Sandra Alcázar, Daniel Soler, María Carmen Martínez, Josep Armengol, Maela León, María Del Carmen Rodríguez Molina.*

P.36. Estudio del ciclo de la septoriosis y la alternariosis en el cultivo del pistacho. *Pablo García-Estringana, Noelia Ramírez Martín, Eduardo Fernández Suela, Jesús Alegre, María Belén Álvarez, Donato Plaza, Esther Cogolludo.*

P.37. La importancia relativa de factores locales y globales sobre la variabilidad morfométrica y molecular de nematodos anillados (*Xenocriconemella* spp.) en sistemas forestales. *Inmaculada Criado-Navarro, Carolina Cantalapiedra-Navarrete, Walter Peraza-Padilla, Jorge Martín-Barbarroja, Guillermo León-Ropero, Roger Bryan Lucas-Vasconez, Ilenia Clavero-Camacho, Juan E. Palomares-Rius, Pablo Castillo, Antonio Archidona-Yuste.*

P.38. Proteínas pequeñas codificadas por el genoma de tomato chlorosis virus: ¿involucradas en la transmisión?. *Ana Isabel Cotilla-Martín, Jesús Navas-Castillo, Elvira Fiallo-Olivé.*

P.39. Genética de poblaciones del hongo *Dactylonectria torresensis* en vid. *Ester Abarquero, Emilia Diaz-Losada, Jose Luis Ramos Sáez de Ojer, Óscar González López, Rebeca Bujanda, Catarina Leal, Mónica Berbegal, David Gramaje.*

P.40. Caracterización de especies de *Cytospora* aisladas de heridas de poda en vid. *Catarina Leal, Rebeca Bujanda, Milan Spetik, Ales Eichmeier, David Gramaje.*

P.41. Perfil de resistencia a fungicidas de una población de aislados de *Monilinia fructicola* y *M. laxa* en huertos comerciales de melocotón y nectarina del Valle del Ebro. *Rosario Torres, Inmaculada Larena, María Gómez, Paloma Melgarejo, Neus Teixidó, Antonieta De Cal, Belen Guijarro.*

P.42. Contribución del mírido *Nesidiocoris tenuis* (Reuter) en la transmisión del virus rugoso del tomate. *Modesto del Pino, Carmen María Lacasa, Noelia Vallejos, Marta Rabadán, Carlos Ventura Padilla, Antonio Monserrat.*

P.43. Vectores y huéspedes de *Xylella fastidiosa* en las Islas Baleares: captura de vectores, detección de subespecies e fuentes de inóculo en agroecosistemas representativos. *Miquel Llompart Cifre, Jonatan Ortega Lázaro, Jordi Sabaté Rabella.*



P.44. Resistencia de diferentes portainjertos de *Pistacia* a *Verticillium dahliae* en campos naturalmente infestados. Begoña I. Antón-Domínguez, Octavio Arquero, María Lovera, Antonio Trapero, Carlos Agustí-Brisach, Carlos Trapero.

P.45. Estrategias de Supervivencia de *Xanthomonas vesicatoria* y *Xanthomonas euvesicatoria*: influencia de los factores ambientales en la formación de biopelículas. Cristina Redondo Casero, Jaime Cubero Dabrio.

P.46. Efecto de los factores abióticos en el crecimiento de *Geotrichum candidum* y *Pichia kluyveri*. Júlia Borrás-Bisa, Neus Teixidó, Cristina Solsona, Rosario Torres, Carla Casals.

P.47. Sistema de alta eficiencia para la selección de genotipos de peral resistentes a enfermedades. Rubén Rufo Gómez, Ernesto Franco, Óscar Crespo Romo, Lidia Lozano, Jordi Cabrefiga Olamendi.

P.48. Moniliosis en almendros del Valle del Ebro: Sensibilidad varietal y fenológica. Erick Zúñiga, Rosario Torres, Xavier Miarnau, Laura Torquet, Lidia Aparicio, Carla Casals.

P.49. Espectroscopía y fluorescencia de clorofila para la caracterización racial de roya amarilla en trigo. María Teresa García López, María Francisca Ruz Ruiz, Juan Rafael Porras Pérez, Josefina Carmen Sillero Sánchez de Puerta, José Antonio Jiménez Berni.

P.50. Modelización global del riesgo de *Fusarium Oxysporum* f. sp. cubense raza TR4 mediante imágenes satelitales. Valle Egea-Cobrero, Juan Moral, Rocío Calderón.

P.51. ¿Es posible que la sequía altere la interacción del vector del virus del mosaico del pepino y su planta huésped? Miluska López, Jaime Jiménez, María Plaza, Aranzazu Moreno, Alberto Fereres.

P.52. Detección temprana de enfermedades vasculares en olivo y almendro con sensores proximales. Miguel Román-Écija, Guillermo León-Ropero, José Luis Trapero-Casas, Bárbara M. Quetglas-Calvó, Blanca B. Landa, Juan A. Navas-Córtés.

P.53. Epidemiología de *Erwinia amylovora* en el norte de Argelia. Lina Talhi, Silvia Barbé, Inmaculada Navarro-Herrero, Mohammed Sebaihia, Ester Marco-Noales.

P.54. Riesgo de introducción de bacterias de cuarentena a través de frontera: *Ralstonia solanacearum*. Silvia Barbé, Inma Navarro-Herrero, Adela Monterde, Raquel Bertí, Félix Morán, Carlos Sala-Sierra, Ester Marco-Noales.

P.55. Vectores, huéspedes y cepas de Flavescencia Dorada en Girona: estudio de su dispersión y reemergencia para una erradicación efectiva. Honorat Sabater Anticó, Jordi Mateu Pozuelo, Núria Real Tortosa, Jordi Sabaté Rabella.



P.56. Distribución geográfica de las razas de *Fusarium Oxysporum* f. sp. *lactucae* en lechuga de España. Moisés de León, Daniel Palmero, Laura Gálvez.

P.57. Detección de infecciones latentes para validar un modelo de predicción de Repilo en olivo. Lorenzo Chiapparoli, Andrés Felipe Pascagarza, Maela León, Catarina Leal, Rebeca Bujanda, Elisa González-Domínguez, Mónica Berbegal.

Área: Gestión de Enfermedades

P.58. Tras la búsqueda de nuevos aliados y sinergias: selección de nuevas cepas de *Bacillus* y confirmación de la eficacia de productos in vitro. M. Mercedes Maldonado González, María Sánchez García, Laura Martínez Pozuelo, María Pérez Guirao, Jorge Malo López-Román, Antonio Bernal Soro.

P.59. Estrategias para el control de la mancha ocre del almendro basadas en la reducción del inóculo primario de *Polystigma amygdalinum*. Gemma Pons-Solé, Elisenda Castellet-Godall, Lidia Aparicio-Durán, Laura Torguet, Xavier Miarnau, Jordi Luque.

P.60. Análisis de QTLs sobre la susceptibilidad a la mancha ocre del almendro. Alejandro Calle, Gemma Pons-Solé, Núria Real, Laura Torguet, Xavier Miarnau, Iban Eduardo, Ignasi Batlle, Jordi Luque.

P.61. Enmienda del suelo con compost para reducir a *V. dahliae* introducido mediante el riego. Dolores Rodríguez-Jurado, Juan Carlos Hidalgo-Moya, Javier Hidalgo-Moya, Victorino Vega-Macías.

P.62. Productos comercializados como mejoradores de la nutrición afectan a la Verticilosis del olivo. Dolores Rodríguez-Jurado.

P.63. Bioprotección de la antracnosis del olivo causada por *Colletotrichum* spp. mediante extractos de granada y algarrobo. Begoña I. Antón-Domínguez, Luiza Sánchez-Pereira, Paula Baptista, Carlos Agustí-Brisach.

P.64. Selección de microorganismos beneficiosos como potenciales agentes de control biológico frente a la Verticilosis del olivo. Ola Muhammed-Ahmed, Ana López-Moral, María C. Raya, Francisco Javier López-Escudero, Antonio Trapero, Carlos Agustí-Brisach.

P.65. Efecto de la refrigeración de los trasplantes de fresa sobre su colapso por *Neopestalotiopsis* spp. Manuel Avilés, Patricia López, Ana María Pastrana, Celia Borrero.

P.66. Selección de agentes de control biológico potenciales frente a *Colletotrichum godetiae*, agente causal de la antracnosis del olivo. Luiza Sánchez-Pereira, Begoña I. Antón-Domínguez, Andrea Caneo, Antonio Trapero, Carlos Agustí-Brisach.



P.67. Adquisición y transmisión de bacteriófagos por insectos vectores de *Xylella fastidiosa*. Miriam Simó-Esquivel, Saul Bernat-Ponce, Rosalía García-García, Paloma Mancebo, Francisco Beitia, Juan Pedro Bouvet, Maria Luisa Domingo-Calap, Pilar Domingo-Calap, Ester Marco-Noales.

P.68. Metabolitos producidos por cepas de *Pseudomonas fluorescens* y *Bacillus velezensis* contra *Xylella fastidiosa*. Núria Daranas, Gemma Roselló, Emek Aslan, Esther Badosa, Emilio Montesinos, Anna Bonaterra.

P.69. New development of low-risk microbial biopesticides. Belén Guijarro, José Luis Alonso Prados, Antonis Chatzinotas, Stéphane Declerc, Monica Cristina Garces Ruiz, Angela Sessitsch, Günter Brader, Papadopoulou Kalliope, Dimitrios karpouzas.

P.70. Potenciación del antagonismo de *Trichoderma* sp. con el uso de pentacloronitrobenceno. Juan Antonio Martínez López, Carlos Navarro Marín.

P.71. Péptidos dirigidos a lipopolisacáridos contra *Xylella fastidiosa*. Pau Caravaca-Fuentes, Marta Planas, Lidia Feliu, Emilio Montesinos.

P.72. Efectos de la desinfestación de suelos sobre la red trófica edáfica durante un ciclo de cultivo en hortícolas bajo abrigo. Miguel Talavera Rubia, María Dolores Vela Delgado.

P.73. Quienes usan control biológico y cómo afecta a su desempeño: el caso de los invernaderos de tomate en Andalucía. Edoardo Baldoni.

P.74. Estudio transcriptómico del mecanismo de la proteína antifúngica PeAfpA frente a *Penicillium digitatum*. Carolina Roperó-Pérez, Moisés Giner-Llorca, Mónica Gandía, Sandra Garrigues, Paloma Manzanares, Jose F. Marcos.

P.75. Escalado de la producción de la proteína antifúngica PeAfpA utilizando hongos filamentosos como biofactorías. Stefani de Ovalle, Sandra Garrigues, Antonio abad-Fuentes, Josep V. Mercader, Jose F. Marcos, Paloma Manzanares.

P.76. Nueva cepa no fitopatógena de *Botrytis cinerea* como agente de biocontrol. Cristina Pinedo, Eliane Oliveira, Virginia Casado, Ernesto Pérez Benito, Josefina Aleu, Isidro G. Collado.

P.77. Resistencia a cobre de cepas españolas de *Xanthomonas* spp. Isabel María Berruete Rodríguez, José Luis Palomo, Jorge Iribarren, Jaime Cubero, Ana Palacio Bielsa.

P.78. Optimización de la desinfestación anaeróbica de suelo para controlar la Verticilosis en fresa. Celia Borrero, Paloma Hernández-Muñiz, Javier Ordóñez, Manuel Avilés.

P.79. Efecto de diversas técnicas de cultivo sobre la capacidad de biocontrol de nematodos fitoparásitos del suelo en clima mediterráneo. Ana García Velázquez, Ilenia Clavero



Camacho, Rosana Salazar García, Carolina Cantalapiedra Navarrete, Antonio Archidona Yuste, Pablo Castillo Castillo, Juan Emilio Palomares Rius.

P.80. Revestimientos nano y micrométricos combinados con agentes de biocontrol para aplicaciones postcosecha en frutas. Carla Casals, Marcela Miranda, Cristina Solsona, Rosario Torres, Célia Sánchez, Neus Teixidó.

P.81. *Macrolophus pygmaeus* (Heteroptera: Miridae) induce resistencia sistémica en tomate frente *Meloidogyne* spp. Alejandro Expósito, Pablo Urbaneja-Bernat, Sara Boncompte, Aida Magdalena Fullana, Ariadna Giné, Francisco Javier Sorribas, Jordi Riudavets.

P.82. Evaluación del efecto del compost añadido a un suelo agrícola en condiciones naturales sobre *Orobanche cumana*. Ana Domínguez Carmona, José Alfonso Gómez Calero, Leire Molinero Ruiz.

P.83. Búsqueda y estudio de hongos entomopatógenos eficaces para el control de *Leptoglossus occidentalis* Heidemann (Heteroptera: Coreidae). Rodrigo Pérez García, Sergio Díez Hermano, Alfredo Benavente Martínez, Julio Javier Díez Casero.

P.84. Aislamiento y evaluación de endófitos como bioestimulantes y/o agentes de control biológico en lechuga y olivo. Antonio Vicente Sanz Ros, Verónica Alacid García, Raquel Valdés Illán, Pedro Palazón.

P.85. Persistencia y concentración de *Trichoderma harzianum* T22 en raíz de tomate sobre diferentes sustratos. Francisco Marín Andrés, Alicia Ruiz Rodríguez, Elisabeth Hernández Torres, Jonathan Romero Masegosa, Jose Eduardo Belda Suárez.

P.86. Efecto de la desinfección del suelo sobre la persistencia de ToBRFV en restos vegetales. Carmen María Lacasa Martínez, M. Carmen Martínez, Victoriano Martínez, Inmaculada Fernández, Sandra Alcázar, Noelia Vallejos, Marta Rabadán, Carlos Ventura Padilla, Modesto Del Pino, Antonio Monserrat.

P.87. Control del mildiu de la vid en área productora de Txakoli con reducción de fitosanitarios. Ana Maria Díez Navajas, Mónica Hernández.

P.88. Sensibilidad a los fungicidas Qil y QioSI en poblaciones de *Plasmopara viticola* procedentes de viñedos de Txakoli y Rioja Alavesa. Helene Sánchez-Zelaia, Ana M. Díez-Navajas, Mónica Hernández.

P.89. Natural compounds as sustainable control of *Neofusicoccum parvum*, the causal agent of *Botryosphaeria dieback*. Nieves Capote Maínez, Tarita Furlan, Brittany Oswald, Mark Sosnowski.

P.90. Evaluación de la eficacia de *Bacillus velezensis* UMAF6639 para el control del oídio de las cucurbitáceas (*Podosphaera xanthii*) en pepino (*Cucumis sativus*). Jonathan Romero



Masegosa, Elisabeth Hernández Torres, Alicia Ruiz Rodríguez, Jose Eduardo Belda Suárez, Francisco Marín Andrés.

P.91. Support to urgent authorizations on plant health and pesticides. Maria Villarino, José Luis Alonso-Prados, Filitsa Karamaouna, Per Kudsk, Evangelos Karanasios.

P.92. Explorando el potencial de los bacteriófagos en la lucha contra *Xanthomonas arboricola* pv. *pruni*. Elena G. Biosca, Félix Morán, Nerea García, Rosa Vázquez, Ana Palacio-Bielsa, Sergi Maicas, Belén Álvarez.

P.93. Caracterización de bacteriófagos líticos de *Xanthomonas vesicatoria* con potencial de biocontrol. Elena G. Biosca, Isabel Salas, Rosa Vázquez, Ana Palacio-Bielsa, Belén Álvarez, Sergi Maicas.

P.94. Biocontrol de Enfermedades fúngicas del Lúpulo: Eficacia de cepas de *Streptomyces* spp. contra Fusariosis y Verticilosis. Rebeca Cobos, Seyedehtannaz Ghorehshizadeh, Carla Calvo-Peña, Marina Ruiz-Muñoz, Rebeca Otero-Suárez, Juan José R. Coque.

P.95. Determinación in vitro del efecto de fitoquímicos purificados frente al crecimiento micelial de *Phytophthora cinnamomi*. Rosa López García, Rafel Nocete García, María Socorro Serrano Moral.

P.96. Efecto de la biosolarización en invernadero con cultivos alternativos sobre nematodos, hongos y bacterias del suelo. José Ignacio Marín-Guirao, David Arrescurrenaga, Felipe Peiró, Miguel de Cara.

P.97. Cianobacterias nativas de biocostras de suelos antagonistas de hongos fitopatógenos de origen edáfico. Pilar Águila-Carricondo, José Ignacio Marín-Guirao, Raúl Román, Yolanda Cantón, Miguel de Cara.

P.98. Biosolarización de suelos y sustratos con plantas infectadas con el virus rugoso del tomate. Dirk Janssen, José Ignacio Marín Guirao, Miguel de Cara.

P.99. Eficacia De allyl isocianato (Agroarena®) en la desinfestación de suelos en fresa. Berta De los Santos, David Ruano Rosa, Miguel Talavera Rubia, Luis Miranda Enamorado, José Antonio Gómez Mora, Juan Jesús Medina Mínguez.

P.100. Evaluación de endófitos como agentes de biocontrol frente a especies causantes del decaimiento del aliso. Raquel Del Campo Calvo, Eduardo Pastor Durántez, Genevieve Kuyanyim Adeyiga, Alba Díez Galán, Julio J. Díez Casero.

P.101. Efectividad del control biológico del chancro del castaño en Villuercas (Cáceres) con cepas hipovirulentas. María del Carmen Rodríguez-Molina, Efrén Martín, Iván Ruíz, María Blanca García-García, Paula Serrano-Pérez.



P.102. Eficacia y fitotoxicidad del fosetil-aluminio aplicado mediante endoterapia para el control de *Phytophthora cinnamomi*. Paula Serrano-Pérez, Mikel Cebadero, Laura Ojalvo, Iván Ruiz, Gerardo Moreno, María del Carmen Rodríguez-Molina.

P.103. Actividad antifúngica de la fracción volátil de aceites esenciales y de compuestos fenólicos derivados. Laura Martín, Paula Serrano-Pérez, María del Carmen Galea Gragera, L. Elías Conde, María del Carmen Rodríguez Molina.

P.104. Efecto de bacterias de la rizosfera de olivo y endófitas de raíz de platanera sobre el desarrollo del girasol y sobre el control de infecciones por la planta parásita *Orobancha cumana*. Carmen Gómez-Lama Cabanás, Montserrat Jurado Expósito, Luca Testi, Ana Belén García Carneros, Leire Molinero Ruiz.

P.105. Evaluación de productos fitosanitarios frente a fitopatógenos del cultivo de fresa. David Ruano Rosa, Belén Romero Ufano, Anna Dal Prà, Berta De Los Santos.

P.106. Biocontrol de aislados de *Trichoderma* frente a patógenos fúngicos del cultivo de fresa. Berta De los Santos, Belén Romero Ufano, Anna Dal Prá, David Ruano Rosa.

P.107. Impacto y manejo integrado de infecciones fúngicas ligadas al ataque del nematodo *Tylenchulus semipenetrans* en cultivos de cítricos. Kristell Santander Tarín.

P.108. El silicato cálcico reduce la actividad de *Phytophthora cinnamomi* y la enfermedad en castaño. Paula Serrano-Pérez, Gerardo Moreno, Mikel Cebadero, Laura Ojalvo, Iván Ruiz, María del Carmen Rodríguez-Molina.

P.109. Identification and production of nematicidal metabolites from the endophyte Aa22 (*Stemphylium solani*). Jorge Rojas López Menchero, Maria Fe Andrés Yeves, Carmen Elisa Díaz Hernandez, Azucena González Coloma.

P.110. La diversidad genética del hospedador no impide epidemias severas de patógenos generalistas. Bàrbara M. Quetglas, Marina Montesinos, Ana Pedrosa, Francesc Adrover, Diego Olmo, Juan de Dios García, Andreu Juan, Àlex Giménez-Romero, Manuel A. Matías, Eduardo Moralejo.

P.111. Uso de cultivos de cobertura para el control de *Meloidogyne* en cultivos hortícolas. Aida Fullana, Ariadna Giné, Alejandro Expósito, Manuel Galaviz, Francisco Javier Sorribas.

P.112. Reactivación metabólica de las conidias latentes del agente de biocontrol *Penicillium rubens* cepa 212. Belén Guijarro Díaz-Otero, Yolanda Herranz Fernández, Inmaculada Larena Nistal.

P.113. Control sostenible de la sarna del manzano a través de la gestión del inóculo. Noure Jihan Boualleg, Maria Victoria Salomon, Aramburu Borja, Pere Vilardell, Jordi Cabrefiga.



P.114. Control de la podredumbre acida de la manzana causada por *Colletotrichum chrysophilum*. Jordi Cabrefiga, Maria Victoria Salomon, Borja Aramburu, Pere Vilardell.

P.115. Aislamiento y selección de bacterias frente a patógenos fúngicos del cultivo de fresa. María Camacho, María del Carmen Montero-Calasanz, Berta de los Santos.

P.116. Evaluación preliminar de extractos de piel de granada para el control de la podredumbre por *Rhizopus* en poscosecha de fruta de hueso. Verónica Taberner, María Bernardita Pérez-Gago, Lluís Palou.

P.117. Actividad antagonista de bacterias medioambientales: potencial estrategia sostenible de biocontrol frente a *Xanthomonas vesicatoria*. Belén Álvarez, Isabel Salas, Thais Castellón, Lidia Jorcano, Elena G. Biosca.

P.118. Repurposing natural products from *Artemisia pedemontana* and *Artemisia gorgonum* for parasitic weed management. Monica Fernandez-Aparicio, María Fe Andrés, Antonio Cala Peralta, Carmen Elisa Díaz Hernández, Paula Sainz, Nuria Chinchilla, Alejandro Santana, José M. González Molinillo, Rosa M. Varela, Azucena González Coloma.

P.119. Incorporación de eugenol en recubrimientos a base de proteína de suero lácteo y proteína de soja para el control de las podredumbres azul y amarga en mandarina. Laura Settler Ramírez, Paloma Quintanilla, Verónica Taberner, Lluís Palou, María Bernardita Pérez Gago.

Área: Interacción Planta-Patógeno/Microbioma Vegetal

P.120. Comparative analysis of RNAi and innate immunity induced by dsRNA in response to Potato virus X. Khoulood Necira, Lorenzo Contreras, Efstratios Kamargiakakis, Mohamed Selim Kamoun, Tomás Canto, Francisco Tenllado.

P.121. Engineering VIGS vectors by modifying movement proteins of the 30K family. David Villar Álvarez, Jose Antonio Navarro Bohigues, Vicente Pallás Benet, Jesús Ángel Sánchez Navarro.

P.122. La desmetilasa de RNA ALKBH9B: propiedades bioquímicas e interacción con el AMV. Victor Gonzalez-Silva, Frederic Aparicio Herrero, Vicente Pallás Benet.

P.123. Evaluación de la susceptibilidad de variedades de patata a *Fusarium sambucinum*. Enrique Ritter, Leire Barandalla, Amaia Ortiz, Izaskun Abaroa, Jose Ignacio Ruiz de Galarreta.

P.124. Diferencias en el proceso temprano de infección de las especies de *Monilinia* spp. causantes de la podredumbre parda en nectarinas. Juan Diego Astacio, Silvia Rodríguez Pires, Paloma Melgarejo Nardiz, Antonieta De Cal y Cortina, Eduardo Espeso.



P.125. Diversidad funcional de las comunidades de biocontrol como herramienta para crear consorcios y mejorar su eficacia. *Inmaculada Larena, Belen Guijarro, Maria Villarino, Paloma Melgarejo, Antonieta De Cal.*

P.126. Functional analysis of the Tobacco rattle virus-encoded 16kDa protein via subcellular localization and identification of host-interacting factors. *Carmen Robinson, César Llave.*

P.127. Optimización de la producción y condiciones de inoculación de *Stemphylium botryosum* en lenteja. *Mario González, Eleonora Barilli, Nicolás Rispail, Diego Rubiales.*

P.128. Asymptomatic watermelon mosaic virus variant confers drought tolerance in cucurbit plants. *Mikhail Oliveira Leastro, Frederic Aparicio Herrero, Jesús Ángel Sánchez-Navarro, Vicente Pallás.*

P.129. WhpR, un regulador transcripcional de la virulencia en el patógeno de huéspedes leñosos *Pseudomonas savastanoi* pv. *savastanoi*. *Antonio Arroyo Mateo, Luis Rodríguez Moreno, Cayo Ramos.*

P.130. Efecto de hongos causantes de chancros en parámetros ecofisiológicos del olivo. *María Isabel Márquez Pérez, Ahlam Drissi El Bouzaidi, Cristina Estudillo Cazorla, Pilar Rallo Morillo, Concepción Muñoz Díez, Álvaro López Bernal, Juan Moral Moral.*

P.131. Metaproteómica de la microbiota asociada a la interacción entre *Botrytis cinerea* y vid durante el desarrollo de la podredumbre noble. *Almudena Escobar-Niño, Francisco Javier Fernandez Acero.*

P.132. Rutas alternativas de producción de Ácido Indol-3-Acético en *Pseudomonas savastanoi*. *Adrián Pintado, Antonio Arroyo-Mateo, Victoria Pastor, Victor Flors, Luis Rodríguez-Moreno, Cayo Ramos.*

P.133. Hipovirulencia inducida por micovirus en cepas procedentes de aislados de campo de *Botrytis cinerea*. *María A. Ayllón, Julián Méndez García, Verónica López Alejandre, Julio Rodríguez Romero.*

P.136. Transcriptome analysis of a novel *Colletotrichum graminicola* chloroplastic effector during early maize leaf infection. *Francisco Borja Cuevas-Fernández, Sioly Becerra, Pablo García-Rodríguez, Silvia Gutiérrez-Sánchez, Lucía Rodríguez-Mónaco, Eduardo A. Espeso, Michael R. Thon, Serenella A. Sukno.*

P.137. Análisis funcional de la secuencia y estructura de los deltasatélites. *Elvira Fiallo-Olivé, Jesús Navas-Castillo.*

P.138. Contribución de la colección de microorganismos MAPYS al conocimiento del microbioma agrícola del sureste español. *Juan Antonio Martínez López.*



P.139. Perfiles hormonales y de genes de defensa en almendros afectados por mancha ocre (*Polystigma amygdalinum*). Núria Real, Gemma Pons-Solé, Mercè Llugany, Soledad Martos, Jordi Luque.

P.140. Decoding the intricate auxin-mediated regulation of feeding-site formation of endoparasitic nematodes. Patricia Abril Urías, Virginia Ruiz Ferrer, Javier Cabrera, Rocío Olmo, Ana Claudia Silva, Fernando Día Manzano, Jose Domínguez Figueroa, Carmen Fenoll, Carolina Escobar.

P.141. Expresión de GFP y Rosea1 en *Nicotiana benthamiana* utilizando tomato chlorosis virus como vector. Ana Cristina García-Merenciano, José Manuel Pérez-Barea, Juan de Dios Alché, Elvira Fiallo-Olivé, Jesús Navas-Castillo.

P.142. Análisis transcriptómico y mediante microscopia del proceso de infección de *Monilinia* spp. En flores de nectarino. Maria Villarino, Francisco Borja Cuevas, Elena Requena, Silvia Rodríguez-Pires, Eduardo Antonio Espeso, Javier Veloso, Paloma Melgarejo, Antonieta De Cal.

P.143. Mejora de la eficiencia del sistema CRISPR/Cas9 en el hongo fitopatógeno *Penicillium digitatum*. Carolina Ropero-Pérez, Jose F. Marcos, Paloma Manzanares, Sandra Garrigues.

P.144. Morfogénesis y toxicidad: función dual de la luz en la fisiología de *Botrytis cinerea*. Vlad Paul Mihaila Novac, Virginia Casado del Castillo, Alessandro Gabrielli García, José María García Fernández, José María Díaz Mínguez, Ernesto Pérez Benito.

P.145. Análisis genético de nuevos mutantes naturales no agresivos de *Botrytis cinerea*. Alessandro Gabrielli García, Vlad Paul Mihaila Novac, José María García Fernández, Virginia Casado del Castillo, José María Díaz Mínguez, Ernesto Pérez Benito.

P.146. Efectos de *Dactylonectria macrodidyma* en el microbioma de la rizosfera y endosfera de la vid. Catarina Leal, Maria Julia Carbone, Ales Eichmeier, Tomas Kiss, Dorota Tekielska, Rebeca Bujanda, David Gramaje.

P.147. MultispeQ como herramienta asequible para analizar la respuesta fisiológica de guisantes frente a *Aphanomyces euteiches*. Sara Rodríguez-Mena, Diego Rubiales, José Antonio Jiménez-Berni, Mario González.

P.148. Differential expression of miRNAs in plants treated with topically applied double-stranded RNAs. Sara Zarrabi, Masoud Shams, Leonardo Velasco.

P.149. Buscando una aguja en un pajar: Detección y cuantificación de la cepa *Bacillus amyloliquefaciens* AH2 formulada en el producto Botrybel desarrollado por Probelte SAU.



M. Mercedes Maldonado González, María Sánchez García, Laura Martínez Pozuelo, Pablo López Navarro, María Pérez Guirao, Jorge Malo López-Román, Antonio Bernal Soro.

P.150. Caracterización metabólica del aislado B116 de *Botrytis cinerea*: superproducción de sesquiterpenos del tipo (ϵ)-4-epi-eremofilenoles. Nuria Cabrera Gómez, Virginia Casado del Castillo, Ernesto Pérez Benito, Josefina Aleu Casatejada, Isidro González Collado.

P.151. Análisis de transcriptómica diferencial de cepas de *Xanthomonas* en distintas condiciones nutricionales. Pilar Sabuquillo Castrillo, Cristian Portillo García, Jaime Cubero Dabrio.

P.152. Evaluación de efectores necrotróficos de *Monilinia fructicola* en la biosíntesis de etileno en nectarinas. Anselmo López Sánchez-Ortiz, Núria Vall-Illaura, Carla Casals, María Gómez, Rosario Torres.

P.153. Implicación del T6SS de *Pseudomonas chlororaphis* aisladas de aguacate en la competitividad bacteriana. Rafael Villar Moreno, Antonio de Vicente, Patricia Bernal Guzmán, Francisco M. Cazorla López, Eva Arrebola.

P.154. Un consorcio microbiano de biocontrol presenta efectos beneficiosos frente a estrés por altas temperaturas. Sandra Tienda, José Antonio Gutiérrez-Barranquero, Rafael Villar Moreno, Antonio de Vicente, Francisco Manuel Cazorla.

P.155. Identification and examination of the RNA2-encoded cleavage sites of fabaviruses. Nicolás González-Calero Totoki, Natanael Espaillat Concepción, Juan José López-Moya, Inmaculada Ferriol.

P.156. Estudio transcriptómico de la interacción *Penicillium rubens*-tomate. Elena Requena, Javier Veloso, Eduardo Antonio Espeso, Inmaculada Larena.

P.157. Geminivirus Tomato Leaf Curl New Delhi Virus India (IN) and Spain (ES), two isolates with different host range. Verónica Pérez Rubio, Isabel M Fortes, Beatriz Romero Rodríguez, Elena Aledo-Esteban, Ulises Galvan-Moreno, Enrique Moriones, Araceli G.Castillo.

P.158. Selección preliminar de *Bacillus* del almendro como agentes de biocontrol contra hongos patógenos. Lorena Sanz, Hongmei Quer-Sopeña, Soledad Martos, Jordi Cabrefiga, Jordi Luque.

P.159. Identificación de micovirus en especies de *Fusarium* endófitas de plataneras de Canarias. Patricia Brito-López, María Carmen Cañizares, Raquel Correa-Delgado, Federico Laich, María Dolores García Pedrajas.

P.160. La expresión haustorial de una bilirrubina oxidasa promueve la patogénesis de *Podosphaera xanthii*. Laura Ruiz-Jiménez, Álvaro Polonio, Alejandro Pérez-García, Dolores Fernández-Ortuño.



P.161. Combined effect of viral infection and temperature on the gene response of melon and zucchini plants with different levels of temperature tolerance. *Celia de Moya Ruiz, María Pilar Rabadán, Pedro Gómez López.*

P.162. Plataforma de fenotipado para detección temprana de *Xylella fastidiosa* en olivo mediante imágenes hiperespectrales. *Valle Egea-Cobrero, José A. Jiménez-Berni, Alberto Hornero, Guillermo León-Ropero, Miguel Román-Écija, Pablo J. Zarco-Tejada, Juan A. Navas-Cortés, Blanca B. Landa.*

P.163. Caracterización funcional de bacterias del xilema como agentes de control biológico de patógenos vasculares. *Lucía Alonso-Villar, Noris J. Flores-Duarte, María del Pilar Velasco-Amo, Miguel Román-Écija, Concepción Olivares-García, Juan Antonio Navas-Cortés, Carmen María Haro-Mariscal, Blanca B. Landa del Castillo.*

P.164. Avances en la caracterización de la tolerancia a ToLCNDV en pepino. *Sofía Ochoa, Alicia Sifres, Miguel Leiva-Brondo, Cristina Sáez, Carmelo López, Cristina Esteras.*

P.165. Cellular assessment of Mediterranean oat varieties and landraces reveals different defense strategies against crown rust. *Gracia Montilla-Bascón, Francisco J Canales, Edyta Paczos-Grzeda, Sylwia Sowa, Elena Prats.*

P.166. Unraveling stomatal and photosynthetic dysfunctions associated with resistance responses in oats: Implications for breeding stress-resistant varieties. *Francisco José Canales, Elena Prats, Gracia Montilla Bascon.*

P.167. Identifying genetic markers for yellow dwarf virus resistance in Mediterranean oats. *Gracia Montilla Bascon, Francisco José Canales, Wubi A. Bekele, Catherine Howarth, Tim Langdon, Nicolas Rispail, Elena Prats.*

P.168. GWAS analysis reveals key genetic markers for crown rust resistance in Mediterranean oats. *Francisco J Canales, Wubishet A Bekele, Catherine Howarth, Tim Langdon, Nicolas Rispail, Gracia Montilla-Bascón, Elena Prats.*

P.169. Clade I of the bZIP transcription factors are components of PepMV viral replication organelles. *Jesús R Ubeda, Livia Donaire, Pascual Rodríguez-Sepulveda, Miguel A. Aranda.*

P.170. Cucurbit plant species and virus infection shape the aphid-associated microbiome. *Celia De Moya-Ruiz, Inmaculada Ferriol, Miguel Juárez, Mónica A. Hurtado-Ruiz, Pedro Gómez.*

P.171. Desarrollo de la marchitez tardía del maíz (*Magnaporthiopsis maydis*) en diferentes sustratos y aproximaciones a la microscopía de la infección. *Pilar Zomeño, Azahara Martín, Luca Testi, Inmaculada León, Ana Belén García Carneros, Leire Molinero Ruiz.*



P.172. Simulación de procesos de colonización vascular y de interacciones existentes entre *Xylella fastidiosa* y el microbioma xilemático mediante la utilización de cámaras de microfluídica. Maria Pilar Velasco-Amo, Jaime D. López-Alcalá, Lucía Alonso-Villar, Miguel Román-Écija, Blanca B. Landa.

P.174. Osmac characterisation of the main secreted metabolites from *Fusarium Oxysporum* f. sp. pisi race 1.. Nicolas Rispail, Christian Molinares - Pacheco, M.T. Russo, Marco Massi, Beatriz Pérez - López, Diego Rubiales, Alessio Cimmino.

P.175. Role of root exudate on the specificity of the pea - *Fusarium Oxysporum* interaction and on the resistance to *Fusarium* wilt. Nicolas Rispail, Beatriz Perez López, María Inmaculada Gama - Ruíz, T. Pannullo, Diego Rubiales, Marco Massi, Alessio Cimmino.

P.176. Translation of *Tomato brown rugose fruit virus* viral proteins. José Daniel Guillén Martínez, Miguel Aranda Regules, Verónica Truniger Rietmann.

P.177. Caracterización de genes de resistencia del olivo frente a *Spilocaea oleagina*, causante del Repilo. Cristina Estudillo, Adrián Pérez Rial, Concepción Muñoz Díez, Juan Moral, Jose V Die.

P.178. Explorando la biodiversidad microbiana de la rizosfera de aguacate: agricultura ecológica frente convencional. Blanca Ruiz-Muñoz, Sandra Tienda, Francisco M. Cazorla, José Antonio Gutiérrez-Barranquero.

P.180. Generation of full-length clone and molecular variability analysis of Saffron latent virus, a prevalent pathogen in *Crocus sativus* . Carmen Hernández, Elena Baghernejad, Ana García-Gosp, Jonathan Cáceres, Akbar Dizadji.

P.181. Generation of viral vectors derived from Pepper vein yellows virus-5, a polerovirus threatening pepper cultivation. Miryam Pérez-Cañamás, Marc Balanzá, Ana García-Gosp, Carmen Hernández.

P.182. Analysis of trade-offs between vertical and horizontal transmission in plant-virus interactions. German Dunger, Rocío Galán-Cubero, María Plaza, Aranzazu Moreno, Israel Pagán.

P.183. Análisis transcriptómico de plantas de olivo tras la exposición al filtrado de *Rosellinia necatrix*. Beatriz Santos Casanova, Isabel Narváez Jurado, Elsa Martínez Ferri, Laia Ribalta Campos, Fernando Pliego Alfaro, Elena Palomo Ríos, Clara Pliego Prieto.

P.184. Wheat fungal endophytes as biological control agents against *Zymoseptoria tritici*. Agustina De Francesco, Pilar Vesga, Rocio Tirado Conejo, Inés Vegas, Federico López Moya, Deniz Akdemir, Alejandro Dominguez, Julio Isidro y Sánchez, Andrea Sánchez-Vallet.



P.185. ToFBV: a Blunervirus with systemic movement capability in its natural host. Esmeralda Sanahuja-Edo, Mikhail Oliveira Leastro, Jesús Ángel Sánchez-Navarro, Ana Alfaro-Fernández, María Isabel Font-San-Ambrosio.

P.186. Characterization of the antifungal effect of *Bacillus amyloliquefaciens* against *Fusarium Oxysporum*. Aurora Yáñez Vilches, Carmen Ruiz Roldán, Antonio Di Pietro.

P.187. Antagonistic effect of volatile organic compounds from olive roots endophytic bacteria against the tomato vascular wilt pathogen *Fusarium Oxysporum*. Carlos Navarro Laguna, M. José Cardador Dueñas, Lourdes Arce Jiménez, Carmen Ruiz Roldán.

P.188. Genomics-assisted directed evolution for the development of biocontrol strains in the plant pathogen *Fusarium Oxysporum*. Cristina López Díaz, Dilay Hazal Ayhan, Juan Carlos Carmona Sánchez, Li-Jun Ma, Antonio Di Pietro.

P.189. Intra- and inter- species Quorum Sensing in the vascular wilt fungi *Fusarium Oxysporum* and *Verticillium dahliae*. Alexandra Panagou, Ana Rodríguez López, Rafael Lucena Marín, Antonio Di Pietro.

P.190. An experimental evolution approach to study germination mechanisms in *Fusarium Oxysporum*. Rafael Lucena Marín, Pilar Gutiérrez Escribano, Aurora Yáñez Vilches, Jesús Mercado Blanco, Carmen Ruiz Roldán, Antonio Di Pietro.

P.191. Cytosolic pH as a new mechanism of control in fungal virulence. Melani Mariscal, Tânia R. Fernandes, Antonio Di Pietro.



PONENCIAS INVITADAS



Ponencias Invitadas

Sesión Plenaria I: Epidemiología, Detección y Diagnóstico.

I.1. Tools, patterns and processes involved in emergence of Phytophthora pathogens illustrated with the sudden oak death pathogen *Phytophthora ramorum*

Niklaus J. Grünwald¹

¹ Horticultural Crops Disease and Pest Management Research Unit, USDA ARS, Corvallis, OR 97330

Tipo Comunicación: ORAL

Resumen:

Phytophthora pathogens are fungal like organisms, unrelated to fungi also known as water molds. They continue to emerge on various hosts causing major diseases such as sudden oak death. This talk will outline tools we develop or apply to characterize patterns and processes of pathogen emergence. The invasive oomycete pathogen *Phytophthora ramorum* is causing disease of more than 170 plant species across the United States and Europe. The pathogen exists as 4 distinct clonal lineages in North America and Europe. We will discuss the emergence of this pathogen globally in both nursery and forest ecosystems. In addition, we will focus on Oregon, where the NA1 clonal lineage of *P. ramorum* was first discovered in 2001. Two more lineages, EU1 and NA2, were discovered more recently. We characterized invading populations sampled right after first introduction over a five-year period between 2001-2005 for NA1 and 2015-2019 for EU1 using whole-genome sequencing. We contrast the pattern of divergence among the early process of invasion of these two lineages. Finally, we will also discuss the discovery of sexual variants and novel Asian populations observed. This talk will also provide a brief overview of the pathogen surveillance bioinformatic pipeline we developed to characterize any genome of a pathogen in a repeatable, automated way.

I.2. La modelización epidemiológica como herramienta en la detección y gestión de enfermedades de cuarentena

Antonio Vicent¹

¹ Centro de Protección Vegetal y Biotecnología, Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias (IVIA)

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: Modelos epidemiológicos, modelos bayesianos, análisis de riesgos, contención, erradicación



Resumen:

A pesar de las medidas de exclusión establecidas en la legislación europea de sanidad vegetal (Reglamento EU 2016/2031), cada año se detectan de media unos 10 brotes de nuevos organismos nocivos de plantas en el territorio de la UE. La modelización epidemiológica aporta información necesaria en la toma de decisiones de las diferentes fases del control de las enfermedades de cuarentena, desde el análisis de riesgos inicial y la priorización de los patógenos a regular, la optimización de la vigilancia epidemiológica para su detección temprana y la optimización de las estrategias de erradicación o contención tras la aparición de nuevos brotes. Mediante modelos de regresión logística espacial fue posible determinar la idoneidad climática de la Cuenca del Mediterráneo para el desarrollo de la mancha negra de los cítricos, causada por el hongo *Phyllosticta citricarpa*, confirmada Posteriormente con la detección de la enfermedad en Túnez. Los planes de contingencia, obligatorios para los organismos de cuarentena prioritarios en la UE, describen las medidas de vigilancia y control oficial que deben implementarse tras la detección de un brote. La Autoridad Europea de Seguridad Alimentaria (EFSA) ha desarrollado unas guías para la vigilancia epidemiológica y detección temprana de los organismos de cuarentena en la UE. Estas guías incorporan criterios estadísticos para el cálculo del tamaño muestral según el nivel de detección establecido. Tras la detección de un foco de la enfermedad, la vigilancia epidemiológica juega también un papel fundamental para delimitar su extensión. En el caso de la bacteria *Xylella fastidiosa*, transmitida por hemípteros, se han evaluado muestreos secuenciales adaptativos con resolución espacial creciente y muestreos en dos etapas para delimitar la extensión y progresión de los brotes. Mediante modelos espaciales estacionarios y no estacionarios ha sido posible optimizar las dimensiones de la zona tampón para el brote de *X. fastidiosa* en Alicante, así como evaluar diferentes barreras perimetrales alrededor de la zona infestada. En la enfermedad del huanglongbing (HLB) de los cítricos, causada por la bacteria '*Candidatus Liberibacter asiaticus*' (CLas) y transmitida por psíidos, mediante el uso de algoritmos de agrupamiento jerárquico se ha optimizado el diseño de las áreas de tratamientos coordinados para su contención. Por otra parte, con modelos compartimentales y basados en individuos ha sido posible comparar diferentes estrategias de erradicación de CLas y *X. fastidiosa* en términos de eficacia y eficiencia. Por último, los aspectos sociales se han demostrado claves en la implementación de los programas de control oficial de organismos de cuarentena. Los sistemas de ecuaciones estructurales han permitido identificar los factores sociales subyacentes en la intención de adoptar el plan de contingencia para el HLB por parte de los citricultores.



I.3. Optimización de la vigilancia y el manejo de patógenos vasculares en cultivos leñosos mediante sensores espectrales y térmicos

Juan A. Navas-Cortés¹

1 Instituto de Agricultura Sostenible, Consejo Superior de Investigaciones Científicas.

Tipo Comunicación: ORAL

Resumen:

El manejo de las enfermedades causadas por *Xylella fastidiosa* (*Xf*) presenta importantes desafíos, especialmente en cultivos leñosos, debido al alto coste por la pérdida de productividad asociadas a la enfermedad y el reemplazo de árboles afectados. A esto hay que añadir las dificultades el correcto seguimiento de la enfermedad asociadas al muestreo en grandes volúmenes de copa para la detección de *Xf* y el largo período de incubación. Estos factores dificultan la aplicación de medidas efectivas de erradicación o contención.

Las tecnologías de imagen avanzadas, en particular las de imágenes hiperespectrales y térmicas de alta resolución, están demostrando ser esenciales para la identificación de las infecciones por *Xf* antes de que aparezcan síntomas visibles. Estas tecnologías, aplicadas in situ o desde plataformas aéreas, detectan cambios fisiológicos tempranos en las plantas indicativos de infección. Una investigación pionera llevada a cabo en el brote de *Xf* en el sur de Italia demostró el potencial de estos métodos para la detección previsional de la infección por *Xf* en olivo. Estudios posteriores han validado el uso de algoritmos de aprendizaje automático restringidos espectralmente e imágenes multiespectrales y térmicas para el seguimiento de diferentes brotes de *Xf* en olivar y almendro. En este sentido, la utilización de imágenes satelitales multiespectrales para modelos operacionales a gran escala marca un avance significativo. Sin embargo, aún persisten desafíos, particularmente en las primeras etapas de la progresión de la enfermedad, debido a las limitaciones en la sensibilidad de la banda espectral. Destaca el papel fundamental de la temperatura de los árboles dada la naturaleza vascular de la infección por *Xf* y causar síntomas similares al estrés hídrico. Aunque las imágenes multiespectrales obtenidas por satélites comerciales han demostrado ser efectivas para detectar etapas avanzadas de la enfermedad, la falta de imágenes hiperespectrales y térmicas de alta resolución espacial y espectral limita las capacidades de éstas para la detección temprana.

Se espera que los futuros desarrollos en la tecnología de sensores hiperespectrales y los marcos analíticos mejoren la monitorización global en tiempo real de las enfermedades de las plantas y las condiciones de estrés. No obstante, la consecución de este objetivo requiere el desarrollo de técnicas de teledetección precisas, sensibles, fáciles de usar y asequibles. Estos avances podrían mejorar significativamente las capacidades de detección temprana de las epidemias de *Xf*, permitiendo respuestas de gestión oportunas y eficaces.

Financiación: Proyectos XF-ACTORS y BeXyl (H2020 and Horizon, EU), ITS2017-095(CAIB), KODA (CDTI), Qualifica (Junta de Andalucía)



Sesión Plenaria II: Interacción Planta – Microorganismo/Microbioma

I.4. Phylogenetic relationships structure plant-pathogen networks

Gregory Gilbert¹

1 University of California Santa Cruz

Tipo Comunicación: ORAL

Resumen:

Fungal pathogens can play a critical role in shaping plant communities, and disease interactions are themselves shaped by plant community structure. The key factor that mediates both how pathogens affect and are affected by community structure is pathogen host range. About half of fungal plant pathogens are able to attack multiple plant genera, and the host range of such polyphagous plant pathogens shows a phylogenetic signal where they are more likely to cause disease on closely related plant species. Spillover of pathogens among plant hosts means that plant species with many closely related neighbors suffer more disease than species that are phylogenetically distant from their surrounding communities. To further understand the structure of plant-pathogen networks, we used PacBio fungal metabarcode (ITS) sequencing to characterize the foliar fungal pathogen communities of all plant species across three distinct, geographically adjacent plant communities in Mediterranean-climate coastal California: a mixed-evergreen coastal forest, a grassland, and an organic farm. Plant species showed more habitat specificity than did fungal taxa, with a third of the fungi found across all three habitats, providing potential epidemiological links across hosts in different habitats. There was similar network structure in the three plant communities. In all networks, fungi had fewer plant partners than plants had fungal partners. Most fungal pathogens were found on a limited subset of several host species that were more closely related to each other than expected by chance, reflecting a phylogenetic signal in host range. The fungal pathogen communities were all structured by phylogenetic relatedness of their hosts: more closely related host pairs of plant species have more similar pathogen communities, and plant species with many closely related neighbors host a greater diversity of pathogens.



I.5. Transposons drive environmental adaptation in a clonally evolving fungal pathogen

Cristina López Díaz ¹, Dilay Hazal Ayhan ², Ana Rodríguez López ¹, Lucía Gómez Gil ¹, Li-Jun Ma ², Antonio Di Pietro ¹

1 Departamento de Genética, Campus de Excelencia Internacional Agroalimentario ceiA3, Universidad de Córdoba, Córdoba, Spain

2 Biochemistry and Molecular Biology, University of Massachusetts Amherst, Amherst, Massachusetts, USA

Tipo Comunicación: ORAL

Resumen:

The genomes of many fungal pathogens are compartmentalized into core regions and accessory regions, which are enriched in transposable elements (TEs). TEs are widely regarded as drivers of adaptive evolution, but direct experimental evidence remains limited. Here we used an evolve and re-sequence approach to follow environmental adaptation in *Fusarium Oxysporum*, a devastating fungal pathogen that attacks more than 150 crops and causes deadly infections in immunocompromised humans. Serial passaging of a clonal isolate through tomato plants or axenic media plates resulted in rapid adaptation and increased fitness under the selection condition. Plate-passaged populations displayed recurrent evolutionary trajectories of sequential loss-of-function mutations that lead to increased proliferation at the cost of reduced virulence. TE insertions accounted for more than half of the variants detected and localized preferentially to sites of histone H3 lysine 27 trimethylation, a hallmark of accessory regions. Our findings reveal that TEs act as the main drivers of adaptation in *F. oxysporum* and reveal fitness trade-offs between developmental programs stimulating proliferation versus invasion.

I.6. Vacuolar Protein Sorting 41, a host player in Cucumber mosaic virus infection in melon and tomato

Weina Hou¹, Andrea Giordano¹, Irene Villar¹, Suzanne Laijen¹, Ana Montserrat Martin-Hernandez^{1,2}

1 Centre for Research in Agricultural Genomics (CRAG) CSIC-IRTA-UAB-UB, C/ Vall Moronta, Edifici CRAG, Bellaterra (Cerdanyola del Vallés), 08193 Barcelona, Spain.

2 IRTA (Institut de Recerca i Tecnologia Agroalimentàries), Caldes de Montbui, Barcelona, Spain.

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: Cucumber mosaic virus, VPS41, resistance, tomato, melon



Resumen:

The melon (*Cucumis melo*) gene *cmv1* provides resistance against Cucumber mosaic virus (CMV) and encodes a Vacuolar Protein Sorting 41, a protein involved in intracellular trafficking from the late Golgi to the vacuole. In melon, mutations in *CmVPS41* prevent phloem invasion by, restricting the virus to the bundle sheath cells and providing resistance against CMV. Thus, in susceptible melon plants, the virus is able to use the wild type VPS41 for phloem entry to establish a systemic infection.

Whereas melon carries a unique VPS41 gene, tomato (*S. lycopersicum*) encodes two *SIVPS41* genes, mapping in chromosomes 6 and 11. Using CRISPR/ttLbCas 12a, we have edited both genes and have generated plants homozygous in either gene, although we still have not managed to generate the double mutant. This emphasizes the importance of this gene for plant viability. In *Arabidopsis*, *AthVPS41* protein is involved in the elongation of the pollen tube and mutations result in early flower death and poor fruit production. *SIVPS41* mutant tomato plants, on the contrary, produce a similar number of flowers and fruits than wild-type plants. Moreover, when inoculated with CMV, mutant plants accumulate a significantly lower amount of virus in the systemic leaves. Thus, tomato VPS41 appears to play a similar role in promoting viral infection than it does in melon and could be a target for developing plants resistant to CMV and possibly to other viruses.

Financiado por: W.H is a recipient of an AGenT Cofund MSC grant, A.G is a recipient of an MSC grant, I.V. is the recipient of a Margarita Salas contract from Ministerio de Universidades and funded by “Union Europea- Next Generation EU”. Funding by project PID2021-125998OB-C21, from MCIN/AEI/10.13039/501100011033 and by “ERDF/EU”. CRAG was also supported by grants SEV-2015-0533 and CEX2019-000902-S, funded by MCIN/AEI/10.13039/501100011033, and by the CERCA Program, Generalitat de Catalunya.



Sesión Plenaria III: Gestión de enfermedades

I.7. The Rhizosphere Microbiome of Dryland and Irrigated Wheat and Suppression of Root Diseases

David M. Weller

USDA-ARS Research Leader, Location Coordinator & Adjunct Professor

Wheat Health, Genetics and Quality Research Unit

Department of Plant Pathology, Washington State University

Pullman, WA 99164-6430

Tipo Comunicación: ORAL

Resumen:

Root-associated microbiomes are critical to the growth and health of wheat and other crops grown in cereal-based production systems of the Pacific Northwest, USA. The rhizosphere microbiome provides the first line of defense of roots against soilborne pathogens. However, long-term trends in wheat-root microbial community dynamics are poorly understood. This study characterized the growing season and long-term population dynamics of bacterial communities in the rhizosphere and endosphere of wheat grown in monoculture for eight years in dryland and irrigated field plots in Washington State, USA with less than 305 mm annual precipitation. The diversity and richness of bacterial communities declined from the bulk soil to the rhizosphere, and to the endosphere. Bacterial richness and diversity were significantly greater in irrigated wheat. Some genera showed a consistent periodicity in their population trends during the growing season from March to August. Over eight growing seasons, Proteobacteria and Bacteroidetes (*Pseudomonas*, *Variovorax*, *Chryseobacterium*) maintained stable rhizosphere populations in both dryland and irrigated wheat. Populations of some Bacteroidetes and Proteobacteria (*Mucilaginibacter*, *Sphingomonas*, *Massilia*, *Burkholderia*) were dryland adapted and persisted or increased in the dryland rhizosphere whereas others (*Rhizobium*, *Acidovorax*, *Terremonas*, *Hyphomicrobium*, *Bdellovibrio*) increased on irrigated wheat. In contrast, some taxa, including many Actinobacteria, declined in abundance over eight years in both the endosphere and rhizosphere regardless of irrigation. Our results provide insight into how water and monoculture impact the population dynamics of the wheat-root microbiome and the suppression of root diseases.



I.8. Retos de la Fitopatología: debilidades, oportunidades y fortalezas

Rafael Manuel Jiménez Díaz¹

1 Catedrático (emérito) de Patología Vegetal. ETSIAM, Universidad de Córdoba, Campus Rabanales.

Tipo Comunicación: ORAL

Resumen:

La Fitopatología es una ciencia compleja y de aplicación comprometida con la productividad y sostenibilidad agroforestal, en la que se han producido notables avances en la investigación fragmentaria sobre enfermedades y patógenos de cultivos seleccionados. Sin embargo: (i) su ámbito de competencia solo afronta uno de los fenómenos que inciden sobre la sanidad de cultivos y masas forestales pero es de complejidad creciente porque es objeto de reclamaciones medioambientales, políticas y sociales; y (ii) la aparición de nuevas enfermedades, la resurgencia de otras, la introducción de patógenos exóticos, y las variaciones medioambientales asociadas al Cambio Climático, entre otros, están ocasionando un estancamiento en la consecución de su objetivo de proteger las cosechas y masas forestales. Superar el reto que significan ambas consideraciones requiere un cambio sustancial en los abordajes de investigación, en los que se incentive la relación multidisciplinar de la Fitopatología con otras ciencias y los avances se integren a nivel de sistema.

La consecución del objetivo de la Fitopatología como ciencia de aplicación también requiere cambios notables en su percepción social y la aplicación de los avances derivados de la investigación. Los efectos negativos de las enfermedades y la Fitopatología que trata de evitarlos son escasamente percibidos por la sociedad, porque, como reconoce la designación de 2020 como Año Internacional de la Sanidad Vegetal, de por sí ya es escasa la visibilidad social de los fenómenos referidos como “plagas” que comprenden enfermedades, plagas de fitófagos y malas hierbas que afectan conjuntamente la seguridad y salubridad alimentarias y el bienestar de la población, y son objeto de la Sanidad Vegetal. Simplificar la denominación y desconocer la complejidad de dichos fenómenos individuales y sus complejas interacciones, propicia simplicidades legislativas como la referencia a la Gestión Integrada como mera relación de medidas de lucha, la renuncia a la supervisión por Laboratorios Oficiales de los procesos de certificación fitosanitaria, o la consideración del asesoramiento fitosanitario como proyección de la profesión agronómica. La Fitopatología tiene la oportunidad de mejorar su reconocimiento social a través de la Sanidad Vegetal, y de liderar dos aspectos que en la actualidad son motor de cambio en esta última: (i) la necesidad de una profesión especializada sostenida por una titulación universitaria específica en Medicina de los Vegetales; y (ii) el papel de la Sanidad Vegetal en la Salud Única (*One Health*) junto con la Medicina Humana y la Veterinaria, que puede ser vehículo para resaltar sus logros en la gestión de las enfermedades y la necesidad de una nueva titulación específica.



I.9. Propuesta metodológica para el screening de plagas de cuarentena candidatas a ser plagas prioritarias.

Jesús Barreiro-Hurle¹, Kevin Schneider¹, Emilio Rodríguez-Cerezo¹, Estefanía Vázquez-Torres¹

¹ European Commission - Joint Research Center

Tipo Comunicación: ORAL SEF

Palabras Clave: impactos, economía, sociedad, medio ambiente, plagas de cuarentena

Resumen:

El Reglamento Delegado Comunitario (EU) 2019/1702 declaraba una serie de Plagas Europeas de Cuarentena (PEC) como plagas prioritarias debido a la severidad de su impacto en el territorio de la Unión en caso de establecimiento. Para la selección de estas plagas el Centro Común de Investigación de la Comisión Europea (JRC por sus siglas en Inglés) desarrolló un indicador compuesto basado en análisis multicriterio en colaboración con la Agencia Europea de Seguridad Alimentaria (EFSA): el indicador de impacto para plagas prioritarias (I2P2). Para ese primer Reglamento Delegado Comunitario el I2P2 se aplicó a 28 plagas de cuarentena que fueron propuestas por los Estados Miembros basado en su experiencia y conocimiento. Sin embargo, el Reglamento relativo a las medidas de protección contra las plagas de los vegetales en su artículo 6 considera que todas las plagas de cuarentena deberían ser consideradas en el análisis que generase el ordenamiento de dichas plagas en función de sus impactos. Dado que en 2024 existían 394 plagas de cuarentena se considera imposible aplicar una metodología tan detallada e intensiva en trabajo como la del I2P2 para identificar las plagas prioritarias. Por lo tanto, el JCR ha desarrollado un nuevo indicador que se puede aplicar fácilmente a un número ilimitado de plagas. Dicho indicador tiene dos componentes principales: el primero captura el valor económico y la cobertura del territorio de los huéspedes de las plagas que sufrirían pérdidas en cantidad o calidad. El segundo de ellos, desarrollado por EFSA, captura la invasividad de la plaga basado en los mecanismos mediante los cuales la plaga puede dispersarse a través del espacio. En esta comunicación se presenta el nuevo indicador desarrollado para este análisis, así como su aplicación a las 219 plagas de cuarentena que no son macro-grupos, no son meros vectores de otras plagas o para las cuales no se ha detectado impacto en los huéspedes identificados por la literatura. Tomando como base las 50 plagas que obtenían el mayor valor del indicador, el Comité Permanente de Plantas, Animales, Alimentos y Piensos (PAFF) ha identificado 23 nuevas plagas que serán evaluadas utilizando el I2P2 de cara a su posible inclusión en la lista de plagas prioritarias actualizada. Adicionalmente, se reevaluarán 23 de las 28 plagas de cuarentena originalmente evaluadas en 2019.



COMUNICACIONES ORALES



Comunicaciones Orales

Sesión Plenaria I: Epidemiología, Detección y Diagnóstico

O.1. Manejo de germoplasma vegetal resistente a *Meloidogyne* para evitar la selección por virulencia.

Aïda M Fullana¹, Alejandro Expósito¹, Nuria Escudero¹, Marina Cunquero², Pablo Loza-Alvarez², Meritxell Pérez-Hedo³, Carla Maleita⁵, Isabel Abrantes⁴, Ariadna Giné¹, Francisco Javier Sorribas¹

1 Department of Agri-Food Engineering and Biotechnology (DEAB), Barcelona School of Agri-Food and Bioystems Engineering (EEABB), Universitat Politècnica de Catalunya, BarcelonaTech (UPC), Castelldefels,

2 Institut de Ciències Fotòniques (ICFO), The Barcelona Institute of Science and Technology, Castelldefels

3 Unidad de Entomología, Centro de Protección Vegetal y Biotecnología, Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias (IVIA), Moncada

4 University of Coimbra, Centre for Functional Ecology - Science for People & the Planet (CFE), Associate Laboratory Terra, Department of Life Sciences, Coimbra

5 University of Coimbra, Chemical Engineering and Renewable Resources for Sustainability (CERES), Department of Chemical Engineering, Coimbra

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: *Cucumis metuliferus*, *Macrolophus pygmaeus*, nematodo agallador, *Nesiodiocris tenuis*, portainjerto, *Solanum torvum*

Resumen:

Se realizaron varios estudios con objeto de conocer el potencial de la resistencia vegetal para la gestión de *Meloidogyne* en cultivos hortícolas sin favorecer la selección de poblaciones virulentas en los germoplasmas resistentes utilizados. Concretamente: i) el efecto de la rotación de germoplasma resistente durante 3 campañas agrícolas; ii) el efecto de *Solanum torvum* como portainjerto de tomate como método de alternar fuentes de resistencia en situaciones de monocultivo; iii) la capacidad de inducir resistencia por míridos zoofitófagos en germoplasma de tomate susceptible al nematodo para disminuir la frecuencia de uso de germoplasma resistente; y iv) la respuesta de potenciales portainjertos de melón y pepino o sandía frente a especies de cuarentena en España como posible herramienta de gestión en caso de que se encuentren y no sean erradicadas. Los resultados obtenidos han mostrado que: i) la secuencia de rotación con germoplasma resistente (tomate injertado (inj.) en “Brigeor”-melón inj. en *Cucumis metuliferus*-pimiento inj. en ?Oscos?-sandía inj. en *Citrullus amarus*-tomate resistente cv. Caramba) cultivadas en parcelas infestadas por una población de *M. incognita* avirulenta (Avi) oparcialmente virulenta (Vi) al gen Mi1.2 de resistencia en tomate redujo la densidad de la población Avi un 94% y la de Vi por debajo del nivel de detección. La producción acumulada fue de 1.5 y 2.4 veces mayor en las parcelas infestadas por Avi y Vi, respectivamente, respecto a la rotación con germoplasma susceptible. La población Avi no adquirió virulencia a ninguno de los germoplasmas resistentes utilizados en la rotación; ii) la severidad de la enfermedad y la reproducción del nematodo en los tomates injertados en *S. torvum* se redujeron 8.6 y 56 veces,



respectivamente, comparado con el tomate sin injertar, y la producción fue de hasta un 87% mayor a densidades superiores a 1 J2/cm³ de suelo. La resistencia de *S. torvum* se mantuvo inalterada después de tres cultivos consecutivos; iii) la exposición del tomate susceptible a 15 ninfas/planta de *Nesiodiocris tenuis* o *Macrolophus pygmaeus* durante 24h antes del trasplante provocó un aumento en la expresión de genes relacionados con vías de defensa de la tomatera reduciendo la infectividad y reproducción del nematodo hasta un 60 y 70% respectivamente; y iv) *C. metuliferus* fue inmune a *M. chitwoodi*, muy resistente a *M. enterolobii* y resistente a *M. luci*. *C. amarus* varió entre resistente a moderadamente resistente a *M. chitwoodi* y *M. enterolobii*, y resistente a *M. luci*.

Los resultados de estos estudios proporcionan información valiosa para el control del nematodo, incluso en escenarios en los que coexisten especies y/o poblaciones virulentas a determinados genes de resistencia, los cuales son cada vez más comunes en las áreas de producción.

Financiado por: Proyecto R+D+i AGL2017-89785-R, financiado por MCIN y FEDER y FSE por la beca predoctoral PRE2018-084265, Aïda M. Fullana.

Observaciones: 20240529 quiere palabras clave en negrita *Cucumis metuliferus* (cursiva), *Macrolophus pygmaeus* (cursiva), nematodo agallador, *Nesiodiocris tenuis* (cursiva), portainjerto, *Solanum torvum* (cursiva)

O.2. Pepper vein yellows virus 5, el primer polerovirus transmitido por pulgón y mosca blanca

José Natividad Jaén Sanjur¹, Ana Cristina García Merenciano¹, Jesús Navas Castillo¹, Elvira Fiallo Olivé¹

¹ Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea La Mayora (IHSM-UMA-CSIC), Consejo Superior de Investigaciones Científicas, Algarrobo-Costa, Málaga

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: *Bemisia tabaci*, clon infectivo, mosca blanca, PeVYV-5, pimiento, polerovirus, pulgones

Resumen:

En muchos países del mundo han emergido recientemente síntomas de amarilleo de venas y enrollamiento de hojas en el cultivo del pimiento, asociados con la presencia de varios polerovirus (género *Polerovirus*, familia *Solemoviridae*) estrechamente relacionados. Actualmente, el complejo incluye diez polerovirus, denominados pepper vein yellows virus 1 a pepper vein yellows virus 10. En España, pepper vein yellows virus 5 (PeVYV-5) está presente desde 2012 y nuestro grupo determinó la secuencia completa de su genoma. En este estudio, se construyó un clon agroinfectivo de PeVYV-5 utilizando clones de genoma parcial disponibles en nuestro laboratorio, derivados del único aislado español completamente secuenciado, colectado en Almería en 2013. El virus clonado infectó exitosamente plantas de *Nicotiana benthamiana* y pimiento cv. Pescara y California Wonder. Aunque los síntomas en las hojas no fueron evidentes



en las plantas agroinoculadas, el tamaño, la coloración y el número de frutos de pimiento se vieron negativamente afectados. Los pulgones son típicamente los vectores para la transmisión de polerovirus y nuestro grupo ha demostrado previamente que un aislado de campo de PeVYV-5 fue transmitido por *Aphis gossypii*. Ahora, la transmisión por pulgones ha sido confirmada usando la progenie viral obtenida después de la agroinoculación con el clon infectivo. En los últimos años, se ha encontrado que dos polerovirus son transmitidos por moscas blancas del complejo *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae), desde pimiento en Israel y desde cucurbitáceas en Brasil, respectivamente. Por lo tanto, en este estudio, analizamos la posibilidad de que PeVYV-5 pudiera ser transmitido, además de por *A. gossypii*, por moscas blancas. En dos experimentos independientes, la especie Mediterránea (anteriormente biotipo Q) de *B. tabaci* transmitió exitosamente el virus entre plantas de pimiento. Éste es el primer polerovirus que se ha demostrado ser transmitido tanto por pulgones como por moscas blancas. Este descubrimiento resalta la importancia de entender la dinámica de transmisión de vectores en la epidemiología de los polerovirus y la necesidad de estrategias de manejo efectivas para mitigar su impacto en los cultivos de pimiento.

Financiado por: Ministerio de Ciencia e Innovación / FEDER (PID2019-105734RB-I00/AEI/10.13039/501100011033).

O.3. *Monilinia laxa* en almendros del Valle del Ebro: Comportamiento epidemiológico

Erick Zúñiga Rodríguez¹, Carla Casals¹, Xavier Miarnau¹, Laura Torquet¹, Neus Teixidó¹, Rosario Torres¹

¹ IRTA Fruitcentre, Lleida

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: Epidemiología, Inóculo, *Monilinia laxa*, Almendro

Resumen:

En los últimos años, las prácticas de manejo agrícola del almendro (*Prunus dulcis*) en España han cambiado hacia métodos de cultivo más intensivos, lo que se ha asociado con un aumento en la incidencia de enfermedades fúngicas en este cultivo, como moniliosis causada por *Monilinia laxa* la cual afecta mayormente a flores y frutos recién cuajados. La epidemiología de esta enfermedad ha sido poco estudiada en almendro, en comparación con otros *Prunus* spp. En este estudio,

investigamos la epidemiología de *M. laxa* en almendro en dos huertos del Valle del Ebro durante cuatro años consecutivos, estudiando: i) Fuentes de inóculo primario mediante el muestreo de órganos momificados (OM) de árbol y suelo, antes de la floración, y clasificados según el estado fenológico en la cual se momificaron; ii) Fuentes de inóculo secundario (cancros, flores y frutos); y por último iii) Dinámica de la enfermedad a lo largo de la campaña y su relación con variables meteorológicas. Nuestros resultados muestran que los OM que se encuentran con mayor frecuencia adheridos a las ramas fueron los producidos en las primeras etapas del ciclo fenológico



y en el suelo de las etapas finales. Además, los OM de las primeras etapas, mostraron la mayor concentración de inóculo de *M. laxa*. El inóculo de *M. laxa* en canchales antes de la floración (6×10^2 y 1.3×10^3 conidios/cancho) se consideraron también fuente de inóculo primario. Los canchales encontrados después de la floración (1.0×10^2 y 1.9×10^3 conidios/cancho) y en diferentes órganos de la planta (1.3 a 2.5×10^2 conidios/órgano vegetal), se consideraron inóculo secundario. Finalmente, evaluando la aparición de inflorescencias afectadas a lo largo de la campaña, se observó que los mayores valores de los nuevos puntos de infección (NPI) se dieron bajo condiciones meteorológicas favorables para el desarrollo del patógeno, periodos de lluvia en los 10 días previos a la evaluación y aumento de temperaturas, que implicó un mayor número de puntos de infección acumulados (PIA) a final de la campaña. Nuestra investigación proporciona información clave para un manejo más sostenible de este cultivo.

Financiado por: Generalitat de Catalunya (Programa CERCA y ayuda 2021 SGR-01477); Grupo operativo “Estrategias para el control sostenible de *Monilinia* spp. en almendro: MonControl” (Proyecto financiado a través de la Operación 16.01.01 del Programa de Desarrollo Rural de Cataluña 2014-2020).

O.4. Introducción de plagas y patógenos en la UE: efectos ambientales, antropogénicos y espaciales

Martina Cendoya¹, Maria Chiara Rosace², David Conesa³, Antonio López-Quílez³, Miguel A. Martínez-Beneito³, Lorenzo Marini⁴, Davide Nardi⁴, Vittorio Rossi², Antonio Vicent¹

¹ Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias, Moncada, Valencia

² Università Cattolica del Sacro Cuore, Piacenza, Italy

³ Universitat de València, Burjassot, Valencia

⁴ University of Padua, Legnaro, Italy

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: Análisis de hotspots, introducción de plagas y patógenos, datos regionalizados, modelo espacial jerárquico bayesiano, evaluación de riesgo, dependencia espacial

Resumen:

Para desarrollar estrategias eficaces de prevención, detección temprana y gestión de brotes de nuevas plagas y enfermedades es esencial determinar los factores que contribuyen a la presencia de puntos críticos (*hotspots*) de estas introducciones. Es frecuente que las introducciones en la UE se notifiquen a nivel de unidades territoriales (NUTS), siendo relativamente pocos los casos con coordenadas geográficas precisas de los brotes. Esta falta de detalle geográfico supone una dificultad añadida en el análisis de este tipo de datos. Como consecuencia, las series históricas de introducciones de plagas y patógenos en la UE han sido poco exploradas para la identificación de áreas de mayor riesgo de introducciones o *hotspots*. En este estudio se emplearon los datos agregados a nivel regional (NUTS2) de Rosace et al. (2023) para identificar los *hotspots* de introducción de plagas y patógenos de plantas en UE, así como las variables asociadas a estas introducciones. Los datos se analizaron mediante modelos espaciales jerárquicos bayesianos, en



concreto el modelo de Besag, York y Mollié (BYM) para evaluar las áreas de mayor riesgo, incorporando covariables ambientales y antropogénicas, así como la dependencia espacial entre las regiones vecinas. Los modelos resultantes de la combinación de las covariables y el efecto espacial se evaluaron según diversos criterios de selección. El modelo seleccionado incluyó las covariables temperatura, precipitación y densidad de población humana, junto con el efecto espacial. Este modelo indicó un efecto positivo de las covariables sobre el riesgo de introducción de plagas y patógenos, es decir, las regiones con mayor temperatura, precipitación y densidad de población humana presentaron un mayor riesgo. Por otra parte, la incorporación del efecto espacial permitió considerar la dependencia entre las regiones vecinas y mitigar la sobreestimación o subestimación del riesgo en regiones muy pequeñas o grandes. En conjunto, el análisis reveló un elevado riesgo de introducción de plagas en los Estados Miembros meridionales de la UE, asociado a temperaturas más elevadas, destacando especialmente las regiones del norte de Italia. El alto riesgo observado en los Países Bajos también fue notable, asociado a la alta densidad de población humana. Este estudio abordó por primera vez las limitaciones derivadas de la agregación de los datos de introducciones de plagas y patógenos a escala regional, representando un avance metodológico en sanidad vegetal. Los resultados obtenidos pueden servir de base a estrategias de prevención, detección temprana y gestión, contribuyendo a preservar la agricultura y la biodiversidad en la UE.

Financiado por: HoPPI (GP/EFSA/ENCO/2020/02 - 3)

Observaciones: Rosace, M.C., Cendoya, M., Mattion, G. et al. A spatio-temporal dataset of plant pests? first introductions across the EU and potential entry pathways. *Sci Data* 10, 731 (2023). <https://doi.org/10.1038/s41597-023-02643-9>

O.5. Tríples qPCR para la detección simultánea de especies de *Botryosphaeriaceae* en el cultivo del almendro y en muestras ambientales

Laura Romero Cuadrado¹, Ana Aguado¹, David Ruano Rosa¹, Nieves Capote¹

¹ Instituto Andaluz de Investigación y Formación Agraria, Pesquera, Alimentaria y de la Producción Ecológica (IFAPA) Centro Las Torres, Alcalá del Río, Sevilla.

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: enfermedades fúngicas de madera, multiplex qPCR, control preventivo, cultivos leñosos, detección por aislamiento, índice kappa

Resumen:

Las enfermedades de la madera ocasionadas por hongos de la familia *Botryosphaeriaceae* constituyen una grave amenaza para el almendro y otros cultivos leñosos a nivel mundial, comprometiendo su productividad. En este trabajo se ha desarrollado un protocolo de qPCR múltiple, basado en sondas TaqMan, para la detección y cuantificación simultánea de



Botryosphaeria dothidea, la especie con mayor prevalencia en el cultivo del almendro, *Neofusicoccum parvum*, la especie más agresiva, y la familia *Botryosphaeriaceae*. El límite de detección de la tríplex qPCR es de 10 fg de ADN genómico para las tres dianas fúngicas, con altos coeficientes de correlación (R^2) y eficiencias de amplificación entre el 90 y el 120%, en todas las matrices. La concordancia entre la tríplex qPCR y el método tradicional de detección mediante aislamiento en placa fue substancial con un índice kappa de Cohen de $0,8052 \pm 0,0512$. Esta herramienta molecular es un método rápido, sensible y preciso para el diagnóstico del decaimiento por *Botryosphaeria* en el almendro y ha sido validada en plantas sintomáticas y asintomáticas de almendro, aguacate, arándano y vid. Mediante la tríplex qPCR se han detectado especies de la familia *Botryosphaeriaceae* en plantas madre y patrones asintomáticos de viveros de almendro, por lo que este protocolo es aplicable como un método eficaz de control preventivo, evitando la introducción silenciosa y Posterior expansión de estos hongos patógenos en campos de producción. Además, se ha aplicado para la detección y cuantificación de especies de *Botryosphaeriaceae* en muestras ambientales, como suelo de cultivo, agua de lluvia y trampas de esporas inoculadas artificialmente, lo que constituye una herramienta clave para estudios de epidemiología que permitan ajustar el calendario de aplicaciones fitosanitarias, haciendo el manejo de los cultivos más sostenible. Su uso también es posible en programas de mejora basado en la tolerancia a estos hongos en variedades y portainjertos, así como para estudios de posibles fuentes de inóculos en este cultivo.

Financiado por: Este trabajo ha sido financiado por los proyectos PID2020-115639RR-I00 y PR.AVA23.INV2023.007, financiados al 80% con fondos FEDER.

O.6. Unveiling hidden viruses inducing similar yellowing symptoms or remaining asymptomatic in melon and watermelon crops

Celia de Moya Ruiz¹, Miguel Juárez¹, Pedro Gómez López¹

¹ CEBAS-CSIC Murcia

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: Aphid-transmitted plant virus; CABYV; Cucurbit crops; Diagnostic; Evolutionary epidemiology; Mixed infections; PABYV

Resumen:

Mixed viral infections are common in plants. These infections lead to diseases that can eventually be difficult to diagnose. Especially, when one of the viruses is unknown and hides behind the expression of similar symptoms. Here, we conducted an extensive monitoring of cucurbit viruses in two cucurbit crops (melon and watermelon) for three consecutive seasons (2021-2023) across three producing regions (Murcia, Castilla-La Mancha, and Alicante) in Spain, focusing on two common viral symptom expressions: yellowing and mosaics. A total of 984 symptomatic leaf samples from 246 field plots were tested for ten frequently found cucurbit viruses. Our results showed that, in addition to the occurrence of watermelon mosaic virus (WMV) in samples with



mosaic symptoms, cucurbit aphid-borne yellows virus (CABYV) was the most prevalent virus infecting both cucurbit crops over the three seasons, detected in 38 % of melon and 24 % of watermelon samples. However, a significant proportion of yellowing symptomatic samples tested negative for either aphid- or whitefly-transmitted viruses. To identify additional viral entities contributing to these virus-like symptoms, we further carried out a sequence-independent approach. This led to the identification of a novel Polerovirus; Pepo aphid-borne yellows virus (PABYV), which was widespread infecting both crops, occurring in 23 % of melon and 68 % of watermelon samples. Moreover, analysis of our temporal cucurbit frozen-sample collection unveiled that PABYV emerged in Spain in 2018, and thus, remaining unnoticed due to its similar yellowing symptoms associated with CABYV and its presence in mixed infections with CABYV. Additionally, we detected the persistent or cryptic Alphaendornavirus; Cucumis melo endornavirus (CmEV) in all tested melon samples. We then conducted a genetic characterization of CABYV, PABYV and CmEV populations, finding that a predominant CABYV variant represented the overall population, while PABYV and CmEV isolates were genetically homogenous among their populations. This study underlines the importance of continuous surveillance and monitoring to effectively manage viral diseases in cucurbit crops, emphasizing the need for further investigation into the common symptoms and mixed viral infections.

Financiado por: ID2022-141108OB-I00 funded by CIN/AEI/10.13039/501100011033/FEDER (EU), AGROALNEXT programme funded by MCIN from NextGenerationEU (PRTR-C17.I1) Fundación Séneca from CARM

O.7. Detección temprana del patógeno del género *Phytophthora* en alisos mediante PCR a Tiempo Real

Alba Díez-Galán¹, Raquel Del Campo-Calvo¹, Eduardo Pastor-Durántez¹, Julio Javier Díez Casero¹

¹ Universidad de Valladolid, Palencia

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: Árboles de ribera, decaimiento, diagnóstico molecular, gen mitocondrial, oomicetos, salud forestal

Resumen:

Durante las últimas décadas, se ha observado un marcado declive de los alisos en las cuencas hidrográficas del norte y centro del país. La mortalidad de los alisos se ha relacionado con la presencia de oomicetos del género *Phytophthora*, existiendo, cada vez más, diferentes especies del patógeno identificadas como responsables de esta enfermedad. Desgraciadamente, su aislamiento es difícil lo que complica su detección. En respuesta a esta problemática, se ha propuesto la estrategia de detección molecular mediante PCR en tiempo real. Esta técnica permite una detección rápida, precisa y sensible, además de posibilitar el procesamiento eficiente de un gran número de muestras. Para ello, en este trabajo se han diseñado cebadores específicos



utilizando como referencia el ADN obtenido tras la secuenciación de especies aisladas recientemente en el noroeste peninsular. La secuencia génica objetivo seleccionada ha sido el espacio entre los genes mitocondriales *atp9* y *nad9* debido a la variabilidad presente en dicha zona. Se muestrearon quince transectos diferentes y se recogió muestra de madera de cuatro alisos por transecto. De todas ellas, se extrajo el ADN genómico total de las muestras de madera y se realizaron PCR con la pareja de cebadores para analizar la presencia del oomiceto. La identificación de distintas especies se realizó mediante la secuenciación de la zona amplificada para un diseño de sondas TaqMan Pósterior. Por primera vez se ha conseguido diseñar cebadores para detectar especies de *Phytophthora* directamente sobre muestras de madera. Además, se ha conseguido detectar el patógeno en muestras de madera de árboles que no presentaban síntomas de la enfermedad. Los resultados obtenidos mediante la amplificación de ADN de las regiones seleccionadas permitieron además distinguir entre dos complejos del género *Phytophthora*, el complejo *P. alni* y el complejo *P. citricola*

Financiado por: Proyecto RETAIN. Referencia TED2021-130790B-C31

O.8. La “moria” o el síndrome del decaimiento del kiwi

Ana M Pérez Sierra¹, Carlos Salas¹, Miguel Angel Cañaveras¹, Tracy khalil¹, José Luis Mira¹, Antonio Vicent¹

¹ Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias, Valencia

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: Actinidia, oomicetos, colapso, etiología

Resumen:

El kiwi (*Actinidia deliciosa*) es uno de los cultivos emergentes en la Comunidad Valenciana. El cultivar de pulpa verde ‘Hayward’ es el que se utiliza principalmente, aunque también se cultiva ‘Dori’ de pulpa amarilla injertado sobre ‘Hayward’. En 2020 se notificaron los primeros síntomas del síndrome del decaimiento en el cultivar ‘Dori’ en Valencia y recientemente se ha detectado también en ‘Hayward’. Las plantas afectadas mostraban amarilleamiento, seca de hojas, clareo en la copa, tamaño reducido de frutos, muerte regresiva de ramas, y finalmente el colapso de la planta afectada. Este colapso ocurre en pocas semanas, especialmente en la época de máxima evapotranspiración en verano. Los síntomas de este síndrome se van extendiendo a las plantas adyacentes a lo largo de las filas y a lo ancho, creando rodales. El sistema radicular de estas plantas carece de raíces absorbentes, presenta hipertrofias, y un descortezado generalizado de las raíces más gruesas dándoles un aspecto de ‘cola de rata’. Estos síntomas son similares a los descritos en plantaciones de kiwi en Italia y denominados como “Kiwifruit Vine Decline Syndrome”(KVDS) o “moria” del kiwi. Desde 2012, investigadores italianos están estudiando las posibles causas de este síndrome de etiología desconocida. Se considera que el encharcamiento es un factor determinante y se han analizado las comunidades fúngicas, de oomicetos y bacterianas asociadas al decaimiento. Estos estudios parecen indicar que la comunidad de



oomicetos (*Phytophthora* spp., *Phytophythium* spp. *Pythium* spp. y *Globisporangium* spp.) puede estar directamente relacionada con el KVDS. Sin embargo, trabajos actuales aun tratan de elucidar las causas del KVDS al tratarse de un problema complejo. En la Comunidad Valenciana se realizaron muestreos para la caracterización del síndrome del decaimiento del kiwi y se tomaron muestras de suelo y de raíces de las plantas afectadas. Se realizaron aislamientos para la detección de hongos y se utilizaron diferentes técnicas de trapeo para la detección de oomicetos. Se obtuvieron cultivos puros de los organismos aislados y se identificaron a nivel morfológico y molecular. Se realizó la extracción de ADN de los cultivos puros, amplificándose y secuenciándose su región ITS y otros genes para confirmar su identificación. Los principales oomicetos detectados fueron *Phytophthora nicotianae* y diferentes especies de *Phytophythium* (*Py. helicoides*, *Py. litorale* y *Py. vexans*), *Pythium* y *Globisporangium*. Los resultados obtenidos son similares a los resultados italianos revelando que el síndrome de decaimiento del kiwi en la Comunidad Valenciana podría tratarse de la “moria” del kiwi.



Sesiones Simultáneas 1A: Epidemiología

O.9. Determinants of infection risk of generalist plant viruses across habitats in a heterogeneous ecosystem

Fernando García-Arenal¹, Michael McLeish¹, Adrian D. Zamfir¹, Bisola Babalola¹, Aurora Fraile¹

¹ Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas (CBGP UPM-CSIC-INIA), Universidad Politécnica de Madrid, Madrid

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: Transmission dynamics, virus emergence, host range, host use, infection networks, community structure

Resumen:

Understanding how structural differences among host communities influences disease ecology is a rapidly growing area of interest. This type of work has focused on host diversity as a driver of pathogen diversity, which has recently highlighted the importance of host range and spatial scale. Host plants provide resources critical to viruses and the spatial structuring of plant communities affects the niches available for colonisation and disease emergence. However, large gaps remain in the understanding of mechanisms that govern plant virus disease ecology across heterogeneous plant assemblages. To address this question, we combine high-throughput sequencing, network, and regression modelling to test whether habitat heterogeneity in plant community structure that is caused by anthropic disturbance corresponded with transmission mode and host range of viruses and determine infection risk. High throughput sequencing of 323 libraries from 118 plant species, sampled at 23 different sites under different levels of human disturbance, allowed detection of 158 virus Operational Taxonomy Units (OTUs). A majority of OTUs exhibited high habitat specificity, showing that host plant utilisation was shaped by habitat, with communities connected by key generalist viruses and high potential host reservoirs. Quantifying virus prevalence as a proxy to disease risk for 18 generalist viruses with different transmission modes, showed contact-transmitted viruses occurred in all habitats, while persistently aphid and pollen-transmitted viruses predominantly occurred in anthropic habitats, with plant communities at edges between crop fields having traits of reservoir communities. Although transmission mode and host plant taxonomy were predictors of virus prevalence, as expected, random factors associated with plant community structure explained a larger fraction of virus prevalence. We propose that the prediction of virus responses to habitat heterogeneity can be used to track trait responses of viruses to hosts that are important in forecasting disease emergence.

Financiado por: This work was funded in part by Plan Estatal de I+D+i, Spain (grants RTI2018-094302-B-I00, PID2021-124671OB-I00). AZ and BB were supported by funding from the European Union's Horizon 2020 research and innovation programme under the Marie Skłodowska-Curie grant agreement No. 813542T INEXTVIR



O.10. Transmisión diferencial de tomato chlorosis virus por *Bemisia tabaci* y *Trialeurodes vaporariorum*

Ana Cristina García Merenciano¹, Elisa Navas Hermosilla¹, Elvira Fiallo Olivé¹, Jesús Navas Castillo¹

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

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: *Bemisia tabaci*, *Closteroviridae*, *Crinivirus*, moscas blancas, mutantes, proteína de la capsida, tomato chlorosis virus, transmisión, *Trialeurodes vaporariorum*

Resumen:

Tomato chlorosis virus (ToCV) (*Closteroviridae*: *Crinivirus*) causa una importante enfermedad viral emergente en tomate. Los síntomas causados por ToCV incluyen amarilleo intervenal y engrosamiento de las hojas inferiores, que avanza hacia la parte superior de la planta. Los *Crinivirus* poseen un genoma bipartito de ARN de cadena sencilla y polaridad positiva. El ARN1 contiene cuatro marcos de lectura abiertos (ORFs) que codifican proteínas relacionadas con la replicación del virus, mientras que el ARN2 contiene nueve ORFs que codifican proteínas asociadas con la encapsidación del virus, el movimiento y la transmisión por mosca blanca. Ambos ARNs se encapsidan por separado en viriones flexuosos con la estructura típica de cuerpo-cola (serpiente de cascabel) de los miembros de la familia *Closteroviridae*. El cuerpo comprende una sola proteína de la cápsida (CP), mientras que la cola comprende al menos cuatro proteínas, incluida la proteína menor de la cápsida (CPm), que estaría involucrada en la transmisión por insectos vectores. ToCV se transmite de manera semipersistente por moscas blancas pertenecientes a dos géneros: *Bemisia tabaci* s.l., *Trialeurodes vaporariorum* y *T. abutilonea*, lo que representa una excepción dentro del género *Crinivirus*. El alineamiento de las secuencias de aminoácidos de las proteínas CPm codificadas por los genomas de *Crinivirus* identificó una región central presente en las proteínas CPm de los *Crinivirus* transmitidos por *T. vaporariorum* que no está presente en las proteínas CPm de los *Crinivirus* transmitidos exclusivamente por *B. tabaci*. Con el objetivo de descifrar las bases moleculares implicadas en la atípica transmisión de ToCV, se construyeron nueve mutantes de delección parcial del gen que codifica la proteína CPm utilizando un clon infectivo del ARN2. Inicialmente se construyeron cinco mutantes que se inoculaban en plantas de *Nicotiana benthamiana* mediante agroinoculación y posteriormente en tomate mediante injerto. El análisis de la progenie generada en las plantas inoculadas, mediante RT-PCR y secuenciación, mostró que algunos de los mutantes habían sufrido delecciones adicionales en la región CPm. Cuatro de las delecciones generadas *in planta* se replicaron en el clon infectivo del ARN2. La transmisibilidad de los nueve mutantes fue evaluada usando *B. tabaci* Mediterráneo y *T. vaporariorum* como vectores. Los resultados obtenidos han revelado una región en la proteína CPm que podría estar involucrada en la transmisión específica de ToCV por *T. vaporariorum*.

Financiado por: Ministerio de Ciencia e Innovación / FEDER (PID2019-105734RB-I00/AEI/10.13039/501100011033 y PID2022-142547OB-I00/AEI/10.13039/501100011033).



O.11. Análisis del impacto del manejo y ambiente local sobre la diversidad de nematodos fitoparásitos de olivo en la Cuenca Mediterránea en un contexto de cambio global

Rosana Salazar-García¹, Juan E. Palomares-Rius¹, Carolina Cantalapiedra-Navarrete¹, Ana García-Velázquez¹, Pablo Castillo¹, Antonio Archidona-Yuste¹

¹ Instituto de Agricultura Sostenible CSIC, Córdoba

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: olivo, diversidad espacial, manejo agrícola, desertificación, cambio global

Resumen:

El estudio de los factores ambientales que determinan la distribución espacial de comunidades de nematodos fitoparásitos (NF) en ecosistemas agrícolas es una tarea esencial para diseñar prácticas de manejo eficaces contra las potenciales enfermedades ocasionadas por NF. La mayoría de las especies de NF que encontramos en un agroecosistema son capaces de parasitar una amplia gama de plantas huésped incluyendo plantas silvestres y cultivadas. Asimismo, existen plantas que pueden albergar una amplia gama de especies de NF, como es el caso del olivo. El olivo es el cultivo con una de las mayores influencias socioeconómicas en Europa, y es el cultivo por excelencia de la Cuenca Mediterránea. El bioma mediterráneo es una región de transición entre el régimen desértico y templado, lo que ha generado una gran variedad de ambientes y, a su vez, ha promovido una amplia diversidad genética. Sin embargo, también es una de las áreas más vulnerables a los continuos cambios y anomalías climáticas, como es el incremento de la aridez. En ecosistemas agrícolas, la aplicación de prácticas agrícolas sostenibles, como el manejo ecológico, podrían disminuir el deterioro del suelo influenciado directamente por la desertificación. El presente estudio se centra en determinar si la degradación del suelo se ve influenciada por el incremento de la aridez en los ecosistemas agrícolas descritos por el olivo en la Cuenca Mediterránea afectando a los patrones de diversidad de NF. Para ello, se analizó la influencia de varios grupos de variables que describen el ambiente (p.ej. suelo, clima, topografía y manejo agronómico) y la estructura espacial en la variabilidad de las comunidades de NF, y cómo la importancia relativa de cada componente ambiental cambia en un gradiente de aridez climática desde una perspectiva espacial local a una global. Para ello se prospectaron un total de 44 olivares (con 6 repeticiones) durante la etapa de floración del olivo (primavera 2023), lo que resultó en un total de 264 muestras ampliamente distribuidas por las zonas olivareras más importantes de la Cuenca Mediterránea (Grecia, Marruecos, Portugal y España).

Financiado por: Project 101091255 SOIL O-LIVE HORIZON-MISS-2021-SOIL-02



O.12. Selective Pressures on Wheat Powdery Mildew Populations in the Iberian Peninsula

David Encalada-Bustamante¹, Alejandro J. Alcañiz¹, Victoria Widrig¹, Gonzalo Costas Fernández¹, Narciso Martín Quijada¹, Javier Sánchez-Martín¹

¹ Department of Microbiology and Genetics, Spanish-Portuguese Agricultural Research Center (CIALE), University of Salamanca, Salamanca, Spain

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: pathogenomics, wheat powdery mildew, virulence spectra, population structure

Resumen:

Plant pathogens can swiftly evolve in response to changing hosts and environments, leading to devastating epidemics. The fungus *Blumeria graminis* f. sp. *tritici*(Bgt), a global cause of wheat powdery mildew disease, is a prime example. In the ongoing battle between pathogens and hosts, changes in host populations continuously shape the dynamics of pathogens. Yet, the precise mechanisms driving its adaptive strategies and the resulting shifts in population dynamics have remained largely unexplored. In our research, we have meticulously conducted an analysis of wheat powdery mildew samples across the Iberian Peninsula. Using population genomics methods, we have painstakingly sought to uncover the genomic footprints corresponding to the pathogen's adaptive process. By meticulously examining the correlation between environmental variables and allele frequencies, we have pinpointed loci likely involved in adapting to regional agroclimatic areas within the Iberian Peninsula. Furthermore, our genome-wide association analyses on virulence phenotypes have revealed loci associated with virulence in wheat varieties containing specific resistance genes. Lastly, our meticulous haplotyping analysis of several loci containing genes that are known fungicide targets has illuminated the selective pressures imposed by different control strategies. We have also meticulously characterized the structural variants and single nucleotide polymorphism for a number of molecularly known mildew effectors, providing valuable insights into the pathogen's adaptive strategies.

This is the first study to describe the fine-scale population genetic structure of wheat powdery mildew in Spain. It identifies the main selective pressures caused by both the host and the ecological context that acted on wheat mildew populations in Spain in the recent past. Concurrently, this study provides the basis for understanding a major wheat pathogen's virulent structure and genetic diversity to assist breeding strategies to create wheat varieties with long-lasting resistance.

Financiado por: This work is supported by the Spanish Ministry of Science, Innovation and Universities (RYC2021-032699-I, PID2022-142651OA-I00 and PRE2023- 142651).



O.13. Dinámica de la población de *Aspergillus* spp. sección Flavi en higos secos españoles: del campo a la planta de procesado

Zakaria Janfi¹, Francisco Abel Guerrero Paéz¹, M^a Ángeles Romero Martín¹, Concepción M. Díez¹, M^a. Teresa García López¹, Juan Moral¹

¹ Universidad de Córdoba

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: Higo seco, *Ficus carica*, *Aspergillus* spp, Sección Flavi, aflatoxinas, Valle Del Jerte.

Resumen:

La higuera (*Ficus carica*) es uno de los cultivos leñosos más extendidos en España (59,900 T/año). Un desafío significativo en la comercialización de higos secos es la contaminación por aflatoxinas, micotoxinas producidas por *Aspergillus* spp. de la sección *Flavi*. Los momentos críticos de estos patógenos y los factores de riesgo asociados a la colonización de los frutos siguen sin estar claros. Este estudio tuvo como objetivo monitorear la población de *Aspergillus* spp. en el suelo y en frutos aéreos y caídos en higueras españolas durante los veranos de 2022 y 2023. Las densidades de esporas de los aislados de *Flavi* también fueron cuantificadas utilizando captadores volumétricos en el campo y durante el procesado. La incidencia de aislados de *Flavi* dentro de los higos fue más del doble en los frutos recogidos del suelo que en los aéreos (10% vs. 4,2% y 35,7% vs 14,2% en 2022 y 2023, respectivamente). Las densidades promedio de inóculo de los aislados de *Flavi* en el suelo fueron de 25,7 UFC/g (rango de 140,1 a 5,0 UFC/g) y 27,9 UFC/g (rango de 395,5 a 5,2 UFC/g) en 2022 y 2023 respectivamente. Además, se detectaron esporas del patógeno en el aire desde julio hasta septiembre (0,04 UFC/m³ de aire), con picos a finales de agosto (hasta 2,43 UFC/m³ de aire). Por el contrario, la densidad de esporas de *Aspergillus* en el aire dentro de la cámara fría fue muy baja (0,001 UFC/m³) en comparación con otras de los géneros *Penicillium* y *Alternaria* (0,02 UFC/m³ y 0,01 UFC/m³ respectivamente). Nuestros hallazgos indican que la contaminación de los higos ocurre mayoritariamente en el suelo. Por lo tanto, se recomiendan prácticas agronómicas que minimicen el contacto del fruto con el suelo.

Financiado por: Un proyecto CDTI entre la Universidad de Córdoba, centro de investigación CICYTEX de Extremadura, La Universidad de Extremadura y la Agrupación de cooperativas del Valle del Jerte



O.14. Efecto de la lluvia en la dispersión y lavado de conidios de *Spilocaea oleagina*.

Francisco Abel Guerrero Páez¹, Rafael Campos Figueras¹, María Ángeles Romero Martín¹, Purificación Alcázar Teno², Juan Moral¹

¹ Universidad de Córdoba, Departamento de Agronomía

² Universidad de Córdoba, Departamento de Botánica, Ecología y Fisiología Vegetal

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: Dispersión, simulador de lluvia, *Spilocaea oleagina*, conidios, campo, inóculo y lluvia.

Resumen:

El olivo es el cultivo leñoso más extendido en la Cuenca Mediterránea. El Repilo, causado por el hongo hemibiotrofo *Spilocaea oleagina*, es la enfermedad fúngica área más importante de este cultivo. Los olivos afectados por el Repilo muestran una intensa defoliación que afecta notablemente a su capacidad productiva. Se acepta que los conidios de *S. oleagina* se dispersan durante los eventos de lluvia, aunque es un proceso poco estudiado. Conocer la influencia de la lluvia y sus características en la dispersión del patógeno es esencial para identificar los momentos óptimos de tratamiento. Presentamos los resultados de ensayos en condiciones controladas y campo que abordan este aspecto. Utilizando plantones con síntomas y un simulador de lluvia (12,5 mm/h) se realizaron tres experimentos independientes para estudiar la dispersión horizontal y vertical del patógeno, y el inóculo remanente tras eventos de lluvia. Paralelamente, se ubicaron dos captadores pasivos desde 2022 a 2024 en dos campos comerciales. En general, la densidad de conidios capturados disminuyó exponencialmente con la distancia a la fuente de inóculo, bajo la copa 1,5 conidios/cm² y a un 1 m 0,2 conidios/cm². Además, pudimos demostrar que, tras un evento de lluvia, se produce movimiento vertical de conidios arrastrados por las gotas dentro de la copa de los árboles. El inóculo remanente disminuyó significativamente con la duración del periodo de lluvia siendo 0, 20, 80 % tras 20, 40, y 80 min de duración. En campo, se detectaron picos de esporas (10-26 conidios/cm²) de diciembre a marzo durante los años 2022 al 2024. Estos picos coincidieron con eventos de lluvia o prácticas agronómicas como la recolección o aplicaciones foliares. Identificar los factores implicados en la dispersión de los conidios de *S. oleagina* son esenciales para optimizar los tratamientos fungicidas.

Financiado por: PROYECTOS DE I+D+i. MODALIDADES “GENERACIÓN DEL CONOCIMIENTO” Y “RETOS INVESTIGACIÓN” 2020. EPIDEMIOLOGÍA



Sesiones Simultáneas 1B: Microbioma vegetal

O.15. Un nuevo rol de los efectores LysM fúngicos como moduladores de la microbiota

Ana López-Moral¹, Hui Tian¹, Fantin Mesny¹, Jinyi Zhu¹, Bart PHJ Thomma¹

¹ University of Cologne, Cologne, Germany

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: Interacción hongo-bacteria, proteínas LysM, efectores fúngicos, actividad antibacteriana, peptidoglicano, microbiota.

Resumen:

Los genes que codifican los efectores LysM se encuentran en los genomas de la mayoría de las especies fúngicas, independientemente de su estilo de vida. Los efectores LysM son proteínas secretadas que contienen un número variable de dominios LysM de unión a carbohidratos en ausencia de otros dominios proteicos reconocibles. La mayoría de los efectores LysM caracterizados funcionalmente hasta la fecha se han estudiado en hongos fitopatógenos, y se ha demostrado que se unen a fragmentos de quitina derivados de la pared celular fúngica para suprimir la inmunidad desencadenada por la quitina en sus plantas huésped. Sin embargo, dado que los efectores LysM también están presentes en hongos no fitopatógenos, y que se ha observado previamente que los dominios LysM de otros tipos de proteínas se unen al peptidoglicano, componente de la pared celular bacteriana, nuestra hipótesis es que los efectores LysM también pueden desempeñar también un papel en las interacciones fúngicas con los competidores bacterianos del nicho. Para comprobarlo, evaluamos la posible actividad antibacteriana de diversos efectores LysM fúngicos frente a un panel de bacterias que engloba una amplia diversidad taxonómica. Resultó interesante descubrir que el crecimiento de bacterias principalmente Gram-positivas, que exponen el peptidoglicano en su pared celular, fue fuertemente inhibido. A continuación, se llevaron a cabo ensayos de unión de dichos efectores LysM a bacterias y peptidoglicano comercial, confirmando que pueden unirse a ambos sustratos. En conjunto, estos hallazgos sugieren que la actividad antibacteriana observada podría estar mediada por la unión al peptidoglicano de la pared celular bacteriana. Actualmente, estamos estudiando la actividad de los efectores LysM sobre la microbiota en las interacciones de los hongos con las bacterias de su entorno inmediato. Se expondrán nuestros hallazgos más recientes sobre el papel de los efectores LysM en la manipulación de la microbiota por parte de los hongos durante la colonización de sus nichos.

Financiado por: ALM disfruta de una beca de investigación postdoctoral financiada por la Fundación Ramón Areces. BPHJT agradece la financiación de la Fundación Alexander von Humboldt en el marco de una Cátedra Alexander von Humboldt otorgada por el Ministerio Federal de Educación e Investigación de Alemania.



O.16. Functional analysis of soil microbial communities associated with common bean crops under conventional and organic farming systems

Marta Suarez-Fernandez¹, Juan José Ferreira¹, Ana Campa¹

¹ Plant genetic group, Regional Service for Agrofood Research and Development (SERIDA), 33300 Villaviciosa, España

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: Microbial diversity, common bean, metabarcoding, soils, organic vs. conventional farming systems

Resumen:

This study aimed to evaluate the effects of conventional and organic farming systems on the diversity of soil bacterial and fungal communities in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) crops. We used metabarcoding to analyze two nearby soils used in bean crops: one under conventional farming for the last 20 years and the other under organic farming for 8 years. Soil samples from both farming systems were collected during the bean flowering season in two consecutive years, 2022 and 2023. We evaluated the composition and structure of the bacterial and fungal communities by amplifying and sequencing (Miseq) 16S and ITS target genes. Subsequently, we performed functional analyses to determine the microbial diversity and composition, focusing on the stable communities observed in both years. The 16S fraction contained 1139 species, of which 588 were common in both years. Of these, 221 species showed significant differences in abundance between the organic and conventional farming systems. The bacterial phyla Chloroflexi, Firmicutes, Gemmatimonadota, Patescibacteria, and Thermoplasmatota were prevalent in conventional soils during both years, whereas Bacteroidetes, Crenarchaeota, Myxococcota, and Nitrospirota were more abundant in organic soils. A total of 427 species were found in the fungal fraction, of which 194 were present in both years and 65 showed significant differences between treatments. The fungus/bacteria ratio was twice as high in organic farming (0.6) than in conventional (0.3). Over 95% of conventionally farmed soils were composed of fungi exclusively from 4 phyla, standing out Mortierellomycota (36.6%) and Ascomycota (44.4%). In contrast, organic soils showed greater biodiversity, with 95% of species represented in six phyla with similar proportions (6.6-24.6%): Rozellomycota, Chytridiomycota, Glomeromycota, Basidiomycota, Mortierellomycota, and Ascomycota. Functional analyses of bacterial communities from organic soils have revealed diverse functions, including nitrogen fixation. Among the fungi used in organic farming, entomopathogens, endophytes, and mycorrhizae were noteworthy. These fungal functions were rarely detected in conventional farming systems. Functional differences may stem from the frequent use of synthetic pesticides and fertilizers in conventional farming, which affects soil microbiota and reduces fungal and bacterial diversity. The results revealed the impact of conventional vs. organic farming on soil microbial biodiversity. They provided insights for restoring and protecting soil health to support sustainable bean production and biodiversity preservation.

Financiado por: Government of the Principality of Asturias and FEDER funds (IDI/2021/000104; GRUPIN: PCTI 2021-2023). Marta Suarez s got the grant JDC2022-048443-



I, funded by MCIU/AEI/10.13039/501100011033 and by the European Union NextGenerationEU/PRTR.

O.17. Impacto del déficit hídrico en la microbiota fúngica y *Phaeomoniella chlamydospora* en el xilema de vid

María Mercedes Maldonado-González¹, Catarina Leal¹, María Julia Carbone², Ales Eichmeier³, Tomas Kiss³, Rebeca Bujanda¹, David Gramaje¹

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, 26071 Logroño, Spain

2 Departamento de Protección Vegetal, Facultad de Agronomía, Universidad de la República, Avenida Garzón 780, 12900 Montevideo, Uruguay

3 Mendel University in Brno, Faculty of Horticulture, Mendeleum - Institute of Genetics, Valticka 334, 69144 Lednice, Czech Republic

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: Calentamiento global, cambio climático, déficit hídrico, enfermedad de Petri, estrés abiótico, hongo vascular, yesca

Resumen:

El calentamiento global está agravando la escasez de agua, poniendo en riesgo la productividad de la vid en todo el mundo. Estudios recientes indican que el déficit hídrico puede alterar la microbiota asociada al sistema radical de la vid, afectando componentes beneficiosos que alivian los efectos de estreses abióticos y bióticos. Este estudio investiga las alteraciones en la microbiota fúngica del xilema de la vid bajo déficit hídrico, centrándose en el patógeno vascular *Phaeomoniella chlamydospora*, asociado a la yesca y la enfermedad de Petri. Se sometieron plantas injerto enraizadas de un año a tres regímenes hídricos en invernadero: 100% (sin déficit), 50% (déficit moderado) y 25% (déficit severo) de la capacidad de campo. Las muestras de tejido xilemático se tomaron de la base, medio y ápice del portainjerto mediante un método no destructivo en tres momentos: antes de la plantación (t0), y al cabo de un año (t1) y dos años (t2) tras el inicio del experimento. La composición de la microbiota fúngica y la abundancia de inóculo natural de *P. chlamydospora* se evaluaron mediante secuenciación masiva de amplicones ITS2 y PCR digital en gotas, respectivamente. El estrés hídrico no solo alteró la diversidad y composición del microbioma fúngico en el xilema, sino que también afectó las redes de co-ocurrencia, resultando en redes menos complejas y con menos correlaciones entre taxones, lo que podría aumentar la vulnerabilidad de la vid a estreses abióticos y bióticos. El déficit hídrico severo redujo significativamente la diversidad microbiana, aumentando la abundancia de *P. chlamydospora* en el xilema. Estos hallazgos resaltan la importancia de gestionar adecuadamente el riego en viñedos para mitigar los efectos negativos del déficit hídrico sobre la salud de la vid y la incidencia de patógenos vasculares.

Financiado por: Este estudio ha sido financiado por el proyecto GLOBALVITI bajo el Programa Estratégico de Consorcios de Investigación Empresarial Nacional (CIEN) (Ministerio de



Economía, Industria y Competitividad de España, Centro para el Desarrollo Tecnológico Industrial (CDTI))

O.18. Unlocking the secrets of plant microbiomes

Víctor J. Carrión Bravo¹

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

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: Comparative genomics, bacterial lifestyles, microbiome

Resumen:

Plant roots are colonized by an astonishing number of microbes, not merely externally (rhizosphere) but also internally (endosphere). In the past years, extensive research has revealed the role of specific members of the plant microbiome to the improvement of plant tolerance to (a)biotic stress factors. However, the molecular mechanisms underlying these functions remain largely elusive. This in turn has raised new questions such as how endophytic bacteria colonize and protect plants against pathogens; and which genes are essential for being pathogenic or beneficial for the plant? In other words, are there genetic markers associated with specific microbial lifestyles?

Here, our newest results are presented to shed light on these outstanding questions. We used in-depth metagenomic sequencing of the endosphere to discover that chitinase and novel NRPS and PKS genes were only activated in endophytic microbes upon pathogen infection. We also developed a new computational tool (bacLIFE) to explore large-scale genomic datasets and to identify genes as well as biosynthetic gene clusters (BGCs) associated with specific microbial lifestyles. Using bacLIFE, we were able to dig into the microbial dark matter to discover novel genes and BGCs involved in pathogenesis and endophytic lifestyles. Collectively, our results provide new exciting insights into the largely unexplored functional potential of the plant microbiome and the chemical secrets of the endosphere.

Financiado por: The project was financially supported, in part, by the Spanish “Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades” project RYC2020-029240-I.



O.19. Unraveling the Impact of Microplastics on Plant and Soil Health

Giovana P. F. Macan¹, José Luis Trapero Casas¹, Guillermo León-Ropero¹, Concepción Olivares-García¹, Carmen Haro¹, Manuel Anguita-Maeso^{1,2}, Juan A. Navas-Cortés¹, Blanca B. Landa¹

¹ Institute for Sustainable Agriculture, Spanish National Research Council (IAS-CSIC), 14004, Córdoba, Spain

² Department of Biology, University of North Carolina at Chapel Hill, NC-27599, Chapel Hill, USA

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: microplastic pollution, soil health, soil borne disease, plant development, temporal dynamics, microbiome

Resumen:

Microplastic pollution in agricultural soils has gained increasing attention in recent years, with various sources implicated such as plastic mulch films, greenhouse covers, irrigation pipes, and predominantly plastic mulch films. However, the impacts of these anthropogenic materials on soil and plant health remain uncertain. To address this gap a cycling pot experiment was conducted to assess the short- and long-term impacts of both conventional and biodegradable microplastics from mulch films. Additionally, we evaluated disease reaction of cotton (*Gossypium hirsutum* L.) plants to a soil-borne pathogen, *Verticillium dahliae*, due to potential stress caused by microplastic presence in the soil. The experiment involved seed sowing, plant growth, and harvest over four cycles, with various parameters associated with plant and soil health monitored over time. A significant reduction in plant growth was observed during the first growth cycle in treatments with biodegradable microplastics. However, plant growth was not modified in subsequent cycles, indicating a short-term negative impact of biodegradable microplastics on plant growth. We also observed an interaction between the presence and type of microplastics with *Verticillium* wilt development. Specifically, 22 days post-inoculation, 29% of the plants in the conventional microplastics treatment showed disease symptoms. In contrast, it took 27 days for the biodegradable and control treatments to reach a similar level of disease incidence. Furthermore, by the end of the experiment, all plants in the treatment with biodegradable microplastics showed symptoms, compared to 86% in both the control and conventional microplastic treatments. Despite these differences in disease incidence, there was no significant difference in disease severity over time, as calculated by the area under the disease progress curve (AUDPC), indicating similar overall disease progression across all treatments. Additional analysis of the soil microbial activity assessed through respirometry and microcalorimetry, indicated a significant reduction in microbial activity in the treatments inoculated with the pathogen. Additional data on changes on microbial community composition obtained through next-generation sequencing will be provided to better understand the impact of both microplastics and the soil-borne pathogen on soil and rhizosphere microbial communities. This study highlights the importance of conducting long-term assessments to gain valuable insights into the temporal dynamics of soil and plant-associated microbiomes in response to microplastic pollution an area that remains underexplored and deserves further research.



Financiado por: This project has received funding from the European Union's Horizon 2020 research and innovation programme under the Marie Skłodowska-Curie grant agreement No. 955334 - SOPLAS.

O.20. Análisis del microbioma rizosférico como indicador del estado fitosanitario en olivares afectados por Verticilosis en Andalucía

Luis F. Arias-Giraldo¹, Livio Antonielli², Stéphane Compant², Juan A. Navas-Cortés¹, Blanca B. Landa¹

¹ Instituto De Agricultura Sostenible - CSIC, Córdoba

² Center For Health & Bioresources, Bioresources Unit, AIT Austrian Institute Of Technology Gmbh, Austria

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: Verticilosis del olivar; microbioma de la rizosfera; aprendizaje automático; diversidad microbiana; resistencia a patógenos.

Resumen:

La Verticilosis del olivo, causada por el hongo *Verticillium dahliae*, está ampliamente distribuida en la cuenca mediterránea y representa una de las principales preocupaciones para el sector olivarero andaluz por la gravedad de las pérdidas que ocasiona y las dificultades para su control. Hasta la fecha, no existe un tratamiento eficaz post-infección. Estudios previos han demostrado que el microbioma de la rizosfera desempeña un importante papel como primera vía de defensa de la planta frente a patógenos del suelo, al actuar como una barrera, impidiendo la invasión de patógenos. En consecuencia, la caracterización del microbioma beneficioso rizosférico se puede convertir en una estrategia prometedora de control en un contexto de manejo integrado de esta enfermedad.

En este trabajo, presentamos un estudio sobre la caracterización de las poblaciones microbianas en la rizosfera de olivos adultos, muestreados en 360 localizaciones en parcelas comerciales de olivar afectadas o no por Verticilosis representativos de todas las zonas de cultivo en Andalucía. En cada parcela se tomaron muestras de la rizosfera de árboles sintomáticos infectados por *V. dahliae* y asintomáticos no infectados (comprobado mediante análisis de diagnóstico mediante PCR específica). Además, se determinaron las características fisicoquímicas del suelo, tipo de suelo, variedad de olivo, y prácticas agronómicas. La estructura y diversidad de las poblaciones microbianas, se caracterizó mediante análisis de secuenciación de alto rendimiento de la región 16S rRNA para bacterias y la ITS1 rRNA para hongos. Se han utilizado dos enfoques para entender el posible papel de las poblaciones microbianas de la rizosfera en el estado fitosanitario del olivo (i.e., afectados o no por Verticilosis) uno basado en técnicas clásicas de ecología microbiana (medidas de alfa y beta diversidad) y otro basado en métodos de aprendizaje automático (Random Forest; GLMs con regularización Ridge, Lasso y Elastic Net entre otros).



Las técnicas clásicas de análisis de ecología microbiana no permitieron identificar patrones diferenciales entre árboles con distinto estado fitosanitario, mientras que los métodos analíticos basados en modelos de clasificación en los que se incluyeron los factores ambientales y agronómicos en el modelo mostraron una alta precisión (~80% en el caso de Random Forest) en la discriminación entre árboles enfermos o sanos a partir de la composición microbiana de la rizosfera. En estos modelos, *Fusarium* spp., *Dongia* spp., *Pirellula* spp. *Pseudomonas* spp. y *Bacillus* spp. fueron los géneros que aportaron un mayor poder de discriminación para diferenciar los olivos en base a su estado fitosanitario.

Financiado por: Financiación: AGL2012-37521, AGL2016-75606-R, PID2020-114917RB-100, P18-RT-4184, QUAL21-023 IAS, KODA.



Sesiones Simultáneas 1C: Interacción Planta-Virus

O.21. Adaptive substitutions in two amino acids of HCPro modify its functional properties to separately increase the virulence of a potyviral chimera

Hao Sun¹, Malgorzata Ciska¹, Mongia Makki¹, Francisco Tenllado¹, Tomás Canto¹

¹ Centro de Investigaciones Biológicas Margarita Salas

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: Adaptation of plant RNA viruses, plant virus evolution, plant virus recombination plant, small RNAs and viral suppressors, HCPro silencing suppressor, HCPro conformation

Resumen:

A cloned plum pox virus (PPV)-based chimera with its P1-HCPro bi-cistron replaced by a modified one from potato virus Y (PVY) increased its virulence in some *Nicotiana benthamiana* plants after several mechanical passages. This correlated with the natural acquisition by the virus of amino acid substitutions in several proteins, including in HCPro at either position 352 (Ile→Thr) or 454 (Leu→Arg), or of mutations in non-coding regions. The substitutions in HCPro coincided with sites where polymorphisms in small RNAs of viral sequence had already been detected in initial infections, suggesting that from early on selective pressures were acting on them. Thr in HCPro position 352 is not found among natural potyviruses, while Arg in 454 is a reversion to the native PVY HCPro amino acid. Using reverse genetics and functional assays we show here that each mutation strongly contributes to the increased virulence observed in the passaged viruses that acquired them, and that Thr in 352 is no intragenic suppressor to a Leu in 454, since the combined effects on local virus levels of Thr in 352 and Arg in 454 are cumulative. We demonstrate that Arg in position 454 improves HCPro autocatalytic cleavage, while Thr in position 352 can increase its accumulation and that of a reporter in agropatch assays. We have also assessed infection by four cloned chimera variants expressing HCPro with none of the two substitutions, one of them, or both, in wild-type vs. DCL2/4-silenced transgenic plants. We found that during infection, the transgenic context of altered small RNAs affected differently the accumulation of the four HCPro variants and hence, also the virulence of viral infection.

Financiado por: This research was funded by grants PID2019-109304RB-I00 and PID2022-137691OB-I00, from the Spanish Ministry of Science and Innovation (MCIN/AEI/10.13039/501100011033), and by the European Union Next Generation EU/PRTR. PhD candidate Hao Sun is funded by a 4-year PhD fellowship (No. 202108390033) from the National Scholarship Council of the People's Republic of China. Mongia Makki was recipient of a short-term visiting fellowship from the Government of Tunisia.



O.22. The proximity-labeling interactome of a plant viral protein targeted to mitochondria and chloroplasts

María Sáiz Bonilla¹, Yuanyuan Li², Christian Montes Serey³, Justin W. Walley³, Savithramma P Dinesh Kumar², Vicente Pallás Benet¹, Jose Antonio Navarro Bohigues¹

¹ Instituto de Biología Molecular y Celular de Plantas, Valencia

² Department of Plant Biology and The Genome Center, College of Biological Sciences, University of California, Davis, USA

³ Department of Plant Pathology and Microbiology, Iowa State University, Ames, USA

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: TurboID, proximity labeling, coat protein, protein-protein interaction, melon necrotic spot virus, mRNA splicing, MAPK cascade, *Nicotiana benthamiana*.

Resumen:

The coat protein (CP) of melon necrotic spot virus (MNSV) is dually targeted to chloroplasts and mitochondria, which is essential for viral infection. Identifying CP interactors can shed light on how plant viruses exploit or manipulate fundamental cell processes and facilitate the characterization of potential antiviral targets. Using TurboID-based proximity labeling, a potent tool for detecting protein-protein interactions, we uncovered a comprehensive list of host proteins interacting with MNSV CP and its cytoplasmic mutant lacking the dual transit peptide. Among eight initially selected proteins, silencing of NbSIK1, NbSMU2, and NbMAP3K showed the most significant impact on viral accumulation. These genes encode a MAP4 Kinase, a splicing factor, and a MAP3 Kinase, respectively. Bimolecular fluorescence complementation confirmed the interaction of CP with NbSMU2 and NbMAP3K but not with NbSIK1. However, NbMAP3K-NbSIK1 interaction was evidenced, suggesting an indirect link between MNSV CP and NbSIK1 facilitated by NbMAP3K. Two hypotheses emerged based on protein functionality and interaction localization. Firstly, CP MNSV might manipulate NbSMU2, altering mRNA splicing to favor viral infection. Secondly, NbSIK1 silencing leads to elevated salicylic acid levels known to restrict viral infection, which is consistent with the function of NbSIK1 as a positive regulator of pattern-triggered immunity (PTI). NbMAP3K, a negative PTI regulator, also limits MNSV infection upon silencing. Thus, our findings highlight the involvement of a mitogen-activated protein kinase cascade during MNSV infection, modulated by both positive and negative PTI regulators.

Financiado por: MINISTERIO DE CIENCIA E INNOVACION, PID2020-115571RB-I00



O.23. The receptor-like kinase BIR1 is a negative regulator of antiviral defense that inhibits plasmodesmata callose-deposition and PTI-gene expression

Carmen Robinson¹, Irene Guzmán-Benito¹, Manfred Heinlein², Thorsten Nürnberger³, César Llave¹

¹ Centro de Investigaciones Biológicas Margarita Salas

² Center of Plant Molecular Biology (ZMBP), University of Tübingen

³ Institut de Biologie Moléculaire des Plantes, CNRS

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: Innate immunity, plant homeostasis, immune regulation, BIR1, plant-virus interactions

Resumen:

Plants respond to viruses by enhancing the expression of multiple genes that function as regulators or executors of defense programs. Among them, the receptor-like kinase (RLK) BAK1-INTERACTING RECEPTOR-LIKE KINASE 1 (BIR1) functions as a negative regulator of multiple resistance signaling pathways in *Arabidopsis thaliana*. BIR1 is transcriptionally up-regulated during viral infections in a SA-dependent manner. A previous study from our group suggests that there is an active role of BIR1 in antiviral immunity as knockout *bir1-1* mutants have increased resistance to the RNA virus Tobacco rattle virus (TRV). Here, we use a panel of *Arabidopsis* mutants with single and combined disruptive mutations in genes affecting different BIR family members as well as genes involved in pattern-triggered immunity (PTI) and effector-triggered immunity (ETI) signaling. We found that mutations in all three BIR genes display virus-resistance phenotypes that were not rescued by mutations in other BIR1-associated RLKs, as PHYTOALEXIN DEFICIENT 4 (PAD4) or SUPPRESSOR OF BIR1-1 (SOBIR1). In contrast, mutations in ENHANCED DISEASE SUSCEPTIBILITY (EDS1), which is essential for cell death and ETI immunity, increased virus accumulation in *Arabidopsis*, suggesting that antiviral resistance mostly relies in R-mediated immune responses. We further use a dexamethasone (DEX)-inducible expression system to mimic the activation of BIR1 in the absence of infection or microbial elicitors, and to assess the effects of BIR1 induction on the early immune responses. We found that BIR1 induction has minimal effects on the plant transcriptome, as opposed to BIR1 overexpression or BIR1 depletion, which have constitutive defects in the immune response. We also show that BIR1 induction has negligible effects on the accumulation of reactive oxygen species (ROS) and the defense-hormone ethylene in the presence of canonical microbial PTI elicitors. However, it significantly interferes with the expression of the PTI-marker genes FLG22-INDUCED RECEPTOR-LIKE KINASE 1 (FRK1) and PATHOGENESIS RELATED 1 (PR1) in response to the bacterial peptide flg22. Interestingly, BIR1 induction also interferes with plasmodesmata callose deposition triggered by double-stranded RNA. We propose that BIR1 induction may represent a pathogen-triggered mechanism to modulate plant defenses during infection.



Financiado por: This work was supported by National Research grants RTI2018-096979-B-I00 and PID2021 127982NB-I00 to CL from Ministerio de Ciencia e Innovación (Spain) and UE-FEDER, and grant iLINKA20415 to CL from CSIC (Spain).

O.24. Characterization of the Ty-2 resistance-breakdown by the geminivirus Tomato yellow leaf curl virus (TYLCV)

Araceli G. Castillo¹, Verónica Pérez Rubio¹, Beatriz Romero-Rodríguez¹, Ana Pérez-Luna¹, Tábara Rosas-Díaz¹, Marta A. Rey¹, Emmanuel Aguilar-Parras¹, Rosa Lozano-Durán², Enrique Moriones¹, Eduardo R. Bejarano¹

¹ IHSM-La Mayora, Málaga

² Centre for Plant Molecular Biology (ZMBP), Tübingen, Germany.

Tipo Comunicación: ORAL SEF

Palabras Clave: Whitefly, TYLCV, Ty2, C4

Resumen:

Whitefly-transmitted viruses are emerging worldwide as a result of the global spread of their whitefly vector *Bemisia tabaci*. Among them, isolates of geminiviruses associated with the tomato yellow leaf curl disease (TYLCD), such as Tomato yellow leaf curl virus (TYLCV), that cause severe damage to tomato (*Solanum lycopersicum*) crops (1).

The use of genetic resistance against geminiviruses has proved successful in tomato and resistance genes has been identified in a number of wild tomato relatives, including *S. pimpinellifolium*, *S. peruvianum*, *S. chilense*, *S. habrochaites* and *S. cheesmanii* (2, 3), and introgressed in tomato commercial varieties. The Ty-2 gene from *S. habrochaites* is effective against the most widespread strain of TYLCV (officially the type strain and called Israel, IL, strain) although can be overcome by isolates of other TYLCV strains such as the Mild (Mld) strain. Ty-2 is a “nucleotide-binding leucine-rich repeat (NLR)” that is constitutively expressed in the resistant lines and is not regulated upon TYLCV infection (4). Several analyses have determined that the C4 protein is the viral determinant to overcome Ty-2 derived resistance (5, 6, 7). Geminivirus C4 is a multifunctional protein that localizes at the plasma membrane and the chloroplast and plays important roles in virus pathogenicity and has been described as a symptom determinant, a viral suppressor of RNA silencing and a key element for the suppression of salicylic acid-mediated responses (8). The aim of this study is to determine the mechanisms involved in Ty-2-mediated differential resistance to several viruses of the TYLCD complex. Using recombinant virus versions for the C4 gene from TYLCV-IL and TYLCV-Mld, we have identified a region of the protein that contains the RCC1-like domain (RLD), that is involved in the Ty-2 resistance breakdown and that is present in C4 -IL but not C4-Mld (9). Two-point mutations in this domain that disrupted the interaction between C4-IL and RLD, were sufficient to overcome Ty-2-mediated resistance, suggesting a link between a NLR-mediated resistance and RLD, a protein involved in the determination of cell polarity (10). The subcellular localization of these three proteins will also be discussed and presented.



References

1. Yan et al., 2021. Microorganisms
2. LAPIDOT, M. and FRIEDMANN, M. 2002. Annals of Applied Biology, 140: 109-127
3. Rojas et al., 2018. Annual review of phytopathology
4. Yamaguchi et al., 2018. Theor Appl Genet 131, 1345-1362.
5. Barbieri, M., et al. 2010. Journal of Plant Pathology, vol. 92, no. 2, 2010, pp. 485-93
6. Ohnishi, J., et al., 2016. Arch Virol 161, 2207-2217
7. Diego M. Tomás, M., et al., 2011. Molecular Plant-Microbe Interactions
8. Medina-Puche et al., 2021. PLOS Pathogens
9. Gao and Aguilar-Parras et al., 2022. BioRxiv
10. Furutani, M., et al., 2020. Nat Commun 11, 76. 10.

Financiado por: This work was supported by the Spanish Ministerio de Economía y Competitividad, cofinanced by the European Regional Development Fund, ERDF, (PID2022-139376OB-C32 to E.M. and J.D.P., grant PID2022-139376OB-C31 to A.G.C. and E.R.B.; FPI fellowship number PRE2020094458 to V.P.R.)

Observaciones: Acknowledgements and funding: The authors would like to thank Adela Zumaquero, Victoria Motos and Javier Rueda and contributions from all members of the GeminiTeamIHSM.

O.25. Virus de transmisión no circulativa y su posible competencia en los lugares de retención en su pulgón vector *Aphis gossypii*

Rocío Galán-Cubero¹, Jaime Jiménez Ruiz¹, María Guirao Monreal¹, María Plaza Martín¹, Alberto Fereres Castiel¹, Aranzazu Moreno Lozano¹

1 Instituto de Ciencias Agrarias, Consejo Superior de Investigaciones Científicas

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: Cucumovirus, Potyvirus, virus no circulativos, receptores, competencia, transmisión por pulgón

Resumen:

Durante décadas se han investigado los lugares de retención específicos para virus no circulativos (NC) en la cutícula del aparato digestivo anterior de sus pulgones vectores. Es conocido que el lugar de retención para el virus del mosaico de la coliflor (CaMV, *Caulimovirus*) está restringido



a un área en el extremo distal del conducto común de los estiletes maxilares llamado acrostyle . Además, el virus Y de la patata (PVY, *Potyvirus*), también ha sido detectado en la misma región y posiblemente pueda unirse, aunque de forma inespecífica, a otras zonas del estilete. Se desconoce la naturaleza y la ubicación precisa de los lugares de retención de otros virus NC, existiendo la posibilidad de que varias especies virales distintas pudieran compartir los mismos lugares de retención. Aquí evaluamos la posible competencia de dos virus NC con diferentes estrategias de transmisión por los lugares de retención en el pulgón *Aphis gossypii*: i) el virus del mosaico del pepino (CMV, *Cucumovirus*), retenido en los estiletes del pulgón mediante su proteína de cubierta; y ii) el virus del mosaico amarillo del calabacín (ZYMV, *Potyvirus*), unido al vector mediante la proteína HC-Pro. Se realizaron dos experimentos de transmisión: i) con adquisición simultánea de los virus sobre la misma planta fuente coinfectada con CMV-ZYMV; y ii) con adquisición secuencial en plantas fuente diferentes con infección simple (CMV seguida de ZYMV y viceversa). Ambos experimentos se realizaron a tiempo fijo (5 minutos adquisición) y también monitorizando el comportamiento del vector mediante la técnica de gráficos de penetración eléctrica (EPG) (el vector era retirado de la planta tras una sola penetración intracelular de los estiletes (pd). Además, tras 5 minutos de adquisición sobre planta coinfectada, se monitorizó la fase de inoculación limitando el comportamiento del vector hasta que realizase una sola pd sobre melón. Los resultados mostraron que *A. gossypii* fue capaz de adquirir e inocular ambos virus tras una sola pd. Ello indica que un solo pulgón puede adquirir e infectar ambos virus simultáneamente en una sola célula de melón. La tasa de transmisión de ambos virus cuando la adquisición se realizó sobre plantas coinfectadas durante 5 minutos fue mayor que la obtenida cuando los virus fueron adquiridos en plantas con infección simple. Los ensayos de transmisión secuencial mostraron una disminución de la transmisión del virus que fue adquirido en segundo lugar (tanto CMV como ZYMV), aunque sin diferencias significativas. Los resultados y posibles implicaciones epidemiológicas serán discutidos.

Financiado por: Ministerio de Ciencia e Innovación (Proyecto: Multitrophic interactions between viruses, aphids and natural enemies in a changing climate (INTERVIRAPHID); Referencia: PID2020-117074RB-I00)

O.26. The regulatory module miR395 - Primase controls the resistance to ToLCNDV infection in melon in an environment dependent manner

C. Saez², G.H. Hernandez-Azurdia¹, A. Sifres¹, V. Aragonés⁴, J. Marquez-Molins⁵, A.M. Perez de Castro², J.A. Daros⁴, C. Lopez², M.B. Picó², G.G. Gomez¹

1 Institute for Integrative Systems Biology (I2SysBio), Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC) - Universitat de València (UV), Parc Científic, Agustín Escardino 9, 46980 Paterna, Spain.

2 Instituto de Conservación y Mejora de la Agrodiversidad Valenciana (COMAV), Universitat Politècnica de València (UPV), Valencia, Spain.

3 Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas UPM-INIA and E.T.S. Ingeniería Agronómica, Alimentaria y de Biosistemas, Universidad Politécnica de Madrid, 28031 Madrid, Spain.

4 Instituto de Biología Molecular y Celular de Plantas (IBMCP), Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC) -Universitat Politècnica de València, Av. de los Naranjos s/n, 46022, Valencia



5 Department of Plant Biology, Uppsala BioCenter, Swedish University of Agricultural Sciences and Linnean Center for Plant Biology, Uppsala, Sweden.

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: Melon, ToLCNDV, resistance, miR395, DNA primase, abiotic stress, viral infection, Cucurbitaceae, climate change, gene silencing.

Resumen:

Melon (*Cucumis melo*) is a widely cultivated diploid species ($2n=24$) with an annual worldwide production exceeding 28 million tons in 2022. However, the emergence of new viral diseases due to climate change, international trade, and intensive agriculture poses a significant threat to melon production. Among these, Tomato leaf curl New Delhi virus (ToLCNDV), a member of the Begomovirus genus, has become a critical concern. Initially reported in India in 1995, ToLCNDV has spread to various Asian countries and, since 2012, to the Mediterranean region, predominantly affecting cucurbits, including melon. Infected melon plants exhibit severe symptoms, including yellow spots, curled leaves, and stunted growth, leading to significant yield losses. Current control measures, such as cultural practices and chemical treatments against vectors, offer limited efficacy. Thus, understanding the plant-endogenous mechanisms regulating melon-ToLCNDV interactions is crucial for developing resistant varieties in the current scenario of climatic transition. Previous studies identified several melon accessions resistant to ToLCNDV, with resistance linked to a major QTL on *C. melo* chromosome 11. Within this region, a DNA-primase (large subunit) coding gene has emerged as a potential candidate associated with ToLCNDV resistance.

In this study, we explored the molecular basis of ToLCNDV resistance in melon, focusing on the DNA-primase gene and stress-responsive miR395. Through virus-induced gene silencing (VIGS) and transient expression assays, we demonstrated that silencing DNA-primase reduces ToLCNDV accumulation in susceptible melon plants, while overexpression increases viral load in resistant plants. Additionally, computational predictions identified miR395 as a regulator of DNA-primase. A GFP reporter expression assay confirmed that miR395 negatively regulates DNA-primase transcripts.

Moreover, we found that adverse environmental conditions, such as salinity and drought, induce miR395 accumulation, downregulating DNA-primase and enhancing ToLCNDV resistance in susceptible melon cultivars. This study provides the first evidence of environmental conditions directly affecting Geminiviruses infection dynamics via miR395-mediated regulation of DNA-primase. These findings underscore the potential of targeting DNA-primase for breeding ToLCNDV-resistant melon varieties and highlight the influence of environmental factors on virus-host interactions, offering insights for sustainable disease management in melon cultivation.

Financiado por: Supported by grants PID2022- 139393OB-I00 (GG), PID2021-125787OR-C33 (PMB) funded by MCIN/AEI/10.13039/501100011033 and by “ERDF A way of making Europe”, and PROMETEO project for excellence groups 2021/072 (CL) Conselleria d’Educació, Universitats i Ocupació (Generalitat Valenciana, Spain).



Observaciones:* C.S. and G.H-A. contributed equally to this work. Author for correspondence gustavo.gomez@csic.es and mpicosi@btc.upv.es



Sesiones Simultáneas 2A: Nuevos métodos de Diagnóstico y vigilancia epidemiológica.

O.27. Diversidad viral en ecosistemas forestales mediterráneos

Sergio Diez-Hermano¹, Alvaro Benito Delgado¹, Jonatan Niño¹, Alba Diez Galán¹, Raquel del Campo Calvo¹, Marcos De la Peña², Julio Javier Diez Casero¹

1 Higher Technical School of Agricultural Engineering (ETSIIAA), University of Valladolid, Spain

2 Institute for Plant Molecular and Cellular Biology (CSIC-UPV), Valencia, Spain

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: Next generation sequencing, forest virome, cross-kingdom, palmprint, Serratus

Resumen:

La crisis climática, la presión humana y la globalización están alterando las condiciones de los hábitats forestales y facilitando la entrada de nuevos patógenos que no comparten una historia de coevolución con el bosque. La masificación urbana expone a la población humana a la aparición de nuevas enfermedades infecciosas, como la pasada pandemia de coronavirus. Por lo tanto, el estudio de los virus, y específicamente de los virus de ARN en el ecosistema forestal, es esencial para comprender cómo puede ocurrir el flujo viral entre diferentes huéspedes y para prevenir posibles brotes de enfermedades humanas en el futuro.

En este estudio se describe la diversidad viral encontrada en árboles, insectos y hongos de bosques mediterráneos españoles. Se muestrearon tres hábitats en Castilla y León, caracterizados por especies arbóreas mediterráneas clave: *Quercus ilex*, *Castanea sativa* y *Pinus radiata*. Se realizó RNAseq en tejidos arbóreos sobre el suelo, insectos y hongos cultivados a partir de los mismos materiales.

Se detectaron 161 secuencias virales mediante la búsqueda de coincidencias con secuencias conservadas de la ARN polimerasa dependiente de ARN (RdRP) utilizando palmID. Se asignó una taxonomía tentativa a los contigs, tomando un consenso de los 10 mejores resultados por encima del umbral de identidad del 90% contra PALMdb. Se identificaron hasta 15 familias virales, siendo Botourmiaviridae (25%) y Partitiviridae (6%) las más abundantes. Además, se encontraron virus pertenecientes a familias con capacidades de cruce de reinos, como Hypoviridae (1), Mitoviridae (7) y Narnaviridae (5).

La distribución de los virus en el ecosistema fue la siguiente: *Q. ilex* (57%), *P. radiata* (27%) y *C. sativa* (16%). Hay que destacar que el 40% de las secuencias de RdRP no tenían coincidencias en las bases de datos virales disponibles actualmente, lo que constituye un punto de partida para la búsqueda de nuevos virus que podrían estar participando en vías infecciosas desconocidas dentro de los bosques.

Financiado por: Junta de Castilla y León. Consejería de Educación.



O.28. Olive leaf mottling virus: nuevo virus del género *Olivavirus*, familia *Closteroviridae*

Antonio Olmos Castelló¹, José Malagón Cañizares², Manuel Ruiz Torres³, Sergio Paz Compañ², Ana Belén Ruiz García¹

1 Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias (IVIA). Ctra CV-315, km 10.7, 46113 Moncada, Valencia

2 Servicio de Transferencia de Tecnología (STT) de la Generalitat Valenciana. Ctra CV-315, km 10.7, 46113 Moncada, Valencia

3 Laboratorio de Producción y Sanidad Vegetal de Jaén, Junta de Andalucía, Sierra Morena, 12b, 23620 Mengíbar, Jaén

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: OLMV, Viroma, Olivo, *Olivavirus*, *Closterovirus*, HTS, Detección, Identificación, Moteado de la hoja, *Euphyllura olivina*

Resumen:

En julio de 2023 se observaron unos síntomas muy llamativos de moteado en las hojas de dos árboles del banco de variedades de olivo de la Generalitat Valenciana. Los estudios del viroma de las plantas afectadas mediante secuenciación masiva (HTS) revelaron la presencia de un nuevo virus, cuya secuencia nucleotídica (Nº Acc. PP869314) presenta un 54.9% de similitud con el aislado V64 de olive leaf yellowing associated virus (OLYaV) (Nº Acc. MW056495). Hemos determinado que el genoma de este virus, al que hemos denominado olive leaf mottling virus (OLMV), consiste en un único segmento de ARN de 16.516 nt de longitud con 10 pautas de lectura abiertas (ORF): ORF1a (L-Pro, Mtr, Hel), ORF1b (RdRp), ORF2 (proteína similar a taumatinas), ORF3 (proteína transmembrana), ORF4 (HSP70), ORF5 (HSP90), ORF6 (CP), ORF7 (p19), ORF8 (p12), ORF9 (p23) y ORF10 (p10). Los análisis filogenéticos comparativos con todas las especies de referencia de la familia *Closteroviridae* en las cinco proteínas comunes, muestran que OLMV agrupa junto a los virus del género de reciente creación *Olivavirus*, constituido por OLYaV, persimmon virus B (PVB) y actinidia virus 1 (AV1). Este hecho viene apoyado por la presencia en su genoma de una ORF que codifica una proteína similar a taumatinas y la ausencia en su codificación de la proteína de cápsida menor (CPm), característica común a los miembros de este género. La similitud a nivel de aminoácidos con el aislado V64 de OLYaV que pertenece a la especie *Olivavirus flavioleae*, y que resultó ser la más próxima a nivel filogenético, muestran los siguientes valores: 45.1% en la ORFa, 71.5% en la RdRp, 62.1% en la HSP70, 55.0% en la HSP90 y 60.2% en la CP. La divergencia a nivel de aminoácidos es mayor del 25%, para todas ellas, criterio establecido por la ICTV para la clasificación de nueva especie. Por lo tanto, OLMV-158 es el primer aislado descrito de esta nueva especie. Hemos caracterizado la secuencia completa de otro aislado de OLMV y diseñado iniciadores para su identificación, tanto en material vegetal como en posibles vectores. Se han recolectado artrópodos en árboles afectados y hemos identificado OLMV en el psílido *Euphyllura olivina*, lo que muestra su capacidad de adquisición. Prospecciones realizadas en Andalucía y la Comunidad Valenciana muestran la presencia de OLMV en ocasiones en plantas infectadas también con OLYaV. A diferencia de OLYaV, que presenta una prevalencia alta en los olivos tanto sintomáticos como



asintomáticos, OLMV tiene una prevalencia menor y parece estar presente solo en árboles con sintomatología asociada al moteado y, en muchas ocasiones, relacionado con amarilleamiento de nervaduras. Este estudio supone un avance en el conocimiento del género *Olivavirus* y en la identificación de los posibles agentes causales del moteado de la hoja del olivo.

Financiado por: PID2021-128779OR-I00.

O.29. Problemas y desafíos en la identificación de especies del género *Neofusicoccum*.

David Hernández Hernández¹, Federico Laich¹, Felipe Siverio de la Rosa¹

1 Unidad de Protección Vegetal, Instituto Canario de Investigaciones Agrarias, 38270 San Cristóbal de La Laguna, Tenerife

Tipo Comunicación: ORAL SEF

Palabras Clave: Botryosphaeriaceae, Canarias, aguacate, taxonomía, filogenia, *Neofusicoccum parvum*, ITS, tef1, tub2, rpb2

Resumen:

El género *Neofusicoccum* (Botryosphaeriaceae) fue introducido en el año 2006 para renombrar (comb. nov.) 13 especies previamente descritas en el género *Fusicoccum*. Desde entonces, y asumiendo la visión más amplia del género, se han descrito un total de 62 especies, de las cuales 28 (45%) presentan claros problemas para su identificación y, en consecuencia, para su detección. Actualmente, la identificación de estas especies se realiza, principalmente, mediante el análisis filogenético de cuatro marcadores moleculares (ITS, tef1, tub2 y rpb2). Sin embargo, este análisis presenta dos problemas principales: i) la indisponibilidad de las secuencias de ADN de los cuatro genes en los holotipos de cada una de las especies descritas, y ii) la deficiente calidad de las secuencias depositadas en las bases de datos (como GenBank) de determinadas especies (fragmentos secuenciados de escasa longitud, exceso de bases nucleotídicas degeneradas, etc.). A estos inconvenientes se añaden los problemas surgidos con la descripción de nuevas especies, donde algunas de ellas se caracterizaron sin considerar las secuencias de todos los genes mencionados anteriormente, otras presentan mínimas diferencias con las especies

filogenéticamente relacionadas y, en otros casos, los análisis filogenéticos realizados no contemplaron la variabilidad intraespecífica. Este trabajo muestra la problemática surgida al identificar 96 aislados de *Neofusicoccum* obtenidos de plantas de aguacate con y sin síntomas de enfermedad en Canarias. Se realizó un análisis filogenético de las secuencias de ADN de todos los aislados, junto con las cepas tipo de cada una de las especies del género *Neofusicoccum* y otras secuencias utilizadas en publicaciones dedicadas a la descripción de nuevas especies o a revisiones del género. Los resultados obtenidos muestran las dificultades encontradas para la caracterización e identificación de los aislados objeto de este estudio, que se pormenorizan en el caso de *Neofusicoccum parvum* (uno de los patógenos más frecuentes e importantes del género)



al presentar un conflicto con otras especies como: *N. algeriense*, *N. hyperici*, *N. italicum*, *N. pandanicola*, *N. sichuanense* y *N. yunnanense*. A la vista de esta problemática y en conclusión, se propone la revisión taxonómica del género mediante: i) la secuenciación de todas las cepas tipo con los cuatro marcadores moleculares citados, ii) el análisis de un mayor número de aislados durante la descripción de las nuevas especies teniendo en cuenta la variabilidad intraespecífica, iii) la ampliación de los análisis utilizando nuevos marcadores moleculares que permitan clarificar la identificación de las especies del género de forma práctica.

Financiado por: Subproyecto CAIA2024-002-04-S3. Invest. principal: SIVERIO DE LA ROSA, Felipe. FPI PRE2020 095122 - MCIN/AEI/10.13039/501100011033

O.30. Identificación de especies y cepas de *Botrytis cinerea* mediante MALDI-TOF

Marco Samuel Vallejo Jiménez¹, Almudena Escobar-Niño¹, Francisco Javier Fernandez Acero¹

1 Instituto de Investigaciones Vitivinícolas y Agroalimentarias IVAGRO. Fac. CC del Mar y Ambientales. Universidad de Cádiz

Tipo Comunicación: ORAL SEF

Palabras Clave: *Botrytis cinerea*, Proteomics, MALDI TOF,

Resumen:

El género *Botrytis* es un grupo de hongos fitopatógenos muy diverso, compuesto por un gran número de especies con diferente biología, ecología, morfología y rango de hospedadores. La evolución de la genética molecular ha ayudado a identificar hasta el momento más de 30 especies dentro de este género. Sin embargo, la metodología utilizada para delimitar el concepto de especie dista mucho de ser homogénea y la mayoría de los protocolos utilizados presentan varias limitaciones. Se suelen utilizar parámetros como morfología, experimentos de entrecruzamiento, huésped, preferencias ecológicas, etc. De ellas, la más utilizada en la taxonomía de *Botrytis* se basa en el análisis de las secuencias de genes o proteínas, por ejemplo, ITS rDNA, G3PDH, HSP60, etc. La complejidad de estas determinaciones se ve aumentada debido a naturaleza oportunista de muchas especies de *Botrytis*, actuando además como saprófitos, fitopatógenos o

endófitos viviendo en organismos asintomáticos, dependiendo de varios factores. Esta plasticidad dificulta la detección y determinación precisa de la taxonomía de este género.

Por otro lado, el diagnóstico ha cambiado drásticamente, pasando de tediosas técnicas de cultivo microbiológico en medios selectivos a una metodología rápida basada en espectrometría de masas tipo MALDI TOF, donde se identifican diferentes microorganismos comparando los espectros obtenidos directamente a partir de las colonias utilizando bases de datos específicas. Estos equipos llevan años funcionando en los servicios de microbiología hospitalaria. Sin embargo, esta tecnología no se ha utilizado demasiado en los laboratorios agroalimentarios. La base de datos



del sistema puede aprender de los espectros MALDI TOF anotados para identificar microorganismos, especies o cepas específicas. El objetivo de este trabajo es el desarrollo de una herramienta más eficiente y rápida para identificar y diferenciar diferentes especies y cepas de Botrytis. Por tanto, este trabajo se centró en la optimización de dos aspectos fundamentales del sistema MALDI-TOF MS: la optimización del procesamiento de muestras; y la optimización de la base de datos de espectros.

Para este fin, se incubaron en medio Saboraud varias especies de Botrytis y varias cepas de B. cinerea. Estos cultivos fueron procesados mediante el protocolo de hongos filamentosos para el

equipo Vitek MS (Biomerieux), con el que se analizarán sus espectros. Estos espectros se analizaron en primer lugar en la base de datos cerrada de este sistema (IVD) y Posteriormente contra la base de datos abierta (RUO). Finalmente, todos los espectros generados de las distintas cepas y especies de Botrytis, fueron utilizados para la generación de un sistema de identificación para este organismo. El MALDI-TOF MS se considera una herramienta fácil, económica y rápida que podría ayudar a la detección y clasificación de hongos a partir de los cultivos afectados e incluso del ambiente circundante, lo que ayudaría a una adecuada profilaxis de los cultivos, evitando así grandes pérdidas económicas e impactos ambientales.

Financiado por: VITENOCLIMAT: Improving the educational background of viticulture and enology to mitigate the negative impacts of climate change. ERASMUS-K2-CP (2021-2-HU01-KA220-HED-000050361)

O.31. Prevalencia de nematodos fitoparásitos en el cultivo del guisante y sus implicaciones en el diagnóstico y mejora genética.

María Córdoba-Sánchez¹, Diego Rubiales¹, Pablo Castillo¹, Juan Emilio Palomares-Rius¹

¹ Instituto de Agricultura Sostenible

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: Pratylenchus, distribución, detección, qPCR, Ditylenchus dipsaci, cebadores

Resumen:

El guisante (*Pisum sativum*) es una leguminosa de grano muy cultivada en climas templados, que tiene conocidos beneficios agrícolas y medioambientales. Este cultivo puede verse afectado por diversas enfermedades, entre las que se encuentran diferentes especies de nematodos fitoparásitos. En este trabajo se ha estudiado la prevalencia y distribución de nematodos fitoparásitos en suelo y raíz en diferentes campos de guisante en el sur de la Península Ibérica. Concretamente, el muestreo se ha realizado en 30 campos de guisante distribuidos en las provincias de Córdoba, Granada y Jaén, y se han identificado los diferentes nematodos fitoparásitos mediante taxonomía integrativa (combinación de identificación morfológica y molecular). Se ha detectado una elevada prevalencia (80% de las muestras) y altos niveles de



población en suelo y raíz de diversas especies de nematodos lesionadores de raíz del género *Pratylenchus* (*P. thornei*, *P. mediterraneus*, *P. penetrans*, *P. neglectus*, *P. crenatus* y *Pratylenchus* sp. 1 WB-2017) con niveles en raíz que oscilan desde 3 a 6636 individuos/gramo de raíz. La especie más prevalente es *P. mediterraneus* (40% de las parcelas), seguida de *P. neglectus* (37%), *P. crenatus* (37%) y *P. thornei* (33%). Las muestras presentaron poblaciones compuestas por una especie (27%), dos especies (30%), tres especies (17%), e incluso cuatro especies (6%) de *Pratylenchus* simultáneamente. Las PCRs cuantitativas publicadas hasta la actualidad no permiten diferenciar *P. mediterraneus* de *P. thornei*, por lo que en este estudio se han desarrollado unos nuevos cebadores para su identificación y cuantificación precisas. En la rizosfera de guisante, los nematodos fitoparásitos más prevalentes fueron *Geocenamus brevidens* (93%) y *Helicotylenchus digonicus* (30%). Asimismo, conviene destacar el nematodo del tallo y el bulbo, *Ditylenchus dipsaci*, que se ha encontrado con una prevalencia del 10% y se ha observado que provoca daños significativos en las plantas infectadas con altos niveles de población (1470 individuos/gr. de tejido de cuello de la planta), principalmente con necrosis en el cuello de la planta y en la parte aérea. Estos resultados presentan importantes implicaciones tanto en fitopatología en las rotaciones con otros cultivos, como en mejora genética al no existir especies dominantes monoespecíficas en la mayoría de las parcelas estudiadas. Posteriormente, se estudiarán marcadores moleculares de resistencia a *Pratylenchus* spp. mediante un estudio de asociación de genoma completo (GWAS).

Financiado por: Financiado por la Junta de Andalucía, Proyecto Qualifica [QUAL21_023 IAS] y Proyecto PID2022-140592OB-I00, financiado por MCIN/AEI/10.13039/501100011033 y por FEDER, UE.

O.32. Validación de una metodología basada en qPCR para cuantificar inóculo de especies de *Botryosphaeriaceae* en aguacate

David Hernández Hernández¹, Felipe Siverio de la Rosa¹, Maela León², Josep Armengol Fortí², Mónica Berbegal Martínez²

1 Unidad de Protección Vegetal, Instituto Canario de Investigaciones Agrarias, 38270, Carretera de El Boquerón s/n, San Cristóbal de La Laguna, Tenerife

2 Instituto Agroforestal Mediterráneo, Universitat Politècnica de València, Camino de Vera s/n, 46022 Valencia

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: detección, Diplodia, dispersión, Lasiodiplodia, *Neofusicoccum*, trampas

Resumen:

La familia Botryosphaeriaceae abarca diferentes patógenos fúngicos que causan importantes daños en el cultivo del aguacate, como necrosis en inflorescencias, ramas y troncos, así como chancros en la madera y pudriciones en frutos. La epidemiología de las enfermedades causadas por especies de la familia Botryosphaeriaceae ha sido estudiada en diversos cultivos, pero se desconocen muchos aspectos en el caso del aguacate. El objetivo principal de este trabajo fue la



optimización y validación de una metodología basada en qPCR para la detección y cuantificación del inóculo de especies de la familia Botryosphaeriaceae en parcelas de aguacate. Para ello se obtuvieron diluciones seriadas de suspensiones de esporas de las especies *Diplodia seriata*, *Lasiodyplodia theobromae*, *Neofusicoccum luteum*, *Neofusicoccum parvum* y *Neofusicoccum Stellenboschiana*, y se determinó la sensibilidad de la metodología. Además, se realizaron dos ensayos de validación en condiciones de campo donde se registraron diferentes variables ambientales. En el primero de ellos se emplearon trampas para la captura de esporas dispersadas por aire y salpicaduras de lluvia, utilizando inóculo preparado en el laboratorio. En el segundo ensayo se instalaron trampas para la captura de esporas dispersadas por aire en una parcela de aguacate en producción activa, con presencia de daños por Botryosphaeriaceae y donde previamente se había detectado la presencia de hongos de esta familia. Los resultados obtenidos en laboratorio mostraron una correlación positiva entre el número de esporas y la concentración de ADN de todas las especies estudiadas. Además, se confirmó la detección de Botryosphaeriaceae en las trampas empleadas en ambos ensayos de validación en campo. Los resultados obtenidos demuestran que la metodología es válida y puede utilizarse como herramienta para estudiar la epidemiología de enfermedades asociadas a especies de la familia Botryosphaeriaceae en aguacate.



Sesiones Simultáneas 2B: Interacción Planta-Virus.

O.33. Regulation of the receptor-like kinase BIR1 is critical for plant immune homeostasis and plant fitness during viral infections

Irene Guzmán-Benito¹, Carmen Robinson¹, César Llave¹

¹ Centro de Investigaciones Biológicas Margarita Salas. Consejo Superior de Investigaciones Científicas, Ramiro de Maeztu 9, 28040 Madrid, Spain

² Doctorado en Biotecnología y Recursos Genéticos de Plantas y Microorganismos Asociados, Universidad Politécnica de Madrid, 28040 Madrid, Spain

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: Interacción plant-virus, inmunidad innata, BIR1, defensa antiviral, regulación inmune

Resumen:

The transcriptional up-regulation of genes involved in multiple defense programs is a typical response in plant-virus interactions. Among them, the receptor-like kinase BAK1-INTERACTING RECEPTOR-LIKE KINASE 1 (BIR1) functions as a negative regulator of multiple resistance signaling pathways in *Arabidopsis*. BIR1 is transcriptionally up-regulated during viral infections in a SA-dependent manner. The observation that knockout *bir1-1* mutants have increased resistance to the RNA virus Tobacco rattle virus (TRV) suggests an active role of BIR1 in antiviral immunity. We previously showed that BIR1 undergoes transcriptional and post-transcriptional negative regulation: RNA-directed DNA methylation acts constitutively to modulate BIR1 transcription, while RNA silencing post-transcriptionally reinforces the action of the epigenetic regulation when BIR1 is transcriptionally activated. Previous studies showed that loss of BIR1 leads to extensive cell death and constitutive activation of immune responses. Here, we use a dexamethasone (DEX)-inducible expression system to investigate the impact of BIR1 overexpression on plant growth and development, and immune homeostasis. We show that, in the absence of microbes or elicitors/effectors, plants that accumulated high levels of BIR1, regarded as non-physiological, displayed a range of morphological and developmental defects including stunting, leaf deformation, premature senescence (yellowing), and cell-death. These phenotypes concur with a dose-dependent transcriptomic up-regulation of multiple immune pathways involved in pathogen perception and defense signal transduction. Interestingly, a large number of R protein-coding genes were differentially induced in response to BIR1 overexpression, of which the TNL class of intracellular immune receptors was particularly enriched. We show that cell-death was partially rescued in *eds1-2* and *sobir1-12* mutant plants that overexpressed BIR1, indicating that ENHANCED DISEASE SUSCEPTIBILITY 1 (EDS1) and SUPPRESSOR OF BIR1-1 (SOBIR1) are required for the effector-triggered immunity (ETI)-type cell death phenotypes associated with non-physiological levels of BIR1. We propose that when BIR1 regulation is lost, BIR1 integrity is sensed by one or several guarding TNL-resistance (R) proteins to initiate an ETI-like response, in which SOBIR1 cooperates with EDS1 to transduce signals downstream of R proteins. In summary, BIR1 overexpression has similar loss-of-function effects



to BIR1 depletion in knockout plants, which suggests that regulation of BIR1 expression during viral infections is essential for proper BIR1 functioning and immune homeostasis.

Financiado por: This work was supported by National Research grants RTI2018-096979-B-I00 and PID2021 127982NB-I00 to CL from Ministerio de Ciencia e Innovación (Spain) and UE-FEDER, and grant iLINKA20415 to CL from CSIC (Spain).

O.34. Interacción entre estrés hídrico e infección viral doble en plantas de melón

Jaime Jiménez¹, Victor Sadras², Noel Espaillet¹, Aránzazu Moreno¹, Alberto Fereres¹

1 Instituto de Ciencias Agrarias, Consejo Superior de Investigaciones Científicas, ICA-CSIC, Madrid, España

2 South Australian Research and Development Institute; School of Agriculture, Food and Wine, The University of Adelaide; College of Science and Engineering, Flinders University, Australia

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: Cambio climático, sequía, temperatura, producción, CMV, CABYV, Cucumovirus, Polerovirus.

Resumen:

El cambio climático ha provocado una mayor frecuencia e intensidad de las sequías, las cuales tienen un impacto negativo en los cultivos. Además, este hecho ha conllevado un efecto indirecto en la actividad de los insectos plaga y, por tanto, de los patógenos que transmiten. El objetivo de este trabajo fue evaluar el efecto combinado del estrés hídrico derivado de la sequía, en combinación con infección viral doble, sobre caracteres de desarrollo y producción de plantas de melón (*Cucumis melo* L. var. Monique). Para ello, se establecieron dos regímenes hídricos: i) plantas regadas y mantenidas al 80% de la capacidad de campo (CC), o ii) al 30% de la CC (estresadas). Posteriormente, las plantas de cada régimen hídrico se dividieron en cuatro tratamientos virales, inoculados con el pulgón *Aphis gossypii* Glover como vector: i) infección simple con cucumber mosaic virus (CMV: no persistente), ii) infección simple con cucurbit aphid-borne yellows virus (CABYV: persistente), iii) infección doble con CMV y CABYV, y iv) plantas control sin infección. Se evaluaron las siguientes hipótesis: a) la relación entre los efectos de la infección con CMV y CABYV es aditiva, y b) la relación entre los efectos del estrés hídrico y de la infección viral es antagonista.

El estrés hídrico incrementó el contenido en clorofila y temperatura foliar, y redujo la biomasa, dimensiones del tallo, tasa de floración, la severidad de síntomas producidos por CABYV y peso de fruto comercializable. La infección viral redujo el potencial hídrico de plantas en los primeros estadios de crecimiento; en cosecha, el potencial agua se recuperó al nivel las plantas sanas en las plantas con infección simple pero no en plantas con infección doble CMV+CABYV. Este resultado puso de manifiesto la variación de la interacción virus-virus con la ontogenia de la planta. Además, la infección viral promovió la producción de flores, a pesar de que esto no supuso



un mayor rendimiento de melón comercializable, ya que la infección viral doble causó una reducción sinérgica del 23% en el peso del fruto. La relación virus-agua fue aditiva en 12 de los 15 caracteres en cosecha, observándose interacción para el contenido de agua en la hoja, la relación hoja:tallo y cuajado del fruto. Nuestro estudio demuestra que las respuestas de las plantas a las relaciones virus-virus en infección doble y virus-sequía no pueden ser generalizadas ya que varían con la especie de virus, carácter y ontogenia de la planta hospedadora.

Financiado por: Ministerio de Ciencia e Innovación (Proyecto: Multitrophic interactions between viruses, aphids and natural enemies in a changing climate; Referencia: PID2020-117074RB-I00)

O.35. Exploring the relevance of extracellular vesicles in geminiviral infection

Pablo Morales-Martínez¹, Pepe Cana-Quijada¹, Tábata Rosas-Díaz¹, Benjamin L Koch², Lucía M Borniego², Meenu Singla-Rastogi², Rosa Lozano-Durán³, Roger W Innes², Eduardo R Bejarano¹, Araceli G Castillo¹

1 IHSM - Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea - La Mayora. Málaga

2 Department of Biology, Indiana University. Bloomington, IN.

3 Department of Plant Biochemistry - Center for Plant Molecular Biology (ZMBP). Tubingen.

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: Extracellular vesicles, Geminivirus, ssDNA viruses, Apoplast, Plant Defense, Plant Virology

Resumen:

Geminiviruses belong to the main family of DNA viruses in plants worldwide and pose a severe threat to agronomically relevant crops such as tomato, maize or cassava in tropical and Mediterranean regions. As few proteins are encoded by their viral genome (from 6 to 9), geminiviruses rely heavily on host cellular machinery and co-opt multiple biological processes to complete all the processes essential for infection, such as viral replication, movement and suppression or evasion of plant defense mechanisms¹. While geminiviruses are known to move from cell to cell through plasmodesmata^{2,3}, we lack a clear understanding of how these viruses spread systemically in the plant. Our group has recently detected, amplified, and sequenced viral DNA sequences present in the apoplast of infected plants. This suggests that geminiviruses might be transported long distances using an extracellular route.

We hypothesize that extracellular transport of geminiviruses may be mediated by extracellular vesicles (EVs), which are membrane-bound structures secreted to the extracellular space to potentially mediate several plant-pathogen interactions such as cross-kingdom RNA interference or the delivery of stress response proteins^{5,6}. In animals, EVs facilitate viral transmission both



within the host and even across species⁴ though in plants, viral transmission inside EVs has only been observed for a single species of RNA virus, Turnip mosaic virus (TuMV)⁷. In this work, we will present data that shows the presence of complete viral genomes and apoplastic viral particles associated with EVs through DNA amplification, proteomics, and electron microscopy, and characterize the putative secretion of viral RNAs to the apoplast upon infection.

References

1. Z. Yan, A. M. A. Wolters, J. Navas-Castillo, Y. Bai. *Microorganisms*. 9, 1-19 (2021).
2. S.S. Breves, F.A. Silva, N.C. Euclides, T.F.F. Saia et al. *Viruses*.15, 1593 (2023).
3. L. Hanley-Bowdoin, E. R. Bejarano et al. *Nature Reviews. Microbiology*. 11, 777-788
4. A. Kerviel, M. Zhang, N. Altan-Bonnet. *Annu Rev Cell Dev Biol*. 37, 171-197 (2021).
5. M. L. Borniego, R.W. Innes. *Journal of experimental botany*. 74 2389-2404 (2023).
6. B.D. Rutter, R.W. Innes. *Current opinion in plant biology*, 44, 16-22 (2018).
7. N. Movahed, D.G. Cabanillas, J. Wan et al. *Plant physiology*. 180, 1375-1388 (2019).

Financiado por: This work is supported by the Spanish Ministerio de Economía y Competitividad (grant PID2022-139376OB-C31 to E.R.B and A.G.C). and by the Spanish Ministerio de Universidades (fellowship number FPU20/0375 to P.M.M.).

Observaciones: Acknowledgements: We thank Adela Zumaquero, Victoria Motos and Javier Rueda and contributions from all members of the GeminiTeamIHSM.

O.36. Evolutionary tuning of plant antiviral immunity

Luis Villar-Martín¹, Tamara Jiménez-Góngora¹, Eric Moner-Ros¹, Paloma Álvarez¹, Ignacio Rubio-Somoza¹

¹ Centre for Research in Agricultural Genomics- CRAG

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: Evolution, antiviral immunity

Resumen:

Viruses are obligate intracellular parasites that can virtually infect any living organism constituting a major threat for their survival. Accordingly, animals and plants have developed sophisticated molecular mechanisms to cope with viral infections. Comparative studies including animal lineages that have diverged at different evolutionary times, have proven essential in reconstructing the evolution of their antiviral immune programs. In plants, most of our current

knowledge about their interaction with viruses come from vascular plants, limiting similar comparative approaches. As a first step to study the evolution of plant-virus interactions we have characterized the molecular interplay between a virus and the liverwort *Marchantia polymorpha*



leveraging transcriptomic assays along with cell biology and biochemistry approaches. Besides the absence of a differentiated vascular system, which is central for plant-virus interactions,

Marchantia lacks core elements on antiviral defense present in vascular plants. Additionally, we have compared cell-type specific transcriptomes in *Marchantia* and the vascular plant *Arabidopsis thaliana* to ascertain the dynamics of evolutionary tuning of basal antiviral defences. We will discuss our findings in this communication.

Financiado por: This work at the MoRE lab was funded by BFU2014-58361-JIN and RYC-2015-19154 (funded by MCIN/AEI/ 10.13039/501100011033 and by 2ESF Investing in your future”), RTI2018-097262-B-I00 (funded by MCIN/AEI/ 10.13039/501100011033 and by “ERDF A way of making Europe”) and through the “Severo Ochoa Programme for Centres of Excellence in R&D” 2016-2019 (SEV-2015-0533) and 2020-2023 (CEX2019-000902-S) funded by MCIN/AEI/ 10.13039/501100011033 and the CERCA programme from the Generalitat de Catalunya to I-R-S. T J-G was recipient of a Postdoctoral Fellowship from CRAG through the “Severo Ochoa Programme for Centres of Excellence in R&D” 2016-2019 (SEV-2015- 0533). L. V-M was supported by BES-2016-076986 (funded by MCIN/AEI/ 10.13039/501100011033 and by “ESF Investing in your future”)

O.37. Natural variability and RNA silencing suppression function in two isolates of the potyvirus Sweet potato feathery mottle virus (SPFMV)

Clara Ontañón Rojas¹, Juan José López-Moya¹

1 Centro de Investigación en Agrigenómica

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: Potyvirus, RNA silencing suppressors, mixed infection, sweet potato, transmission, natural variability

Resumen:

Sweet potato (*Ipomea batatas*, Convolvulaceae) is a crop plant threatened by many pests and pathogens, with viral diseases being among the most important constraints for its yield and quality. Many single viral infections in sweet potato may result asymptomatic, such in the case of the aphid-transmitted potyvirus Sweet potato feathery mottle virus (SPFMV, genus Potyvirus, family Potyviridae), one of the most prevalent viruses in this species. Interestingly, much more severe diseases occur in mixed viral infections of sweet potato when a potyvirid is present along other unrelated viruses provoking a significant increase in the virus load of the potyvirid. This

occurs in mixed infections by SPFMV and Sweet potato chlorotic stunt virus (SPCSV, genus Crinivirus, family Closteroviridae) that results in a strong synergism. This severe outcome has been associated with effects derived from the combined activity of the RNA silencing suppressors



(RSSs) of the participant viruses, which in the case of SPFMV involves different gene products in the 5' region of the genome, including the P1N-PISPO generated through a polymerase slippage mechanism.

Our project focuses on the characterization of gene products contributing to the RSS function of different SPFMV isolates, in single and mixed infections. To explore in detail the potential differences of RSS between representatives of the natural variability of SPFMV, we have selected two isolates of this virus, sequenced their complete genomes, and performed transient expression experiments comparing different viral proteins described to display RSS activity. Our sequence comparison revealed several polymorphisms between the two isolates, including in one of them a deletion of 25 amino acids in the P1N region upstream of PISPO. We assayed through transient expression in *N. benthamiana* the RSS activity of constructs corresponding to individual gene products P1, P1only, P1NPISPO, and HCPro, and the complete region of P1HCPro, together with a reporter GFP construct. As an additional objective we evaluated the potential functional interactions between gene products that could co-exist in mixed infections and analyzed their impact on the outcome of a double infection, and their implications for the rate of aphid transmission. Our results showed differences in the RSS activities of the P1NPISPO gene products corresponding to the two SPFMV virus strains evaluated, suggesting that the sequence differences might reflect a regulation of this essential function. The implications of our findings regarding the RSS activity of SPFMV gene products in single and mixed infections will be discussed.

Financiado por: Funding: PID2019-105692RB-I00 and PID2022-139376OB-C33

O.38. Characterization and dynamics of a tomato transcription factor interacting with pepino mosaic virus TGB1

Jesús Enmanuel R. Ubeda¹, Livia Donaire¹, Blanca Gosálvez¹, Migual A. Aranda¹

¹ Centro de Edafología y Biología Aplicada del Segura CEBAS-CSIC

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: ALOG, CRISPR-Cas9, host-virus interactions, triple gene block, proviral, VRO

Resumen:

Pepino mosaic virus (PepMV; genus *Potexvirus*) is the etiological agent of a disease causing severe fruit quality losses in tomato crops worldwide. Since viruses are obligate parasites that require host factors to complete their cycles, identifying and characterizing these host factors, and their interactions with the viral ones, is valuable from both applied and fundamental perspectives.

Using a yeast two-hybrid screening we identified a set of tomato proteins that interact with the PepMV triple gene block (TGB) protein 1, a viral protein involved in viral movement and RNA silencing suppression.



Among the identified proteins, we focused on SIALOG-9. The ALOG (*Arabidopsis* LSH1 and *Oryza* G1) family of proteins are putative transcription factors of unknown functions. They are characterized by the presence of a central ALOG domain for nucleic acid binding and two highly variable N- and C-terminal intrinsically disordered regions (IDRs).

Taking advantage of the CRISPR/Cas9 technology, we generated *slalog-9* knock-out mutants in tomato cv. MicroTom; after infection, we observed a reduction in the viral titer of the edited plants, confirming a possible role of SIALOG-9 in the PepMV infection cycle. Using transient expression of fluorescent-tagged SIALOG-9, TGB1, and a PepMV infectious clone, we studied the subcellular localization of these proteins via confocal laser scanning microscopy (CLSM). SIALOG-9 and TGB1 colocalize in the nuclei of healthy cells, and both relocate to viral replication organelles (VROs) during PepMV infection. Using bimolecular fluorescent complementation (BiFC), we observed that SIALOG-9 and TGB1 interact only in infected cells and that this interaction occurs at nuclei, cytoplasm, and VROs. This observation leads us to hypothesize a structural or post-translational modification of TGB1 during PepMV infection. We also examined the subcellular localization of four other ALOG family members by CLSM observing that none of them relocate to VROs during infection. Next, we created chimeras between SIALOG-9 and its phylogenetic closest homolog and studied their subcellular localization by CLSM to map the interaction domain. Using this set of chimeras we discover that both IDRs seem to be necessary for SIALOG-9 relocation to VROs. Altogether, our results suggest that SIALOG-9 is a specific proviral factor for PepMV at least tomato.

Financiado por: PID2021-125010OB-I00PRE2019-089811



Sesiones Simultáneas 2C: Gestión de Enfermedades. Nuevos productos, enmiendas y extractos naturales.

O.39 Grape pomace biochar protects tomato plants from *Meloidogyne javanica* infection

Ángela Martínez Gómez¹, Maria Fe Andrés², Ángel Barón Sola³, Fernando E. Díaz Manzano¹, Ibraheem Yousef⁴, Ismael F. Mena⁶, Elena Díaz⁵, Óscar Gómez Torres¹, Luis E. Hernández³, Carolina Escobar¹

1 Faculty of Environmental Sciences and Biochemistry, University of Castilla-La Mancha, Toledo, Spain.

2 Crop Protection Department, Institute of Agricultural Sciences CSIC, Madrid, Spain.

3 Biology Department, Autonomous University of Madrid, Madrid, Spain.

4 CELLS ALBA, Carrer del Llum 2-26, Cerdanyola del Vallès, Barcelona, Spain.

5 Chemical Engineering Department, Autonomous University of Madrid, Madrid, Spain.

6 Chemical Engineering Department, University of Castilla-La Mancha, Ciudad Real, Spain.

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: Root-knot nematode control, *Meloidogyne* spp, Biochar, Grape pomace, Tomato

Resumen:

Root-knot nematodes are obligate endoparasites that must establish and feed inside a plant's roots to complete their life cycle. They pose a significant risk to global agriculture and economy. As pesticide use becomes increasingly restricted, it's crucial to devise alternative management strategies. In this context, the Mediterranean regions produce a substantial amount of wine-making waste. These residues can be transformed into biochar, a carbon-rich material that has already been proven effective against different plant pathogens.

Here, we obtained and characterised two different biochars (BC350, BC700) derived from the pyrolysis of red grape pomace at two different temperatures (350 °C or 700 °C) and then analysed their potential for RKN control. The thermal treatment increased the concentration of C and plant macro-/micronutrients (Ca, K, Mg, P, Fe) in both biochars when compared to the raw material. These elements were largely present in a water-soluble form and its concentration increased at higher pyrolysis temperature. Both biochars presented a highly porous structure filled with crystals of different morphology and composed of elements such as Ca, K, Mg, P, Al or Si, as revealed by scanning electron microscopy coupled with energy dispersive X-ray spectroscopy. High concentrations of biochar-derived aqueous extracts were phytotoxic to tomato seedlings (toxicity that disappeared upon dilution), but no toxic effect was observed on the nematode's infective stage larvae (J2) or during the plant-nematode interaction in vitro. Tomato plants grown in pots with a sand-lime substrate mixed with washed biochar (for 24 hours with distilled water; BC350W) at an 0.75% (w/w) application rate under controlled conditions and inoculated with *Meloidogyne javanica* juveniles, showed a reduction in their infective and reproductive traits (a 42% reduction of the number of egg masses/plant and a 29% reduction of the number of eggs/plant) compared to untreated control plants (Martínez-Gómez et al., 2023). Further research



will help identify the mechanism of action responsible for this effect and to assess its efficacy against abiotic stress and other plant-pathogens.

References | Martínez-Gómez et al. (2023) Biochar from grape pomace, a waste of vitivinicultural origin, is effective for root-knot nematode control. Biochar 5, 30.

Financiado por: CPP2021-008347. 2022-2024, MICIN/AEI/10.13039/501100011033 and by the European Union Next Generation EU/PRTR. PID2019-105924RB-I00 and PID2022-138989OB-I00, MCIN/AEI 10.13039/501100011033/ and by FEDER UE. Castilla La Mancha Government (SBPLY/21/180501/000033)

O.40. Respuesta transcriptómica-fenotípica de *Xylella fastidiosa* al aceite de eucalipto y a un péptido bifuncional

Núria Daranas¹, Gemma Roselló¹, Aniol Buisac¹, Beatriz Gascón¹, Aina Baró¹, Emilio Montesinos¹, Laura Montesinos¹

¹ Laboratorio de Patología Vegetal-CIDSAV, Instituto de Tecnología Agroalimentaria, Universitat de Girona, Girona

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: *Xylella fastidiosa*, aceite de eucalipto, bactericida, péptido bifuncional, mecanismo de acción, control, almendro

Resumen:

Xylella fastidiosa (*Xf*) es una bacteria de cuarentena en la UE que causa enfermedades en múltiples especies vegetales y representa un impacto económico en la agricultura y su entorno. *Xf* se establece en el xilema de las plantas huésped, hecho que dificulta que los productos bactericidas puedan acceder a éste. Actualmente, no existen tratamientos curativos eficaces. Por ello, surge la necesidad de obtener nuevos productos bactericidas como los aceites esenciales, que representan una alternativa sostenible a los compuestos tradicionales. El aceite de eucalipto EGL2, rico en 1,8-cineol, limoneno y -Terpineol, muestra un potente efecto bactericida *in vitro* frente a una gran variedad de bacterias fitopatógenas, incluidos distintos patovares de *Pseudomonas* y *Xanthomonas*, *Erwinia amylovora*, *Ralstonia solanacearum*, *Liberibacter crescens* y STs de *Xf* [1].

El objetivo de este estudio fue determinar la respuesta transcriptómica y fenotípica de *Xf* al aceite de eucalipto EGL2, comparándola con la del péptido bifuncional BP178. EGL2 a 6 µl/ml redujo *in vitro* al menos 6 logs la supervivencia de *Xf*. Mediante microscopía láser confocal, de transmisión y de rastreo se observaron alteraciones en la ultraestructura de las células tratadas con EGL2, confirmándose un efecto lítico, así como la ausencia de actividad celular. Además, el análisis por secuenciación masiva del RNA permitió identificar 331 genes expresados de forma diferencial (DEG) en las muestras tratadas en comparación con el control no tratado (186 DEG infra regulados y 145 DEG sobre regulados). Estos resultados nos indican una inactivación del



metabolismo celular confirmado por la represión de la expresión de genes asociados con el metabolismo energético, motilidad y biogénesis de membrana externa. Asimismo, se observó una sobre regulación de genes asociados a la virulencia, indicando una respuesta de protección de *Xf* frente al tratamiento con EGL2 o a un reconocimiento de ciertos componentes de EGL2 como parte de la planta huésped. Al comparar el mecanismo de acción de EGL2 con el péptido bifuncional BP178, se observó una respuesta transcriptómica diferencial entre los dos tratamientos. Además, tanto EGL2 como el péptido BP178 indujeron la expresión de genes de defensa en plantas de almendro, y redujeron la severidad de las infecciones y los niveles poblacionales de *Xf* en plantas tratadas e inoculadas con el patógeno.

1 Montesinos, L., Baró, A., Gascón, B., and Montesinos, E. (2023) Bactericidal and plant defense elicitation activities of Eucalyptus oil decrease the severity of infections by *Xylella fastidiosa* on almond plants. *Front. Plant Sci.* 14:1122218.

Financiado por: Este trabajo ha sido financiado por el proyecto BeXyL Ref. 101060593 de la Unión Europea.

O.41. Proyecto APLICADRON: nanotransportadores para la encapsulación de productos naturales frente a patógenos de cultivos hortícolas

Eva Sánchez-Hernández¹, R. Celada Caminero², Alberto Santiago-Aliste¹, Jesús Martín-Gil¹, Luis Manuel Navas-Gracia¹, José Luis Marcos-Robles², V. González García³, Luis Fernando Sánchez-Sastre², Zacarías Clérigo-Pérez², Pablo Martín-Ramos¹

1 Dpto. Ingeniería Agrícola y Forestal, ETSIIAA, Universidad de Valladolid, Avenida de Madrid 44, 34004 Palencia, España

2 Dpto. Ciencia de Materiales e Ingeniería Metalúrgica, Ingeniería Gráfica, Ingeniería Cartográfica, Geodesia y Fotogrametría, Ingeniería Mecánica e Ingeniería Procesos Fabricación, ETSIIAA, Palencia

3 Departamento de Sistemas Agrícolas, Forestales y Medio Ambiente, Centro de Investigación y Tecnología Agroalimentaria de Aragón, Instituto Agroalimentario de Aragón-IA2 (CITA-Universidad de Zaragoza),

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: Agricultura de precisión, cultivos hortícolas, drones, nanotecnología, productos naturales

Resumen:

La nanotecnología está encontrando aplicaciones en la agricultura como una vía prometedora para aumentar la producción de cultivos y, al mismo tiempo, reducir el impacto ambiental asociado. Los nanotransportadores (NCs) permiten el transporte de moléculas con actividad biológica, la reducción de la cantidad de compuesto bioactivo a utilizar, y su liberación de forma controlada en el tiempo. Recientemente, se ha propuesto el uso de NCs como tecnología clave para hacer viable la aplicación de agroquímicos mediante drones. Esta comunicación tiene como objetivo



abordar la síntesis y caracterización de NCs basados en quitosano capaces de vehicular compuestos naturales, específicamente extractos de *Rubia tinctorum* y *Uncaria tomentosa*, para el control eficaz y sostenible de fitopatógenos emergentes en cultivos hortícolas, y su Pósterior aplicación aérea en campo por medio de drones. Se demuestra la eficacia de los NCs frente a patógenos hortícolas como *Botrytis cinerea*, *Cercospora beticola*, *Rhizoctonia solani*, y *Sclerotinia sclerotiorum*, con valores de inhibición del crecimiento micelial en el rango de 187,5-375 µg/mL y 187,5-500 µg/mL para los NCs cargados con los extractos de *R. tinctorum* y *U. tomentosa*, respectivamente. Además, se están llevando a cabo ensayos *in planta* para optimizar su dosis de aplicación en campo mediante drones.

Financiado por: Esta investigación ha sido financiada por la Fundación de la Universidad de Valladolid a través del proyecto AGRODRON (067/239571).

O.42. Infectividad y Supervivencia de *Phytophthora cinnamomi* en suelos tratados con extractos de residuos agrícolas

Rosa López García¹, Maite Hidalgo Fernández¹, Marta García García¹, Rocío Rodríguez Arcos², Ana Jiménez Araujo², María Serrano Socorro Moral¹

¹ Universidad de Córdoba

² Instituto de la Grasa CSIC

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: biocontrol, compuestos fenólicos, dátil, espárrago, olivo, Seca

Resumen:

Los residuos y subproductos orgánicos procedentes de la producción y procesado de cultivos agrícolas se desechan por su falta de rentabilidad económica. Sin embargo, son una fuente relevante de compuestos fenólicos que podrían presentar actividad anti-oomicetos al aplicarse como enmiendas al suelo, pudiendo ser utilizados para frenar la enfermedad radical causada por el patógeno *Phytophthora cinnamomi*, también conocida como Seca. Esta enfermedad es la principal causa de mortalidad de los Quercus en las dehesas de la Península Ibérica, por lo que la búsqueda de nuevas estrategias de control sostenibles y respetuosas con el medio ambiente es esencial para contrarrestar su expansión. El principal objetivo de este trabajo fue determinar la actividad biocida contra *P. cinnamomi* de tres extractos orgánicos enriquecidos en compuestos bioactivos procedentes de residuos del cultivo del olivo (hojas y restos de poda), dátil (semillas) y espárrago (tallos). En primer lugar, se evaluó el efecto de los extractos acuosos para inhibir la capacidad infectiva (producción de esporangios) de *P. cinnamomi* a la dosis de 0,05% mediante experimentos *in vitro*. Los resultados obtenidos mostraron que los tres extractos ensayados alcanzaron un porcentaje de inhibición de la producción de esporangios estadísticamente similar y superior al 80%, destacando el extracto de dátil con un porcentaje de inhibición del 91%. Además, se determinó la viabilidad de las esporas de supervivencia de *P. cinnamomi* en un sustrato infestado con clamidosporas del patógeno y tratado con los distintos extractos a la dosis de 0,05% y no tratado (testigo). Dos semanas tras la aplicación de los extractos al sustrato previamente infestado, se observó una disminución significativa de la densidad de esporas viables en el suelo tratado con extracto de espárrago (7,6 - 2,3 ufc/g de suelo seco) respecto al suelo infestado sin tratar (testigo) (37,2 - 14,6 ufc/g). En ese momento, en el sustrato procedente del



experimento anterior, se trasplantaron plántulas de *Lupinus luteus*, especie susceptible a *P. cinnamomi*, para evaluar el efecto de los extractos sobre el desarrollo de la enfermedad radical in planta. Tras 6 semanas de incubación, la severidad de síntomas radicales en las plántulas que crecieron en sustrato tratado con extracto de tallo de espárrago fue significativamente menor que en las plántulas que lo hicieron en sustrato no tratado e infestado (testigo positivo), las cuales no difirieron de los demás tratamientos. Por lo tanto, estos resultados demuestran la efectividad del extracto de tallos de espárrago para inhibir la infectividad de *P. cinnamomi*, contrarrestar su capacidad de supervivencia y el desarrollo de la enfermedad radical, abriendo nuevas posibilidades sostenibles de control biológico de la podredumbre radical causada por *P. cinnamomi*.

Financiado por: Programa EMERGIA Junta de Andalucía (2021)

O.43. Estudio y control de agentes causales de la muerte regresiva del aguacate en España

Lucía Guirado Manzano^{1,2}, Clara Pliego Prieto⁴, Dolores Fernández Ortuño^{1,2}, Emilio Guirado Sánchez², David Sarmiento Sarmiento³, Francisco Manuel Cazorla López^{1,2}, Antonio De Vicente Moreno^{1,2}, Eva Arrebola Díez^{1,2}

1 Dpto. de Microbiología, Facultad de Ciencias, Universidad de Málaga, 29010, Málaga

2 Dpto. de Microbiología y Protección de Cultivos, Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea (IHSM-UMA-CSIC) “La Mayora”, Campus de Teatinos, 29010, Málaga

3 Departamento Técnico de TROPS-SAT 2803, El Trapiche, 29719, Málaga

4 Departamento de Genómica y Biotecnología, Unidad Asociada IHSM-IFAPA-Málaga. Cortijo de la Cruz 29140 Churriana, Málaga

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: Aguacate, *Botryosphaeria*, *Neofusicoccum* spp., control, patogénesis, *Lasiidiplodia theobromae*

Resumen:

El aguacate es uno de los cultivos subtropicales más importante ya que posee un gran peso socioeconómico. Principalmente, esta producción se concentra mayoritariamente en la región de la Axarquía, ubicada en la provincia de Málaga y la costa tropical de Granada, además de, en lugares como Tenerife, Las Palmas, Valencia, Alicante, Huelva y Cádiz. Uno de los principales desafíos para su producción son las enfermedades causadas por organismos fitopatógenos, entre ellas, destaca la muerte regresiva de rama cuyos síntomas incluyen tejido seco y necrosado en las puntas de las ramas y las yemas florales. Los géneros más comúnmente relacionados con estos daños pertenecen a los géneros *Neofusicoccum*, *Botryosphaeria*, *Diplodia*, *Dothiorella*, *Lasiidiplodia* y *Barriopsis*.

El conocimiento de los mecanismos de infección del patógeno es un punto importante a la hora de diseñar y evaluar métodos de control de la muerte regresiva. Por ello, en una primera aproximación en este estudio se está llevando a cabo un estudio transcriptómico, mediante RNAseq, de *Neofusicoccum luteum*, uno de los agentes causales más frecuentemente obtenidos



en las distintas prospecciones realizadas en la zona de la Axarquía. Para realizar este estudio, hemos comparado el crecimiento sobre rama y fruto de aguacate con su crecimiento en medio PDA. Entre los genes sobreexpresados en la interacción *N. luteum*/rama/fruto se identificaron genes relacionados con la producción de micotoxinas, degradación de pared, detoxificación de compuestos nocivos, degradación de proteínas y proteínas efectoras candidatas, tres de las cuales mostraron una probabilidad del 100% (Effector P3) y localización apoplástica.

Por otro lado, aunque en el control de la enfermedad se están realizando distintas técnicas de manejo, éstas no son lo suficientemente efectivas. Por ello, se está evaluando el empleo de distintos grupos de fungicidas, utilizados en el control de enfermedades similares causadas por hongos fitopatógenos en otros árboles frutales de hueso, con idea de incluirlos dentro de los programas de control integrado de dicha enfermedad. En este estudio se han seleccionado diversos fungicidas comerciales, pertenecientes a diferentes categorías químicas, para evaluar su efecto sobre los agentes patógenos. Estos ensayos se llevaron a cabo tanto *in vitro* como en diferentes parcelas experimentales, obteniéndose resultados prometedores para algunas de ellas.

Financiado por: Este trabajo ha sido financiado por el proyecto 806/60.5345 y 806/60.5952 suscrito entre la Universidad de Málaga, Grupo de Microbiología y Patología Vegetal, adscrito al Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea “La Mayora” (IHSM), y la empresa del sector productivo del aguacate TROPS SAT-2803.

O.44 Recubrimientos comestibles antifúngicos para el control en poscosecha de la podredumbre marrón de la ciruela causada por *Monilinia fructicola*

Lluís Palou¹, María Victoria Alvarez², Verónica Taberner¹, María Bernardita Pérez-Gago¹

1 Centre de Tecnologia Postcollita (CTP), Institut Valencià d'Investigacions Agràries (IVIA), Valencia

2 Facultad de Ingeniería, Universidad Nacional de Mar del Plata, Mar del Plata, Argentina

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: Ciruela, *Prunus salicina*, podredumbre marrón, *Monilinia fructicola*, poscosecha, CINCEP, conservación frigorífica, calidad

Resumen:

La podredumbre marrón causada por *Monilinia fructicola* genera importantes pérdidas económicas en poscosecha de ciruela (*Prunus salicina* Lindl.) a nivel mundial. Dentro de las estrategias de control integrado no contaminante de enfermedades de poscosecha (CINCEP), alternativas a la utilización de fungicidas químicos de síntesis, el desarrollo de recubrimientos comestibles (RCs) con actividad antifúngica está cobrando gran importancia en los últimos años. En ensayos *in vitro* con sales GRAS (generalmente reconocidas como seguras, también clasificadas como aditivos alimentarios), aceites esenciales y extractos naturales se seleccionaron los mejores ingredientes antifúngicos para ser incluidos en RCs formulados con hidroxipropil metilcelulosa (HPMC) y cera de abeja (BW). Tras comprobar la compatibilidad de los



ingredientes y la estabilidad del RC, estas formulaciones se evaluaron in vivo en experimentos curativos con ciruelas (cvs. “Friar”, “Larry Ann” y “Black Gold”) inoculadas 24 h antes con *M. fructicola* e incubadas a 20 °C durante 8-10 días, seleccionándose como más efectivos (con reducciones de la incidencia y la severidad de la podredumbre marrón del 50-70%) los RCs formulados con las sales sorbato potásico (PS), metilparabeno sódico (SMP) y etilparabeno sódico (SEP) y los compuestos naturales geraniol (GE), citronela (“lemongrass”, LG) y mirra (MI). En ensayos Pósteriores de conservación frigorífica, se evaluó la eficacia de estos RCs antifúngicos seleccionados y su efecto sobre la calidad del fruto en ciruelas (cvs. “Friar” y “Angeleno”) recubiertas y almacenadas a 1 °C y 90% HR durante 3-6 semanas, seguidas de un período de “shelf life” de 4-5 días a 20 °C. En conclusión, los RCs de HPMC-BW formulados con SMP al 0,1%, SEP (0,1%) o MI (0,5%) fueron los más prometedores por su relativamente elevada capacidad de control de la podredumbre marrón y sus efectos positivos sobre la calidad de la fruta frigoconservada, ya que redujeron significativamente la pérdida de peso y mantuvieron una mayor firmeza respecto a la fruta control sin recubrir, sin afectar negativamente a la calidad físico-química (acidez titulable, contenido en sólidos solubles y contenido en volátiles) y sensorial del fruto (sabor general, sabores desagradables, firmeza y aspecto externo). Estos resultados pueden contribuir al desarrollo de nuevas estrategias de CINCEP para reducir la podredumbre marrón y preservar la calidad poscosecha de las ciruelas, posibilitando, en caso de obtenerse los registros fitosanitarios correspondientes, el acceso del sector a mercados de residuo cero y/o de producción ecológica.

Financiado por: Proyecto europeo StopMedWaste (Programa PRIMA; NextGenerationEU/PRTR; Agencia Estatal de Investigación, PCI2020-112095) y proyecto IVIA N° 52201 (IVIA y programa FEDER de la Generalitat Valenciana 2021-2027).



Sesión Plenaria II: Interacción Planta – Microorganismo/Microbioma

O.45. Unraveling Sequence-Specific and -Unspecific dsRNA -Mediated Control of the Rice Blast Fungus, *Magnaporthe oryzae*

Maria Jose Ladera Carmona¹, Ying Zheng¹, Benjamin Moorlach², Desiree Jakobs-Schönwandt², Anant Patel², Stefan Jacob³, Minna M. Poranen⁴, Ana Rocio Sede⁵, Manfred Heinlein⁵, Karl-Heinz Kogel⁵

1 Institute of Phytopathology, Research Centre for BioSystems, Land Use and Nutrition, Justus Liebig University Giessen, Heinrich-Buff-Ring 26, 35392 Giessen, Germany

2 Fermentation and Formulation of Biologicals and Chemicals, Bielefeld Institute of Applied Materials Research, Bielefeld University of Applied Sciences, Interaktion 1, 33619 Bielefeld, Germany

3 Institute of Biotechnology and Drug Research GmbH, Hanns-Dieter-Hüsch-Weg 17, 55128 Mainz, Germany

4 Molecular and Integrative Biosciences Research Programme, Faculty of Biological and Environmental Sciences, University of Helsinki, Helsinki, Finland

5 Institut de biologie moléculaire des plantes, CNRS, Université de Strasbourg, 12 rue du Général Zimmer, 67084 Strasbourg, France

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: Plant protection; Disease control; *Magnaporthe oryzae*; RNA interference; double-stranded RNA; RNA formulation

Resumen:

In vertebrates and plants, double-stranded (ds)RNA plays crucial roles as a pathogen-associated molecular pattern (PAMP) and also as a mediator of RNA interference (RNAi). However, our understanding of fungal responses to dsRNA remains limited. The hemibiotrophic fungus *Magnaporthe oryzae* (*Mo*) is the causal agent of rice blast disease and ranked as number one of the world's top ten plant pathogens with the highest scientific and economic importance. *Mo* infects aerial and root tissues of a variety of Poaceae. Here, we demonstrate that *Mo* actively internalizes exogenous dsRNA across a broad size range of 21 to more than 1,775 bp. Treatment of *Mo* conidia with dsRNA, irrespective of size or sequence, induces aberrant germ tube elongation. Additionally, application of dsRNA (*Mo*-targeting and control sequences) to *Brachypodium distachyon* leaves suppresses disease progression upon *Mo* infection significantly. Intriguingly, dsRNA elicits canonical stress pathways in *Mo*, as evidenced by nuclear accumulation of the stress marker mitogen-activated protein kinase Hog1p and the production of cytosolic reactive oxygen species. These sequence-nonspecific dsRNA effects are transient. In contrast, and interestingly, the sequence-specific RNAi activity of exogenous dsRNA predominates in a preventive intervention scenario, when a specific time interval between dsRNA application and inoculation is applied. Furthermore, this sequence-specific protection is stronger when the dsRNA is formulated into novel chitosan nanoparticles. The existence of these distinct and independent fungal responses to dsRNA has implications to develop new dsRNA-based crop protection strategies for agricultural applications.

Financiado por: SusCrop ERA-NET-BioProtect



O.46. A β -glucanase from *Zymoseptoria tritici* releases cell wall-derived immune response elicitors that modulate the outcome of wheat colonization.

Cristian Carrasco-López¹, Diego Rebaque¹, Parvathy Krishnan², Gemma López¹, Sergio López-Cobos¹, Asier Largo³, Hugo Mélida³, Antonio Molina¹, Andrea Sánchez-Vallet¹

1 Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas, Universidad Politécnica de Madrid (UPM) - Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria (INIA/CSIC), Pozuelo de Alarcón, Spain.

2 Plant Pathology, Institute of Integrative Biology, ETH Zürich, CH-8092 Zürich, Switzerland

3 Departamento de Ingeniería y Ciencias Agrarias, Facultad de Ciencias Biológicas y Ambientales, Universidad de León, Spain

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: wheat, *Septoria tritici* blotch (STB), *Zymoseptoria tritici*, effectors, plant cell wall, mixed linked glucan, DAMP

Resumen:

Zymoseptoria tritici, the causal agent of *Septoria tritici* blotch, is one of the most damaging wheat pathogens, causing significant economic losses. Understanding the molecular mechanisms underlying resistance to this pathogen is critical for effectively controlling the disease. Some pathogenic fungi secrete a diverse set of secreted cell wall degrading enzymes (CWDEs) to interfere with the plant cell wall and facilitate host colonization. Here, we demonstrate that ZtGH45, a conserved β -glucanase from *Z. tritici*, is induced during the necrotrophic phase and hydrolyzes wheat cell wall polymers, releasing mixed-linked -1,3/1,4-glucans (MLGs) and cello-oligosaccharides that activate wheat immune responses and hinder pathogen infection. Early misexpression of ZtGH45 leads to an earlier release of MLGs, premature induction of host immunity and impairment of fungal virulence. Altogether, these findings demonstrate that the balance between PCW degradation and the release of resistance inducers by fungal CWDEs might dictate the evolution of regulatory mechanisms governing fungal enzyme expression to promote plant colonization.

Financiado por: RYC2018-025530-I grant from the Spanish Ministry of Science, Innovation, and Universities. Severo Ochoa Program for Centres of Excellence in R&D (CEX2020-000999-S (2022-2025)) funded by MCIN/AEI/ 10.13039/501100011033. PLEC2021-007930 grant from MICIU/AEI /10.13039/501100011033 y por la Unión Europea NextGenerationEU/ PRTR



O.47 Mac1-dependent copper acquisition is essential for *Fusarium Oxysporum* pathogenicity

Rafael Palos Fernández¹, María Victoria Aguilar Pontes¹, Gema Puebla Planas¹, Harald Berger², Lena Studt-Reinhold², Joseph Strauss², Antonio Di Pietro¹, Manuel Sánchez López-Berges¹

1 Departamento de Genética, Facultad de Ciencias, Universidad de Córdoba, Campus de Excelencia Agroalimentario (ceiA3), 14014 Córdoba, Spain.

2 Department of Applied Genetics and Cell Biology, Institute of Microbial Genetics, University of Natural Resources and Life Sciences, Vienna (BOKU), 3430 Tulln an der Donau, Austria.

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: *Fusarium Oxysporum*, plant pathogen, virulence, copper acquisition, Mac1, Ctr, Fre

Resumen:

Phytopathogenic fungi provoke devastating agricultural losses and are difficult to control. How fungal pathogens adapt to the plant environment to cause disease and complete their life cycle on the host remains poorly understood. In fungi, copper acquisition is mainly carried out by specific high-affinity systems consisting of Fre metalloreductases and Ctr copper transporters, which are transcriptionally activated under copper limiting conditions by the copper-sensing transcription factor Mac1. Mac1 is required for full virulence in several animal pathogenic fungi, but its role in plant pathogenesis has not yet been elucidated. In this work, we show that Mac1 controls the transcriptional response of the vascular wilt pathogen *Fusarium Oxysporum* f. sp. *lycopersici* to copper limitation and that it is essential for growth under copper limiting conditions. Mac1 inactivation in *F. oxysporum* leads to a severe reduction in virulence on the animal model *Galleria mellonella*, as previously described, and to a complete loss of pathogenicity on tomato plants. Importantly, we demonstrate that the role of Mac1 in *F. oxysporum* pathogenicity is exclusively related with the copper uptake mechanisms, since simultaneous overexpression of the high-affinity copper transporter *ctr3* and the metalloreductase *fre9* in a *mac1*⁻ background restored growth under copper limitation and pathogenicity. In addition, *in planta* fungal burden quantification, together with fluorescence microscopy studies, revealed that these systems are required for the acquisition of copper inside the tomato plant roots and the colonization of the xylem vessels. These findings establish a key role for copper acquisition in fungal pathogenicity on plants and reveal new ways to protect crops from phytopathogens.

Financiado por: This work was supported by grants from Junta de Andalucía (ProyExcel_00488) to Manuel Sánchez López-Berges; from the Spanish Ministry of Science and Innovation (MICINN, grant PID2022-140187OB-I00) to Manuel Sánchez López-Berges and Antonio Di Pietro and (MICINN, grants PLEC2021-007777, TED2021-130262B-I00 and PDC2022-133749-I00) to Antonio Di Pietro; and from the Austrian Science Fund (FWF, grant P32790-B) to Joseph Strauss and (FWF, grant T 1266) to Lena Studt-Reinhold.

Rafael Palos-Fernández was supported by Ph.D. fellowship FPU18/00028 from the Spanish Ministry of Universities and by the EMBO Scientific Exchange Grant 9756. María Victoria



Aguilar-Pontes was supported by the María Zambrano program to attract international talent 2021 from the Spanish Ministry of Universities and by an UCOLIDERA grant from University of Córdoba. Gema Puebla-Planas was supported by Ph.D. fellowship FPI PRE2020-092679 from MICINN.

O.48. Cell wall genes modulate plant virus seed transmission

Lucía García Ordóñez¹, Cristina Sáez Sánchez¹, Helena Martín Rivilla¹, Alberto Cobos Piñuela¹, Elena Birlanga Navarro¹, Israel Pagán Muñoz¹

¹ Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas, Pozuelo de Alarcón, Madrid

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: Seed transmission, TuMV, CMV, cell wall, PLL18

Resumen:

The capacity to be transmitted is arguably the most important trait of a parasite as it is a major fitness determinant. For plant viruses, the most important transmission modes are horizontal (from plant to plant regardless of descent via vectors or contact, among others) and vertical (from parent to the offspring through seeds). Most effort devoted to understanding plant virus transmission has been focused on horizontal transmission, whereas the molecular bases of seed transmission are largely unknown. However, more than 25% of all known plant viruses are vertically transmitted, this mode being epidemiologically relevant as it allows survival of the virus in unfavorable conditions and long-distance spread. In this work, we analyzed the plant genetic determinants of virus seed transmission. To do so, we used cucumber mosaic virus (CMV) and turnip mosaic virus (TuMV), and their natural host *Arabidopsis thaliana* as model systems. We performed Genome-wide association studies (GWAS) using 160 plant genotypes, which identified 79 genes potentially involved in seed transmission, which were enriched in those involved in cell wall biogenesis and modification. The role of these genes on virus seed transmission was experimentally tested using *A. thaliana* knock-out mutants. Interestingly, most mutants showed reduced seed transmission as compared with the wild type. The exception was the line with the pectate lyase like 18 (PLL18) gene silenced, in which seed transmission was enhanced. Further studies using GFP-marked TuMV showed that, in this mutant, systemic infection occurred earlier, and the virus multiplied to higher levels in the reproductive structures, than in the wildtype. Accordingly, the virus invaded the ovules faster. PLL18 is a pectate-lyase protein that is involved in the development of the vasculature and in organ abscission. Lack of this enzyme increases the phloem/xylem ratio (which would favor virus movement) and retards flower separation (which would facilitate ovule invasion). Thus, known functions of PLL18 are compatible with the observations of this work. This is the first report associating a cell wall protein with plant virus vertical transmission.

Financiado por: PID2022-141836OB-I00



O.49. Efectores de diferentes bacterias fitopatógenas interaccionan con la enzima sulfito reductasa, alterando el metabolismo del azufre en plantas.

José S. Rufián¹, Javier Ruiz Albert¹, Alberto P.Macho²

¹ IHSM-UMA-CSIC, Málaga

² Shanghai Center for Plant Stress Biology, CAS Center for Excellence in Molecular Plant Sciences, Chinese Academy of Sciences, Shanghai, 201602, China.

Tipo Comunicación: ORAL SEF

Palabras Clave: *Pseudomonas syringae*, *Ralstonia solanacearum*, efectores, virulencia, metabolismo

Resumen:

La virulencia de muchos patógenos bacterianos de plantas, como *Ralstonia solanacearum* y *Pseudomonas syringae*, depende de sus efectores, proteínas codificadas por la bacteria que son inyectadas en la célula vegetal donde manipulan los procesos celulares del huésped para permitir la proliferación bacteriana. *R. solanacearum* es uno de los patógenos bacterianos de plantas más destructivo, produciendo enfermedades en un gran número de cultivos. *R. solanacearum* es un patógeno del suelo que invade al huésped a través de las raíces, colonizando el sistema vascular y produciendo síntomas de marchitamiento. *P. syringae* es la bacteria fitopatógena más relevante debido a su impacto económico y académico. *P. syringae* es un patógeno hemibiotrófico que coloniza la parte aérea de la planta, creciendo en los espacios entre las células del mesófilo de las hojas. A pesar de sus diferencias en el estilo de vida, un pequeño número de efectores bacterianos está presente en ambas bacterias patógenas.

Al estudiar el efector con mayor similitud entre cepas de ambas especies de bacterias fitopatógenas, Hop/Rip15, encontramos que Rip15 induce alteraciones en el metabolismo del azufre (S). Los ensayos de interacción proteína-proteína apuntaron a la REDUCTASA DE SULFITO (SIR) como una diana de Hop/Rip15. Las plantas transgénicas de *Arabidopsis* que expresan Rip15 muestran una actividad reducida de SIR y defectos en el desarrollo. El efecto de la alteración del metabolismo del azufre sobre la virulencia bacteriana es desconocido.

Financiado por: Este trabajo ha sido financiado por el Proyecto 20WZ2503700 del Shanghai's Science and Technology Commission y por el Proyecto B1-2021_28 financiado por el I Plan Propio de Investigación y Transferencia de la Universidad de Málaga.



O.50. El papel del sistema de secreción tipo IV en la capacidad de competición de *Xanthomonas arboricola*

Sara Cuesta Morrondo^{1,2}, Jerson Garita Cambroner³, Ralf Koebnik⁴, Jaime Cubero Dabrio¹

1 Laboratorio de Bacteriología. Dpto Protección Vegetal. INIA-CSIC. Madrid. España

2 Departamento de Biotecnología-Biología Vegetal, Escuela Técnica Superior de Ingeniería Agronómica, Alimentaria y de Biosistemas, Universidad Politécnica de Madrid, Madrid, España

3 Instituto Tecnológico Agrario de Castilla y León (ITACyL), Castilla y León, España

4 Plant Health Institute of Montpellier (PHIM), University of Montpellier, CIRAD, INRAE, Institut Agro, IRD, Montpellier, Francia

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: *Xanthomonas*, Sistemas de secreción, competición, almendro, nogal, avellano, TSS4, TSS6

Resumen:

La especie bacteriana *Xanthomonas arboricola* comprende tres patovares fitopatógenos de gran interés agrícola: *X. arboricola* pv. *pruni* (Xap), causante de la mancha bacteriana en *Prunus* spp., *X. arboricola* pv. *juglandis* (Xaj), que provoca el tizón bacteriano, la necrosis apical y el chancro del nogal, y *X. arboricola* pv. *corylina* (Xac), que causa la mancha y la necrosis bacteriana del avellano.

Las bacterias presentan diversas estrategias de competición inter e intraespecíficas que les aportan una ventaja frente a otras bacterias o microorganismos durante la colonización del huésped. Las especies de *Xanthomonas* spp. poseen diferentes mecanismos de competición, como el sistema de secreción tipo IV (T4SS) y el sistema de secreción tipo VI (T6SS).

En este trabajo se estudiaron los genomas de dos cepas de cada uno de los tres patovares de *X. arboricola* (Xap IVIA 2626, Xap CITA 33, Xaj IVIA 1317, Xaj IVIA 2499, Xac CFBP 1846 and Xac IVIA 3978), observándose la presencia del T4SS en todas las cepas y descartándose la presencia de T6SS. Además, se generó un Hidden Markov mModel, gracias al cual se encontraron varios posibles efectores del T4SS. Posteriormente, se verificó experimentalmente la funcionalidad del T4SS, realizando en primer lugar, experimentos de competición en placa entre cepas de los tres patovares de *X. arboricola* frente a *E. coli* DH10Bb GFP y frente a *X. arboricola* CITA 44 GFP. En ambos casos, se observó que Xaj 2499 y Xac 3978 y, en menor medida, Xac 1846 competían significativamente frente a DH10Bb y CITA 44. El resto de cepas también compitieron, pero de una manera menos notable. Para comprobar la implicación del T4SS en el proceso de competición, se procedió a generar el knock-out del gen *virD4* de *X. arboricola* y, Posteriormente, se repitieron los experimentos de competición. Se observó que todas las cepas, a excepción de Xac 3978 perdían completamente la capacidad de competir frente DH10Bb y CITA 44, confirmando el papel en este proceso del T4SS. Sin embargo, Xac 3978 *virD4*- conservó parcialmente la habilidad para competir, por lo que se deduce la implicación de algún otro mecanismo en la capacidad de competición de esta cepa.



Financiado por: Proyecto PID2021-123600OR financiado por MICIU / AEI /10.13039/501100011033/ y por FEDER Una manera de hacer Europa.

O.51. Root cells-specific responses triggered by root-knot nematodes in *Arabidopsis* by single cell RNA sequencing

Almudena Gómez Rojas¹, Maite Saura¹, Olga Delgado de Castro¹, Patricia Abril Urias¹, Fernando E. Díaz Manzano¹, Thomas Eekhout¹, Bert De Rybel¹, Tina Kyndt¹, Tom Beeckam¹, Carolina Escobar Lucas¹

¹ Universidad de Castilla-La Mancha, Toledo

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: Nematode, Root-knot nematode, scRNAseq, Feeding site, Galls, Giant Cells, root meristem

Resumen:

Plant parasitic nematode (PPNs) are responsible of vast agricultural losses affecting all major crops (Singh et al., 2015). Root-Knot nematodes (RKNs; *Meloidogyne* spp.), are one of the most important groups of sedentary endoparasites characterized by the formation of galls within the plant root. Galls show cortex hypertrophy and vascular cells proliferation. Inside them, five to eight vascular cells differentiate into giant cells (GC) that serve as feedings sites (NFs; Escobar et al., 2015) after suffering profound transcriptional and epigenetic changes induced by the nematode (Barcala et al. 2010; Jammes et al., 2005 & Silva et al., 2022). In order to study primary transcriptional changes during the Plant-Nematode interaction at single cell resolution, we generated single cell RNA sequencing (scRNA-seq) dataset of *Arabidopsis* roots infected with *Meloidogyne javanica* at early infection time. Infection times were selected using reporter lines previously described to be active during the Plant-Nematode interaction in GCs (Olmo et al., 2020 & Suzuki et al., 2021). The infection protocol was improved to increase infection rates as *Arabidopsis* is not a natural host of *M. javanica*. Three independent replicates from mock and inoculated samples were performed obtaining 35594 and 14153 high quality cells and a median of 1970 and 2005 genes per cell respectively. Using unsupervised graph-based clustering, cells were clustered in 28 major clusters identifying a “nematode cluster” as a group of cells from the inoculated sample clustered together. These “rare” nematode-induced cells could be the first cells responding to nematode infection and may already be reprogrammed to form the giant cells. However, further analysis are needed to elucidate this question and to study the specific transcriptional changes occurring in these “rare” cells. In parallel, we are also studying the role of root meristem stem cells in GCs development. For that purpose, we are analyzing the function during GCs formation of several genes with a main role in the differentiation of stem cells within the distal and proximal root meristem, i.e., some from the ground tissue, protoxylem, pericycle, procambium, quiescent center, etc... We believe, that this second approach will complement the single cell analysis and will help to identify those CGs initials.



Financiado por: This work was supported by CPP2021-008347. 2022-2024, MICIN/AEI/10.13039/501100011033 and by the European Union Next Generation EU/PRTR. PID2019-105924RB-I00 and PID2022-138989OB-I00, MCIN/AEI 10.13039/501100011033/ and by FEDER UE. Castilla La Mancha Government (SBPLY/21/180501/000033)

O.52. El microbioma de la manzana: fuente de agentes de biocontrol de enfermedades en postcosecha

Ana María Sánchez Ruiz¹, Jonas Oliva², Ahmed Abdelfattah³, Cristina Solsona¹, Elena Costa¹, Neus Teixidó¹

¹ IRTA-Fruitcentre, Lleida

² Universidad de Lleida, Lleida

³ Leibniz-Institute for Agricultural Engineering, Potsdam

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: Culturomics, microbiota, endófitos, epífitos, control biológico, patología de la fruta

Resumen:

En los últimos años, el estudio del microbioma ha adquirido una mayor relevancia en el ámbito de la salud y la calidad de las plantas. Los microorganismos son una parte integral de la composición de frutas y hortalizas, llegando a influir en su calidad y el desarrollo de enfermedades fúngicas en campo y en postcosecha. Técnicas de estudio más tradicionales como el cultivo de microorganismos, unidas a técnicas modernas de identificación molecular, ayudan a la comprensión del microbioma y pueden dar lugar al desarrollo de métodos innovadores y más eficientes de búsqueda de agentes de biocontrol y otros microorganismos beneficiosos en la superficie de las frutas.

En el presente estudio, se ha trabajado en manzana como fruta modelo, al ser una de las frutas más consumidas a nivel mundial y uno de los cultivos principales de la zona de estudio. Mediante un enfoque de “Culturomics” se pretende caracterizar la composición microbiana cultivable de dos variedades de manzana diferentes y, para ello, se utilizan como medios de cultivo, un medio mínimo al que se le añaden diferentes nutrientes presentes en la piel de la manzana: tres aminoácidos para las bacterias y tres hidratos de carbono para los hongos y tres pigmentos. Los objetivos de este trabajo son: i) estudiar las diferencias en la diversidad y composición del microbioma cultivable de la manzana atendiendo a los siguientes factores: momento de recolección de las muestras (precosecha y cosecha), genotipo (Golden Reinders y Mandy), localización (montaña y valle) y tipo de tejido (endófito y epífito) y ii) seleccionar de esta colección de microorganismos cultivables aquellos géneros con potencial como agentes de biocontrol frente a las principales enfermedades postcosecha en manzana (*Penicillium expansum*, *Botrytis cinerea* y *Rhizopus stolonifer*).



El estudio de la microbiota sugiere que la diversidad fúngica se ve afectada por el tipo de tejido, la altitud y el momento de cosecha, mientras que la diversidad bacteriana no se ve influenciada por ninguno de los factores.

Por otro lado, se han aislado, contabilizado e identificado alrededor de 1000 microorganismos: 517 bacterias, 212 levaduras y 242 hongos filamentosos, de los cuales se han seleccionado alrededor del 25% como potenciales agentes de biocontrol. De los 250 microorganismos estudiados, 4 aislados de bacterias y 24 aislados de levaduras controlaron con éxito las tres enfermedades más comunes en postcosecha, reduciendo la incidencia entre el 75 y el 100% con respecto al control.

Este estudio, aporta una metodología innovadora en la búsqueda de agentes de biocontrol y en la futura aplicación del microbioma en la industria agroalimentaria. Así como una colección muy interesante de candidatos de biocontrol en postcosecha.

Financiado por: PID2020-117607RR-I00/AEI (ENVIRONAPPLE); programa CERCA y ayuda 2021 SGR-01477, Generalitat de Catalunya; beca predoctoral UdL-IRTA 2021



Sesiones Simultáneas 3A: Epidemiología y Diagnóstico. Enfermedades Emergentes.

O.53. Enfermedad Re-Emergente: Irrupción De La Podredumbre Ácida En Fruta De Hueso

Carla Casals¹, Erick Zúñiga¹, Josep Usall¹, Júlia Borrás-Bisa¹, Pilar Plaza¹, Neus Teixidó¹

¹ IRTA, Fruitcentre, Lleida

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: *Geotrichum candidum*, epidemiología, control, control biológico, manejo, cambio climático

Resumen:

En los últimos años, la producción de fruta de hueso en el Valle del Ebro ha experimentado la introducción de una nueva enfermedad, la podredumbre ácida (PA), que previamente al 2016 presentaba una incidencia baja o nula. El principal microorganismo responsable de la PA es *Geotrichum candidum*, y los síntomas se asocian a una podredumbre acuosa, donde crece una capa de micelio y finalmente la producción de artrósporas de color blanco. La descomposición del fruto va acompañada de un característico olor a vinagre. Los principales factores que se apuntan como inductores de su presencia son la falta de eficacia de los productos fungicidas que se utilizan habitualmente en campo y en postcosecha en fruta de hueso, la sensibilidad de las nuevas variedades introducidas y el cambio climático, en concreto, el efecto del incremento de la temperatura. En este estudio, se ha investigado: 1) las potenciales fuentes de inóculo en 4 campos de fruta de hueso; 2) la dispersión de *G. candidum* inoculado artificialmente en el suelo y expuesto a diferentes condiciones simuladas de viento, laboreo de campo, o ambas a la vez; y 3) el efecto de *Trichoderma asperellum* (cepa T34) para reducir la concentración de inóculo de *G. candidum* en el suelo. Los resultados obtenidos indicaron que *G. candidum* estaba presente en todas las muestras de campo evaluadas, principalmente en el suelo, donde se encontró la máxima concentración. Además, se observó que el inóculo de *G. candidum* se dispersó a todas las condiciones evaluadas, destacando el polvo como un medio importante de dispersión. Finalmente, se observó que T34 redujo en un 76% el nivel de inóculo de *G. candidum* en el suelo a los dos días después del tratamiento. Pasados 7 días, esta reducción fue del 47%, y permaneció estable durante un mes. Estos resultados han proporcionado una potencial herramienta para controlar la PA, basada en la reducción de *G. candidum* en el suelo de los campos y evitando su dispersión.

Financiado por: “Generalitat de Catalunya”: Programa CERCA; Grupo consolidado 2021 SGR-01477; Grupo operativo: operación 16.01.01.PDR2014-2022



O.54. Emergencia de un nuevo geminivirus en *Plantago lagopus*: amenaza para el cultivo del tomate

Elvira Fiallo-Olivé¹, Jesús Navas-Castillo¹

¹ Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea La Mayora (IHSM-UMA-CSIC), Consejo Superior de Investigaciones Científicas, Algarrobo-Costa, Málaga

Tipo Comunicación: ORAL SEF

Palabras Clave: clones infectivos, geminivirus, *Plantago lagopus*, plantas silvestres, tomate, virus emergente

Resumen:

Los virus de plantas pertenecientes a la familia *Geminiviridae* poseen genomas de ADN circular y de cadena sencilla y son responsables de importantes enfermedades en cultivos de importancia económica a nivel mundial. En este trabajo hemos identificado y caracterizado un nuevo geminivirus monopartito que infecta plantas de *Plantago lagopus* en el sur de España. Se clonó y secuenció el genoma viral completo, siendo de 2844 nucleótidos. La comparación de su secuencia nucleotídica con la de todos los geminivirus conocidos reveló menos del 62% de identidad, lo que sugiere que representa una nueva especie dentro de la familia *Geminiviridae* y probablemente representante de un nuevo género de esta familia. El muestreo de plantas de *P. lagopus* reveló una amplia distribución del virus en la provincia de Málaga. Se construyó un clon infectivo dimérico que se utilizó para la agroinoculación en varias especies de plantas. La infección en *P. lagopus* fue asintomática, mientras que las infecciones en *Nicotiana benthamiana* y tomate resultaron en una reducción del número de ramas, amarilleo y disminución del tamaño de las hojas. Además, en un experimento que se prolongó durante 120 días, se comprobó que la infección viral en tomate producía una reducción del 84,2% en la producción de frutos. Este virus no actuó como ayudante de sweet potato leaf curl *Deltasatellite* 1, al contrario de lo que ocurre con otros virus pertenecientes a varios géneros de la familia *Geminiviridae*. Los ensayos de transmisión del nuevo geminivirus mediante semilla, mosca blanca y pulgón han resultado infructuosos. La emergencia de este virus podría representar una seria amenaza para el cultivo de tomate debido a su capacidad para causar pérdidas sustanciales en el rendimiento. Es esencial investigar su biología, mecanismo de transmisión y estrategias de manejo para mitigar su potencial impacto en los cultivos de tomate.

Financiado por: Ministerio de Ciencia e Innovación / FEDER (PID2021-128445OA-I00/AEI/10.13039/501100011033). Unión Europea - Programa Horizonte 2020 (proyecto VIRTIGATION, 101000570).



O.55. Identificación de aislamientos del patógeno fúngico emergente *Neopestalotiopsis* spp. en plantas de fresa cultivadas en viveros de altura.

Jorge Iribarren Baró¹, Laura Sánchez Gándara², José Luis Palomo Gómez¹, Belén Suárez Fernández³

¹ Centro Regional de Diagnóstico (CRD), Junta de Castilla y León, Aldearrubia, Salamanca

² Departamento de Microbiología y Genética, Universidad de Salamanca

³ Instituto de Biología Funcional y Genómica (IBFG- USAL/CSIC), Salamanca

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: *Neopestalotiopsis*, *rosae*, *iranensis*, fresa, viveros, multi-locus, ITS, beta-tubulina, *tef1*

Resumen:

Pestaliota Leaf Spot (PLS) o mancha foliar por *Pestalotiopsis*, es una enfermedad fúngica emergente que afecta al cultivo de fresa, entre otros, causando daños en raíz, corona, hojas y frutos. Inicialmente identificada en EE.UU., en los últimos años se ha descrito en los principales países productores. En España, se documentó por primera vez en 2016, asociada a *Neopestalotiopsis clavispora*, aunque investigaciones posteriores señalan a *N. rosae* como el principal agente causante. A partir de 2021, la enfermedad ha cobrado relevancia, coincidiendo con la descripción en EE.UU. de nuevos brotes y el aislamiento de cepas más virulentas, catalogadas como *Neopestalotiopsis* sp. new. Otras especies puntualmente asociadas con PLS en fresa son *N. iranensis* y *N. mesopotamica*. Más recientemente, se ha descrito una nueva especie denominada *N. fragariae* en China. El grado de patogenicidad de cada especie aún no se comprende totalmente, y no se descarta la posibilidad de que existan otras especies capaces de infectar las plantas de fresa y afectar negativamente la producción.

Castilla y León es la principal región productora de planta madre de fresa en España, la cual es suministrada a los productores de fruto del Sur del país y de otros países. Teniendo en cuenta que en las condiciones de frío de los viveros de altura, enfermedades como PLS pueden mantenerse asintomáticas, la detección temprana y la identificación precisa de los patógenos responsables adquiere especial relevancia para la prevención y el control de la enfermedad. El presente estudio analiza plantas madre procedentes de distintos viveros de altura de la región, obtenidas en el Centro Regional de Diagnóstico de Castilla y León durante las campañas 2022 y 2023, con el propósito de determinar la presencia de *Neopestalotiopsis* spp. e identificar las especies detectadas.

De un total de 47 y 91 lotes de plantas madre analizadas, se obtuvieron 7 y 18 aislamientos fúngicos, respectivamente, pertenecientes al género *Neopestalotiopsis* en base a características morfológicas. La identificación a nivel de especie se realizó mediante análisis filogenético multi-locus utilizando secuencias parciales de la región ITS y de los genes de la beta-tubulina (*b-tub*) y



del factor de elongación de la traducción (tef1). Los resultados revelaron que la mayoría de los aislamientos obtenidos pertenecen a las especies *N. rosae* y *N. iranensis*, mientras que uno de ellos se agrupa con cepas asignadas a la especie agresiva *Neopestalotiopsis* sp. Estos resultados podrán compararse con estudios similares realizados en los campos de producción de fruto en España, lo que contribuirá a esclarecer la fuente de inóculo de los patógenos causantes de PLS.

Financiado por: Ministerio de Agricultura, Pesca y Alimentación

O.56. La enfermedad de Pierce de la vid: una nueva amenaza para la viticultura europea

Eduardo Moralejo¹, Alex Giménez-Romero², Manuel A. Matías²

¹ TRAGSA, DELEGACIÓN DE LAS ILLES BALEARS

² Instituto de Física Interdisciplinar y Sistemas Complejos IFISC (UIB-CSIC), 07122 Palma de Mallorca, Spain.

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: *Xylella fastidiosa*, patógenos emergentes, cambio climático, vid, filogenia fechada

Resumen:

La enfermedad de Pierce (PD) causada por la bacteria *Xylella fastidiosa* es considerada una amenaza potencial para la viticultura europea (lista A2 de patógenos de la EPPO desde 1981). En Estados Unidos (EEUU), las infecciones causadas por este patógeno transmitido por insectos vectores provocan daños recurrentes en viñedos de California y del sureste de EEUU, desde 1884, cuando fue descrita por primera vez en el sur de California. A pesar de la exportación masiva de vides americanas a Europa como porta-injertos para combatir la filoxera desde 1872, los viñedos europeos han permanecido libres de PD hasta hace poco, cuando se detectó por primera vez en la isla de Mallorca en 2017. En 2022, se reportó la detección de PD en Portugal y este mismo año ha sido detectado cerca de Bari (Italia). Las razones de esta ausencia de PD en Europa continental hasta muy recientemente no se han explicado de manera convincente. Para entender cuáles han podido ser las causas, por un lado, hemos analizado la reciente historia evolutiva y de dispersión del linaje clonal de *X. fastidiosa* (XfPD) responsable de PD en EEUU. Utilizando el análisis filogenético bayesiano fechamos la introducción de XfPD en California alrededor de 1875, y su Pósterior exportación al sureste de EEUU poco antes de 1895. Los resultados del análisis filogenético, descarta la posibilidad de que XfPD fuera exportada a Europa antes de 1900. Utilizando un modelo epidemiológico que simula la transmisión, el crecimiento estival y la supervivencia invernal de la bacteria en planta infectada y la distribución del principal vector en Europa, *Philaenus spumarius*, hemos evaluado el riesgo epidémico de PD a lo largo del tiempo desde 1870 hasta escenarios futuros de incrementos de +4°C respecto a la temperatura media preindustrial. El modelo indica que la Europa continental ha permanecido libre del riesgo de PD hasta los años 90 del siglo pasado, y desde entonces el riesgo ha aumentado exponencialmente. Bajo escenarios de aumentos de la temperatura media de +2 a +3°C, nuestro modelo predice un



aumento muy sustancial del riesgo epidémico en amplias zonas de Italia, sur de Francia y Portugal, y en mucha menor medida en España. Los recientes brotes de PD en Portugal e Italia coinciden temporal y espacialmente con las predicciones de nuestro modelo, lo que sugiere que las proyecciones son bastante fiables y un motivo de preocupación para la viticultura del sur de Europa.

Financiado por: European Research Executive Agency-HORIZON Research and Innovation Actions in the project Bexyl, grant number 101060593 PID2021-123723OB-C22 (CYCLE) MICIU/AEI/10.13039/501100011033 y por «ERDF A way of making Europe» y a través de la subvención CEX2021-001164-M (Programa María de Maeztu para Unidades de Excelencia en I+D) financiada por MICIU/AEI/10.13039/501100011033.

O.57. Impacto de temperaturas extremas en la supervivencia de *Xylella fastidiosa* en el área Mediterránea

Miguel Román-Écija¹, Concepción Olivares-García¹, Luca Testi¹, Juan A. Navas-Córtes¹, Blanca B. Landa¹

¹ Instituto de Agricultura Sostenible (IAS), Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), 14004 Córdoba, España

Tipo Comunicación: ORAL SEF

Palabras Clave: Viabilidad celular, temperatura xilema, tratamientos térmicos, bactericida

Resumen:

Xylella fastidiosa (*Xf*) es una bacteria habitante del xilema que puede infectar a más de 650 especies de plantas. La temperatura es un factor clave en su biología y ecología. Estudios previos mostraron que *Xf* tiene un óptimo de temperatura amplio que varía según la subespecie. Además, se ha demostrado que la temperatura en el interior del xilema y en el sistema suelo-raíz, no está siempre acoplada a la del aire y puede ser determinante para su supervivencia. Su capacidad de adaptación a ambientes diversos incrementa el riesgo para su establecimiento y propagación global, y en particular en el área Mediterránea. Sin embargo, el efecto de las temperaturas extremas en el desarrollo y supervivencia de *Xf* no ha sido abordado en profundidad.

En este trabajo se evaluó si diferentes tratamientos térmicos (< 6 y > 40°C) aplicados con distintos tiempos de exposición tienen un efecto letal o bacteriostático en varias cepas de *Xf* de diferentes subespecies y aisladas de diversas plantas huésped y origen geográfico. Para evaluar el efecto de los tratamientos térmicos sobre la viabilidad celular se evaluó el crecimiento planctónico y formación de biopelículas de *Xf* tras el tratamiento, y se cuantificó el número de células vivas y muertas mediante ensayos de viabilidad-qPCR y análisis de citometría de flujo.

Los resultados mostraron que *Xf* fue capaz de sobrevivir a tratamientos térmicos por debajo de 6°C, incluso a temperaturas de congelación, manteniendo una elevada proporción de células viables, lo que permitió la recuperación del crecimiento y la formación de biopelículas una vez



incubadas las células tratadas a una temperatura favorable. Por el contrario, los tratamientos térmicos a 40°C tuvieron un efecto bactericida tras 24 y 72 horas de tratamiento. Tratamientos superiores a 42°C con tiempos de exposición inferiores mostraron un resultado variable, y aunque se redujo considerablemente la viabilidad, se mantuvo un número apreciable de células viables. Paralelamente, se monitorizaron los patrones de temperatura dentro de los vasos del xilema de árboles de olivo y almendro, junto con la del sistema suelo-raíz bajo condiciones de campo en un clima mediterráneo. Se demostró que el efecto amortiguador observado en el tronco del árbol y dentro del sistema suelo-raíz puede proporcionar condiciones ambientales favorables para la supervivencia de patógenos vasculares de las plantas, tales como *Xf*, y en particular durante periodos de temperaturas extremas tanto altas como bajas.

Estos resultados indican que *Xf* tendría buenas condiciones ambientales para su supervivencia en cultivos leñosos en el área Mediterránea. La información obtenida proporcionará información valiosa para el desarrollo de mapas de riesgo más precisos y diseñar estrategias de gestión de las enfermedades causadas por *Xf*, así como para la implementación de tratamientos de termoterapia en viveros.

Financiado por: KODA, BeXyl (Grant ID 101060593, EU-Horizon Europe), PTI-SolXyl-CSIC

O.58. Implicaciones epidemiológicas y de gestión de *Xylella fastidiosa* subsp. *pauca* ST53 en Mallorca

Diego Olmo¹, Alicia Nieto¹, Marta López², Inmaculada Navarro-Herrero³, Silvia Barbé³, Ester Marco-Noales³, María Pilar Velasco-Amo⁴, Concepción Olivares-García⁴, Blanca B. Landa⁴, Eduardo Moralejo⁵

1 Institut de Recerca i Formació Agroalimentària i Pesquera de les Illes Balears (IRFAP). Palma de Mallorca

2 Servicio de Agricultura, Conselleria d' Agricultura, Pesca i Medi Natural. Palma de Mallorca

3 Laboratorio Nacional de Referencia de Bacterias Fitopatógenas, Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias (IVIA). Montcada (Valencia)

4 Instituto de Agricultura Sostenible, Consejo Superior de Investigaciones Científicas (IAS-CSIC), Córdoba.

5 TRAGSA, Empresa de Transformación Agraria, Delegación de Baleares, Palma de Mallorca

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: co-infección, recombinación genética, medidas de control, huésped

Resumen:

En enero de 2024 se detectó por primera vez en Mallorca *Xylella fastidiosa* subsp. *pauca*. Los análisis MLST mostraron que se trataba del tipo de secuencia ST53, que ha llevado al arranque de 21 millones de olivos en Apulia (Italia) desde 2013. A fecha 5 de junio se ha detectado en 114 acebuches, 34 olivos, y en otras 18 plantas pertenecientes a 7 especies del ámbito forestal y ornamental. El foco está localizado en Sencelles, en el centro de la isla de Mallorca, en un área



aproximada de 1 km², donde además se encuentran las subespecies *fastidiosa* (ST1) y *multiplex* (ST81). En algunos casos se han detectado co-infecciones de ST53 con uno de estos genotipos. El hecho de que en el mismo foco también se encuentran miles de acebuches infectados por el ST81 (*multiplex*) que muestran síntomas muy parecidos a los causados en las fases iniciales por el ST53 añade mayor dificultad a cualquier plan de erradicación. Debido a que las tres subespecies son transmitidas por el insecto *Philaenus spumarius* y que, en algunos casos, las tres subespecies pueden infectar el mismo hospedador, el riesgo de recombinación génica es muy alto. A partir de datos actualizados de finales de verano, se podrá caracterizar con mayor precisión la extensión de las infecciones de ST53, el rango de hospedadores y el grado de virulencia en olivo, así como la posible fecha de introducción en la isla y su relación filogenética respecto a otros genotipos de la subespecie pauca. Con toda esta información se evaluarán las implicaciones epidemiológicas de este hallazgo y las posibles medidas de gestión a poner en práctica para tratar de minimizar su impacto.

Financiado por: BeXyl (Grant ID 101060593, EU-Horizon Europe) - M.A.P.A: IVIA-Laboratorio Nacional de Referencia de Bacterias Fitopatógenas y Recomendación de Gestión al IAS-CSIC para la determinación de la subespecie y el ST de *Xylella fastidiosa*



Sesiones Simultáneas 3B: Gestión de enfermedades. Control Biológico & IPM.

O.59. Nueva cepa de *Pseudomonas seleniipraecipitans* con actividad bioestimulante y biocontrol.

Agustina Bernal Vicente¹, Pedro Joaquín Sánchez Pujante¹, Miguel Aranda Regules², Yolanda Hernando Saiz¹

1 ABIOPEP S. L. Murcia España

2 CEBAS-CSIC Murcia, España

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: *Pseudomonas seleniipraecipitans*, bioestimulación, genoma, filogenética, eficiencia agronómica, PGPR

Resumen:

Este estudio presenta una nueva cepa de *Pseudomonas seleniipraecipitans* (ABP-B9; CECT 30310), aislada de suelos agrícolas de la Región de Murcia (España), con actividad bioestimulante y biocontrol.

La determinación de la secuencia completa del genoma y los análisis filogenómicos, fenotípicos y taxonómicos realizados frente a taxones relacionados revelaron que el genoma de ABP-B9 comprende 4.602.210 pares de bases con un contenido de GC del 61,46%. Este genoma incluye 4.247 genes codificantes de proteínas predichos, 12 ARNr y 66 ARNt. Los análisis filogenéticos y taxonómicos indican que ABP-B9 es una cepa nueva del género *Pseudomonas*, estrechamente relacionada con *P. seleniipraecipitans*, perteneciente al linaje de *P. fluorescens* y al grupo filogenético de *P. straminea*. Por lo tanto, se propone el nombre *Pseudomonas seleniipraecipitans* ABP-B9 (CECT 30310).

La aplicación de *Pseudomonas seleniipraecipitans* ABP-B9 (CECT 30310) dio lugar a un incremento del rendimiento del cultivo de lechuga (22%), espinaca (7%) y apio (5%) en condiciones de cultivo comercial. Además, la aplicación de la cepa ABP-B9 al cultivo de lechuga redujo la incidencia de la enfermedad de la vena ancha de la lechuga (LBVD; Lettuce Big Vein Disease) en un 41%. La LBVD causa pérdidas en la producción de lechuga que oscilan entre el 30 y el 70% a nivel mundial, y su incidencia puede llegar al 100% durante las campañas de invierno y principios de la primavera en áreas específicas de cultivo.

La cepa ABP-B9 también demostró aumentar la eficiencia fotosintética, la capacidad antioxidante (mediante un aumento del contenido de flavonoides) y el estado nitrogenado de las plantas, lo cual corrobora su capacidad bioestimulante.

Basándonos en los resultados obtenidos, podemos decir que ABP-B9 es una nueva cepa de *Pseudomonas seleniipraecipitans* a la que se le atribuye capacidad bioestimulante y efecto biocontrol en cultivos de lechuga, espinaca y apio.



Financiado por: Trabajo financiado por ABIOPEP S.L., por el proyecto PLEC2021-007715 financiado por MCIN/AEI/10.13039/501100011033 y por la Unión Europea NextGenerationEU/PRTR, con la cofinanciación de Frutas y Hortalizas del Sureste (Grupo G's).

O.60. A biological agent for the handling of nematode *Meloidogyne* spp. in tomato

Fernando Evaristo Diaz Manzano¹, Deisy Amora², Ángela Martínez-Gómez¹, Lars Moelbak², Carolina Escobar Lucas¹

1 Universidad de Castilla La Mancha

2 CHR Hansen Holding A/S

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: nematodes, tomato, biological control, *Bacillus* spp., confocal, giant cells, rhizobacteria.

Resumen:

Intensive cropping with susceptible varieties, lack of awareness of farmers and global warming have a significant impact on the aggravation of nematode disease and its emergence in new areas. Yet, nematode control is difficult due to its broad host range, soil-hidden nature, the lack of resistant varieties, and the banning of many chemical nematicides due to their high environmental toxicity. There is, therefore, an increasing demand for sustainable and efficient nematode management strategies. These methods should be combined in an integrated pest management (IPM) system (Riyaz et al., 2022), which consists of combining different tactics, including host resistance (where available), rotation with non-hosts crops, sanitation, destruction of residual crop roots, biological control, among others. Root-knot nematodes (RKNs, *Meloidogyne* spp.) are obligate plant parasites that constitute a major pest of agriculture worldwide. The genus *Meloidogyne* spp. is one of the most damaging to crops, and particularly in Mediterranean areas, with the species *Meloidogyne incognita*, *Meloidogyne javanica* and *Meloidogyne arenaria*. They penetrate plant roots, reduce the water and nutrients uptake, and cause significant crop yield losses (Escobar et al., 2015).

One option currently being explored for nematode management is biological control. Rhizobacteria of the genus *Bacillus* show multiple modes of action against plant-parasitic nematodes which can act alone or in combination. Among the bacteria recognized for their efficacy in controlling RKNs, Rhizobacteria of the genus *Bacillus*, such as *B. subtilis* have shown great potential (Ahmad et al., 2021). In this perspective, we have confirmed the efficacy of a combination of two strains (*B. paralicheniformis* FMCH001 and *B. subtilis* FMCH002) for RKNs control while allowing adequate plant growth in tomato. We also started to investigate their mode of action at different infection stages of *Meloidogyne* spp. parasitism. The combination of the two bacterial strains is therefore an effective biological control agent against *Meloidogyne javanica* J2 larvae and during egg hatching. They also interfere with the *Meloidogyne*-tomato interaction at different stages of the nematode cycle reducing gall formation and nematode development. Our



results have shown a successful control of *M. javanica* in vitro and in soil trials under controlled conditions (Díaz-Manzano et al., 2023).

Financiado por: CPP2021-008347. 2022-2024, MICIN/AEI/10.13039/501100011033 and by the European Union Next Generation EU/PRTR. PID2019-105924RB-I00 and PID2022-138989OB-I00, MCIN/AEI 10.13039/501100011033/ and by FEDER UE. Castilla La Mancha Government (SBPLY/21/180501/000033 and SBPLY/22/180502/000058).

Observaciones:

Bibliography:

- 1.- Ahmad, G., Khan, A., Khan, A. A., Ali, A., & Mohhammad, H. I. (2021). Biological control: a novel strategy for the control of the plant parasitic nematodes. *Antonie van Leeuwenhoek*, 114(7), 885-912.
- 2.- Díaz-Manzano, F. E., Amora, D., Martínez-Gómez, Á., Moelbak, L., & Escobar, C. (2023). Biocontrol of *Meloidogyne* spp. in *Solanum lycopersicum* using a dual combination of *Bacillus* strains. *Frontiers in Plant Science*, 5205.
- 3.- Escobar, C., Barcala, M., Cabrera, J., & Fenoll, C. (2015). Overview of root-knot nematodes and giant cells. In *Advances in Botanical Research* (Vol. 73, pp. 1-32). Academic Press.
- 4.- Riyaz, M., Mathew, P., Zuber, S. M., & Rather, G. A. (2022). Botanical Pesticides for an Eco-Friendly and Sustainable Agriculture: New Challenges and Prospects. In *Sustainable Agriculture* (pp. 69-96). Springer.

O.61. Selección de bacteriófagos frente a *Xylella fastidiosa* como estrategia de biocontrol

Carlos Selles-Ribera¹, Miriam Simó-Esquivel², María Luisa Domingo-Calap³, Pilar Domingo-Calap⁴, Ester Marco-Noales¹

1 Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias (IVIA), Moncada, Valencia

2 Tragsa, Empresa de Transformación Agraria, Delegación de Valencia

3 Evolving Therapeutics S.L., Paterna, Valencia

4 Instituto de Biología Integrativa de Sistemas, I2SysBio, Universitat de València-CSIC, Paterna, Valencia

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: *Xylella fastidiosa*, bacteriófago, biocontrol, tratamiento, secuenciación, infección

Resumen:

Xylella fastidiosa (Xf) es una bacteria fitopatógena emergente en el sur de Europa, causante de diversas enfermedades que amenazan cultivos de importancia estratégica para los países mediterráneos como la vid, los cítricos, los frutales de hueso y el almendro. Vive en el xilema de la planta hospedadora y es transmitida por insectos que se alimentan de la savia bruta.



Actualmente, no se dispone de métodos eficientes y sostenibles para una gestión integrada de *Xf*, recurriendo en la mayoría de los casos a la erradicación de los árboles infectados y el control de las poblaciones de insectos vectores. El uso de bacteriófagos se postula como un tratamiento ecológicamente sostenible para el biocontrol de *Xf*, que constituye una alternativa o un complemento a otras estrategias. En este estudio, a partir de diferentes aguas residuales, se han aislado y caracterizado aproximadamente 40 nuevos fagos con capacidad lítica frente a cepas de *Xylella fastidiosa* subsp. *fastidiosa* de las Islas Baleares. La capacidad infectiva de estos fagos ha sido comprobada mediante ensayos en medio semisólido y líquido, obteniéndose calvas de diversas morfologías y tamaños en placa que se corresponden con una inhibición total o parcial del crecimiento en medio líquido, dependiente de la dosis de fago y la ratio fago:bacteria. Actualmente se está llevando a cabo la caracterización genética de todos estos fagos mediante secuenciación en la plataforma MiniSeq.

Financiado por: Este trabajo se está desarrollando con la financiación del proyecto europeo HORIZON-CL6-2021-FARM2FORK-01 BeXyl (Grant ID No 101060593), el proyecto TED2021-130110B-C42, financiado por MCIN/AEI/10.13039/501100011033 y por la Unión Europea NextGenerationEU /PRTR, y el proyecto IVIA-GVA 52202 -SOSTENIBLE- del Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias (Proyecto susceptible de ser cofinanciado por la Unión Europea a través del programa operativo FEDER Comunitat Valenciana 2021-2027).

O.62 Producto Fungicida Microbiano De Nueva Generación Para Inducir La Resistencia En Cultivos Hortícolas De Zonas Templadas Contra Patógenos Transmitidos Por El Suelo

Belén Guijarro Díaz-Otero¹, María del Mar Guerrero Díaz², María del Carmen Rodríguez-Molina³, Paula Serrano-Pérez¹, Yolanda Herranz-Fernández¹, María Victoria Gómez Gómez¹, Paloma Melgarejo Nárdiz¹, Inmaculada Larena Nistal¹

1 Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria-CSIC

2 Instituto Murciano de investigación y desarrollo Agrario y Medioambiental (IMIDA), Murcia

3 Centro de Agricultura Ecológica y de Montaña (CAEM). Centro de Investigaciones Científicas y Tecnológicas de Extremadura (CICYTEX), Plasencia

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: *Penicillium rubens*, PO212, agente de control biológico, inducción de resistencia, formulación

Resumen:

Una de las alternativas más atractivas y ambientalmente más seguras al empleo de sustancias de síntesis química para el control de hongos del suelo es el empleo de agentes de control biológico inductores de resistencia vegetal (ACB-IR). Estos actúan de forma indirecta frente al patógeno impidiendo que se propague a través del sistema vascular de la planta, limitando la incidencia y gravedad de la enfermedad. La aplicación en suelo de conidias del ACB-IR *Penicillium rubens* cepa 212 (PO212) siete días antes del trasplante al terreno de asiento reduce eficazmente la



marchitez vascular del tomate causada por *Fusarium Oxysporum* f. sp. *lycopersici* (FOL) a través de un mecanismo de resistencia. La presencia extracelular de xilanasas de PO212 actúa como mediador de la respuesta de defensa. Tras su aplicación en suelo las poblaciones de PO212 pueden experimentar un rápido declive debido a las interacciones competitivas con otros microorganismos. Esto puede limitar su eficacia por escasa producción de metabolitos activos, que depende de la densidad de población y de la disponibilidad de fuentes de carbono y nitrógeno. PO212 debe alterar rápidamente su estado fisiológico cuando se encuentra en la rizosfera, para entrar en una fase de crecimiento activo y así competir con otros microorganismos endémicos de crecimiento rápido. Nuestro objetivo es desarrollar formulaciones de PO212 en polvo mojable que mejoren su capacidad competitiva y modo de acción como inductor de resistencia vegetal.

Se han desarrollado 56 formulaciones que incluyen combinaciones de aditivos para la sobreexpresión de genes xilanolíticos, y diferentes fuentes de nitrógeno y carbono que activen la germinación de conidias. La selección de las formulaciones se basó en el nivel de expresión de genes xilanolíticos, control de la marchitez vascular del tomate, supervivencia en suelo, capacidad de colonización de la rizosfera y vida útil en almacenaje a Tª ambiente y a 4°C. Tras un cribado inicial, seleccionamos una formulación IR-PO212 (t4) cuya eficacia se está evaluando en plantas de lechuga y de tomate en Murcia y Extremadura, en condiciones de campo sobre *F. oxysporum* f. sp. *lactucae* y FOL. En todos los tratamientos inoculados con PO212 se obtuvo mayor desarrollo inicial de las plantas que en los no tratados, tanto en lechuga como en tomate. Se han obtenido semillas de lechuga resistentes al patógeno inducidas por PO212.

Financiado por: Esta investigación ha sido financiada por el proyecto PID2021-123594OR-C21 y PID2021-123594OR-C22 del MCIN y AEI (España) y cofinanciado con fondos FEDER de la UE (MCIN/AEI/10.13039/501100011033/FEDER, UE).

O.63. Combinación de metodologías para el control del mildiu de la vid, *Plasmopara viticola*

Ainhoa Lasarte¹, Helene Sánchez Zelaia¹, Ana María Díez Navajas¹

¹ Departamento de producción y protección vegetal, NEIKER - Instituto Vasco de Investigaciones Agrarias, Basque Research and Technology Alliance (BRTA), Campus Agroalimentario de Arkaute, 01192, Araba

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: *Plasmopara viticola*, variedades resistentes, sustancias básicas, resistencias, fitosanitarios

Resumen:

Plasmopara viticola (Berk. y Curtis) Berl. y de Toni, el agente causal del mildiu de la vid, es responsable de pérdidas significativas y depreciación de la calidad de la uva en la cosecha cada año, especialmente en áreas húmedas donde los ciclos del patógeno se repiten varias veces a lo largo del periodo activo del cultivo. Esta enfermedad requiere estrategias efectivas de control para



minimizar su impacto en la producción y calidad de la uva, así como en el ecosistema. La aplicación reiterada a lo largo del tiempo de fitosanitarios para el correcto mantenimiento de la sanidad del viñedo ha derivado en graves consecuencias para el medioambiente. En aras de paliar esta situación, las políticas verdes impulsan el avance hacia la reducción de los productos fitosanitarios de síntesis química para el control de plagas y enfermedades, y promueven prácticas agrícolas más sostenibles.

En este trabajo se utilizaron diferentes metodologías combinadas para disminuir el impacto fitoquímico en el control de *P. viticola*. Se combinó el empleo de un producto fitosanitario basado en mandipropamida y otro producto basado en extracto de corteza de sauce (*Salix*), sobre tejido foliar de vid (*Vitis vinifera* L.) del cultivar sensible Sauvignon Blanc y sobre la variedad resistente

Sauvignon Nepis. El *Salix* se mostró eficaz en la contención del mildiu, tanto en la variedad sensible Sauvignon Blanc como en Sauvignon Nepis. En cambio, el fitosanitario convencional basado en mandipropamida no fue tan eficaz como se esperaba sobre la variedad sensible, ya que el aislado de mildiu utilizado resultó resistente a la materia activa y se comprobó la nula eficacia a la concentración más alta ensayada. Sin embargo, funcionó correctamente sobre la escasa esporulación que fructificó en la variedad resistente.

La combinación de la variedad mejorada Sauvignon Nepis y el producto basado en corteza de sauce demostró ser una estrategia efectiva para controlar el mildiu en la vid. Este enfoque integrado no sólo mejora la sanidad de las plantas, sino que también promueve una viticultura más sostenible y respetuosa con el medio ambiente.

O.64. Evaluación de estrategias de control químico y biológico de *Diaporthe amygdali* en almendro

Carolina Francia¹, Mónica Berbegal¹, Josep Armengol¹

1 Instituto Agroforestal Mediterráneo, Universitat Politècnica de Valencia, Valencia

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: Agentes de biocontrol, almendro, chancro en ramas, control químico, *Diaporthe amygdali*, fungicidas.

Resumen:

Diaporthe amygdali, agente causal de chancros y decaimiento de ramas en almendro, es un patógeno que causa daños importantes en este cultivo. Existen pocas opciones para el control químico o biológico de esta enfermedad. En este trabajo se realizó una evaluación de la eficacia in vitro e in planta de las materias activas Boscalida, Captan, Difenconazol, Hidrogenocarbonato de potasio, Oxiclóruro de Cobre, Piraclostrobin y dos agentes de control biológico *Bacillus amyloliquefaciens* cepa D-747 y *Trichoderma atroviride* cepa SC1. Además, en la evaluación in planta se valoró la actividad preinfección y postinfección de las materias activas. En la evaluación



in vitro de los productos químicos se cuantificó su efecto sobre el crecimiento micelial y la germinación de esporas de *D. amygdali*. Para los productos biológicos, se evaluó su efecto antagonista sobre el patógeno. Para la evaluación in planta se utilizaron plantas autoenraizadas de almendro cv. Avijor de 1 año de edad y 60 cm de altura. Se realizaron cinco heridas en el tallo por planta y se inocularon mediante pulverización con una suspensión de conidios a 1×10^6 conidios/ml. Los productos se aplicaron en las plantas a la dosis recomendada por el fabricante en distintos momentos: a los 7, 3 y 1 día antes de la inoculación, en el momento de la inoculación y 1, 2 o 3 días después de la misma. Se trataron 5 plantas para cada combinación de producto y momento de tratamiento, que se dispusieron al azar en un invernadero en condiciones controladas, y el ensayo se realizó dos veces. Diez días después de la inoculación, en cada planta se cortaron los fragmentos de tallo con heridas, se desinfectaron y sembraron en placas de PDAS, cuantificándose el número de heridas colonizadas por *D. amygdali*. En la evaluación in vitro e in planta, el efecto de los fungicidas fue significativo, observándose in planta diferencias importantes según el momento de aplicación. Todos los productos evaluados redujeron la severidad de la enfermedad respecto a las plantas no tratadas de forma significativa, cuando fueron aplicados en preinfección. Captan, Hidrogenocarbonato de potasio, Piraclostrobin y *T. atroviride* redujeron significativamente la severidad respecto al testigo cuando se aplicaron en postinfección. Los resultados de este estudio proporcionan información valiosa para la mejora de las estrategias de control de *D. amygdali* en almendro.

Financiado por: Proyecto PID2020-114648RR-C33. Beca financiada por la Agencia Nacional de Investigación e Innovación (ANII), código POS_EXT_2021_1_172115.



Sesiones Simultáneas 3C: Interacción Planta -Hongo.

O.65. Efecto combinado de la cepa no patogénica *Fusarium Oxysporum* FO12 en la absorción de Fe y la expresión de genes de resistencia inducida frente a *Verticillium dahliae*

Jesús Sevillano-Caño¹, Clara Córdoba-Galván¹, Antonio Rafael Sánchez-Rodríguez¹, Francisco Javier Romera¹, Antonio Trapero¹, María José García del Rosal¹, Carlos Agustí-Brisach¹

1 Departamento de Agronomía, Universidad de Córdoba, Campus de Rabanales, Edif. C4, 14071 Córdoba

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: *Arabidopsis thaliana*, biocontrol, hierro, inducción de resistencia, nutrición, Verticilosis

Resumen:

La Respuesta Sistémica Inducida (ISR) constituye un mecanismo de defensa en plantas, activado por microorganismos beneficiosos presentes en la rizosfera. Igualmente, estos también pueden desencadenar en las plantas respuestas frente a estreses abióticos como la deficiencia de hierro (Fe). La activación simultánea de ambas respuestas (ISR y deficiencia de Fe) está mediada por reguladores comunes, como el etileno (ET) y el óxido nítrico (NO). Esta superposición en la regulación de la ISR y la deficiencia de Fe permite que la ISR pueda ser inducida por microorganismos rizosféricos en condiciones de deficiencia de Fe. Este estudio tuvo como objetivos (i) evaluar la capacidad de la cepa no patogénica de *Fusarium Oxysporum* FO12 para desencadenar respuestas de deficiencia de Fe en las raíces e (ii) inducir mecanismos de resistencia sistémica en las hojas de las plantas inoculadas. Para ello, plantas de *Arabidopsis thaliana* de la variedad silvestre Col-0 de 30 días de edad fueron inoculadas con una suspensión de conidios de FO12 ajustada a una concentración de 10^6 conidios/ml en medio hidropónico, tanto en condiciones de suficiencia como de deficiencia de Fe. Se determinó la capacidad de la planta para reducir Fe^{3+} y se analizó la expresión relativa de genes asociados con la adquisición de Fe, ET, NO y ácido salicílico (SA) en raíces y hojas. Simultáneamente, se cultivaron plantas idénticas de *A. thaliana* Col-0 en turba estéril que fueron inoculadas por riego con FO12 y *Verticillium dahliae* aislado V180 (patotipo no defoliante) a una concentración de 10^6 conidios/g de suelo, para evaluar la capacidad de FO12 de controlar este patógeno vascular. La severidad de la enfermedad se evaluó periódicamente mediante una escala (0-17) y se calculó el Área Bajo la Curva del Progreso de la Enfermedad Relativa (ABCPER). FO12 incrementó significativamente la expresión de genes asociados con Fe, ISR y SAR bajo condiciones de suficiencia y deficiencia de Fe respecto al control sin inocular. Las plantas inoculadas con FO12 y FO12+V180 mostraron valores de ABCPER de 0,0% y 9,0% respectivamente, mientras que las plantas inoculadas sólo con V180 presentaron un 40,0% de ABCPER, lo que indica que FO12 redujo eficazmente la severidad de la enfermedad. Estos resultados resaltan el potencial de FO12 para inducir respuestas



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

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

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

Isabel Padilla Roji¹, Dolores Fernández Ortuño¹, Alejandro Pérez García¹

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

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

Tipo Comunicación: ORAL

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

Resumen:

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



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

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

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

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

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

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

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

Tipo Comunicación: ORAL

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

Resumen:

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

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



esenciales en el proceso de infección y sobre su función en un entorno natural. Todos los mutantes no agresivos obtenidos están alterados, además, en su capacidad de respuesta a la luz. Entre ellos destaca un grupo de mutantes incapaces de infectar tejidos vegetales, de tipo micelial, que no producen esporas ni esclerocios. El análisis genético y genómico de estos aislados ha permitido determinar que todas estas características se encuentran bajo el control de un gen regulador, Bcin04g03490. Se trata de un factor de transcripción de estructura particular, con un dominio de unión a ADN de tipo GAL4 y un dominio acetyl-transferasa. El análisis transcriptómico y de metabolómica dirigida de mutantes de delección en este factor demuestra una función reguladora general sobre metabolismo secundario, resultando esencial para la biosíntesis de toxinas (botrydial y ácido botcínico), y modulando genes implicadas en las rutas de biosíntesis de carotenos, melanina, ácido abscísico y ácido oxálico, entre otras. Regula, asimismo, genes implicados en esporulación, genes descritos de respuesta a la luz y numerosos factores de transcripción. Dado el efecto general sobre el transcriptoma y la naturaleza de los procesos que regula, se evidencia un papel de Bcin04g03490 como regulador global de desarrollo, diferenciación y patogenicidad en *B. cinerea*. Los mecanismos mediante los cuales ejerce su función reguladora son objeto de estudio en la actualidad.

Financiado por: Este trabajo ha sido financiado por los proyectos PID2019-110605RB-100 y PID2022-139876NB-I00 (MCIN/AEI/ 10.13039/501100011033). VPM es beneficiario de una beca FPI (proyecto PID2022-139876NB-I00), AGG de una beca como investigador predoctoral de la Junta de Castilla y León (Convocatoria 2022) y GPL de una beca ANID-Chile (2021-21210760).

O.68. Networks of co-expressed genes in tolerant and susceptible almond trees infected with *Polystigma amygdalinum*

Núria Real¹, Alejandro Calle², Soledad Martos³, Xavier Miarnau², Iban Eduardo⁴, Ignasi Batlle⁵, Jordi Luque¹

1 IRTA, Programa de Protección Vegetal Sostenible, Ctra. de Cabrils km 2, 08348 Cabrils

2 IRTA, Programa de Fruticultura, Fruitcentre, PCiTAL, Parc de Gardeny, 25003 Lleida

3 Universitat Autònoma de Barcelona, Departament de Biologia Animal, Biologia Vegetal i Ecologia, Campus UAB, 08193 Bellaterra

4 IRTA, Centre de Recerca en Agrigenòmica (CRAG), CSIC-IRTA-UAB-UB. 08193 Cerdanyola del Vallès

5 IRTA, Programa de Fruticultura, Mas Bové, Ctra. Reus-El Morell km 3,8, 43120 Constantí

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: red leaf blotch, transcriptome, *Polystigma amygdalinum*, *Prunus amygdalus*, network of co-expressed genes

Resumen:

Red leaf blotch (RLB) of almond, caused by the ascomycete *Polystigma amygdalinum*, is one of the most significant foliar diseases affecting this crop in the Mediterranean basin and Middle East



countries. Almond cultivars exhibit varying susceptibility, although the genetic and molecular bases of this differential response are not well understood. The objective of this study was to investigate the transcriptomic responses associated with disease susceptibility and tolerance to RLB in two almond cultivars: “Mardía” (highly tolerant) and “Tarraco” (highly susceptible). Transcriptomic data from symptomatic and asymptomatic leaves of both cultivars were analyzed to construct a network of co-expressed genes annotated with Gene Ontology terms. In “Tarraco”, symptomatic leaves showed significant up-regulation in phenylpropanoid biosynthesis and cell wall organization pathways, with fewer up-regulations in transcription regulation, chitin catabolism, and immune response pathways. Conversely, “Mardía” exhibited minimal differential gene expression between symptomatic and asymptomatic leaves. Comparative analysis between cultivars revealed differentially expressed genes related to energy metabolism, cellular transport, defense, and signaling. RT-qPCR validation confirmed the importance of key genes, including a subtilisin-like protease, which is one of the gene hubs within the network. This protease is up-regulated in “Tarraco” during RLB infection and plays a crucial role in the phenylpropanoid biosynthesis pathway involved in pathogen defense. These findings establish a foundation for exploring the genetic basis of RLB resistance in almond, with future research focusing on metabolomics and functional analysis to further elucidate the biochemical pathways involved in the response to RLB in almond.

Financiado por: Project grant PID2020-114468RR-C31 funded by MICIU/AEI (10.13039/501100011033). Núria Real is the recipient of an INVESTIGO 2023 postdoctoral contract (100049ID3) from the Generalitat de Catalunya.

O.69. CgEP4 encodes an effector that significantly contributes to virulence of *Colletotrichum graminicola* on maize

Pablo García-Rodríguez¹, Francisco Borja Cuevas-Fernández¹, Lucía Rodríguez-Mónaco¹, Sioly Becerra¹, Silvia Gutiérrez-Sánchez¹, Jossué Ortiz-Álvarez², Riccardo Baroncelli³, Michael R. Thon¹, Serenella A. Sukno¹

¹ University of Salamanca, Department of Microbiology and Genetics, Institute for Agribiotechnology Research (CIALE), Villamayor, Salamanca, Spain

² Programa “Investigadoras e Investigadores por México” National Council of Humanities, Sciences and Technologies (CONAHCyT), Mexico City, Mexico

³ University of Bologna, Department of Agricultural and Food Sciences (DISTAL). Bologna, Italy

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: Maize anthracnose, effector, phylogenetic analysis, maize leaf blight, maize stalk rot, knockout mutant, phenotypic characterization

Resumen:

Colletotrichum is one of the most important genera of fungal plant pathogens, causing diseases in nearly all crops worldwide. The diseases it causes can have a substantial economic and agricultural impact, affecting crop yields and food security on a global scale. *Colletotrichum*



graminicola is the causal agent of maize anthracnose. The genome of *C. graminicola* contains many genes that encode effectors, which are proteins that modulate the plant defense response to allow the establishment of infection of the host plant. Previously, we used phylogenetic and transcriptomic analyses to identify the putative effector-encoding gene, *CgEP1*. Gene deletion experiments show that loss of *CgEP1* causes a significant reduction in virulence in maize leaves. *CgEP4* is a paralog of *CgEP1* and encodes a protein composed of two alpha-helix secondary structures. Evolutionary analyses show that this gene originated from a gene duplication before the divergence of the *Graminicola* species complex. The qPCR analyses revealed that *CgEP4* is expressed during the late biotrophic stage of infection. We generated knockout mutants and complemented strains of *CgEP4* and subjected them to pathogenicity assays. The results demonstrate that *CgEP4* plays a significant role in the infection of *C. graminicola* in maize; both in leaf blight and stalk rot forms of the disease. In addition, we carried out a phenotypic characterization of the *CgEP4* null mutant, revealing a reduction in spore formation and in vitro germination, as well as decreased growth under in vitro stress conditions. These results show that *CgEP4* is important for infection and the development of the fungus. Experiments to determine the subcellular localization of *CgEP4* are underway. In summary, our findings offer valuable insights into the crucial role of *CgEP4* in the pathogenicity of *C. graminicola*, providing potential targets for the development of disease management strategies in maize crops.

Financiado por: This research was supported by Grant RTI2018-093611-B-100 and PID2021-125349NB-100 from MCIN of Spain AEI/10.13039/501100011033 and the European Regional Development Fund (ERDF).

O.70. Comparative transcriptome analysis reveals defense-related genes and pathways against *Verticillium dahliae* in wild olive.

Francisco Javier Molina-Hidalgo¹, Beatriz Mascuñano¹, Rosario Blanco-Portales¹, José Luis Caballero¹, José Luis Trapero-Casas², Rafael M. Jiménez-Díaz², Fernando Pliego-Alfaro³, José A. Mercado³, Juan Muñoz-Blanco¹

1 Department of Biochemistry and Molecular Biology, University of Cordoba, Edificio Severo Ochoa, Campus de Rabanales, E-14014 Córdoba. Spain.

2 Institute for Sustainable Agriculture, Spanish National Research Council (CSIC) and Agronomy Department, University of Córdoba. Edificio C4 Celestino Mutis. Campus de Rabanales, E-14014 Córdoba. Spain.

3 Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea “La Mayora” (IHSM-UMA-CSIC), Departamento de Botánica y Fisiología Vegetal, Universidad de Málaga, 29071 Málaga, Spain

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: Wild olive; *Olea europaea*; *Verticillium dahliae*; defoliating pathotype, rootstock, *Verticillium* wilt; transcription regulation; AP2/ERF; plant defense.



Resumen:

The use of host resistance is the most effective control method for the management of Verticillium wilt (VW) in olive, caused by *Verticillium dahliae*, which remains one of the major threats to this crop. However, most olive cultivars of agronomic interest are susceptible to *V. dahliae*. Previous research has shown that wild olive (*Olea europaea* L. subsp. *europaea* var. *sylvestris*) germplasm harbours resistance, which could be crucial for the development of resistant rootstocks and the breeding of new resistant olive cultivars. We compared the transcriptomes of uninfected stems of wild olive clones AC18 and AC15, previously shown to be highly resistant and susceptible, respectively, to a defoliating pathotype of *V. dahliae*, and the tolerant AC18 at 10 and 45 days after infection by root dip in a conidial suspension with the pathogen using a monoconidial *V. dahliae* isolate V138I representative of the defoliating pathotype. The sampling times were chosen according to the development of disease symptoms in the susceptible olive cultivar Picual, which was used as a witness control in the experiment. RNA-seq of healthy plant stems led to the identification of 1481 DEGs that showed significantly higher expression, while 1819 DEGs were downregulated in AC18 stem samples compared to AC15. 3128 DEGs and 3306 DEGs up- and down-regulated, respectively, after 10 days of infection compared to an uninfected control harvested at the same time, and 2967 DEGs and 2393 DEGs up- and down-regulated, respectively, after 45 days of infection (± 1 Log2FC and padj value - 0.05). For clustering of genes into groups based on their expression pattern, k-means clustering was used and 12 clusters were identified. GO term enrichment analysis revealed terms related to plant defence response. We highlight cluster 9, which contains genes whose expression pattern did not change between the uninfected wild clones, but showed an increase upon infection at both time points. The GO terms retrieved from this cluster were related to the regulation of metabolic processes, and the genes identified encode different families of transcription factors. Among them, we highlight two transcription factors due to their transcript abundance, and both would encode AP2/ERF transcription factors whose orthologs have been associated with resistance to *V. dahliae* in other plants. In conclusion, these data suggest that our comparative transcriptomics would allow us to identify potential targets for genetic improvement of olive tree against Verticillium wilt.

Financiado por: This work was funded by the Andalusian Regional Council (P18-RT-1933) and Fund. Torres Gutierrez. FJMh is supported by the program “Juan de la Cierva-Incorporación” (IJC2020-045526-I), funded by MCIN/AEI/10.13039/501100011033 and the European Union. “NextGenerationEU/PRTR.



Sesión Plenaria III: Gestión de enfermedades.

O.71 “Urgavona”, “Castula” e “Ilturgitana”: tres nuevas variedades resistentes a la Verticilosis del olivo

Lorenzo León¹, Raúl De la Rosa²

1 IFAPA Centro Alameda del Obispo, Córdoba

2 Instituto de Agricultura Sostenible (IAS-CSIC), Córdoba

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: aceite de oliva, cruzamientos, enfermedades, *Olea europaea* L, *Verticillium dahliae* Kleb

Resumen:

El uso de variedades resistentes es una de las medidas más recomendadas en el marco de una estrategia de control integrado de la Verticilosis del olivo. No obstante, solo un número limitado de variedades tradicionales han mostrado altos niveles de resistencia y, la mayoría de ellas, presentan algunas limitaciones agronómicas para otros caracteres de interés. En este contexto, una de las líneas de trabajo desarrolladas en el programa de mejora de olivo del IFAPA tiene como objetivo la selección de nuevas variedades que aúnen altos niveles de resistencia y adecuadas características agronómicas para la producción de aceite de oliva. Para ellos se realizaron una serie de cruzamientos entre parentales con niveles de resistencia conocida. Las plantas de semilla obtenidas se seleccionaron inicialmente por caracteres agronómicos de interés, para luego realizar una evaluación inicial de resistencia a la Verticilosis mediante ensayos de inoculación en condiciones controladas. Dichos resultados se confirmaron en ensayos en microparcelas inoculadas artificialmente y ensayos de campo en condiciones naturales, incluyendo también una evaluación completa de características agronómicas y de calidad del aceite. Como resultado de todos estos trabajos, se han seleccionado finalmente tres nuevas variedades que han mostrado altos niveles de resistencia a la enfermedad de manera consistente. Además, estas nuevas variedades cuentan con interesantes características agronómicas en cuanto a alta productividad y rendimiento graso y con aceites con características diferenciadas e interesantes perfiles sensoriales. Incluso alguna de ellas ha mostrado alta estabilidad como consecuencia de su alto contenido en ácido oleico y polifenoles. Estas nuevas variedades se han registrado como especialmente recomendables en áreas con alto riesgo de Verticilosis.

Financiado por: Financiado por el proyecto IFAPA AVA23.INV2023.016, cofinanciado al 80% por el Fondo Europeo de Desarrollo Regional (FEDER), dentro del Programa Operativo de Andalucía 2021-2027.



O.72 Extractos de granada y algarrobo como potenciales inductores de resistencia frente a la Verticilosis del olivo

Begoña I. Antón-Domínguez¹, Ana López-Moral¹, Beatriz Mascuñano², Francisco J. Molina-Hidalgo², Francisco J. Romero-Salguero³, Juan Muñoz-Blanco², Antonio Trapero¹, Carlos Trapero¹, Carlos Agustí-Brisach¹

1 Departamento de Agronomía, Universidad de Córdoba, Campus de Rabanales, Edif. C4, 14071 Córdoba

2 Departamento de Bioquímica y Biología Molecular, Universidad de Córdoba, Campus de Rabanales, Edificio Severo Ochoa, E-14014, Córdoba

3 Departamento de Química Orgánica, Instituto Químico para la Energía y el Medioambiente (IQUEMA), Facultad de Ciencias, Universidad de Córdoba, Campus de Rabanales, Edif. Marie Curie, E-14071 Córdoba

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: Bioprotección, *Ceratonia siliqua*, expresión genética, inducción de resistencia, *Olea europaea*, *Punica granatum*, *Verticillium dahliae*

Resumen:

La Verticilosis del olivo (*Olea europaea*; VO) causada por el hongo de suelo *Verticillium dahliae*, es una de las enfermedades más importantes de este cultivo. Su difícil control es debido al amplio rango de huéspedes, la alta capacidad de supervivencia del patógeno y la baja efectividad de los productos químicos. En este sentido, la bioprotección mediante extractos de plantas que puedan actuar como inductores de resistencia se plantea como una estrategia alternativa, sostenible y eficaz frente a la VO. El objetivo de este trabajo fue evaluar la efectividad de extractos de granada (*Punica granatum*) y algarrobo (*Ceratonia siliqua*) frente a la VO y determinar sus mecanismos de acción. Para ello, extractos a base de cáscara de granada y vainas y hojas de algarrobo se obtuvieron en laboratorio mediante metanol, etanol o acetato de etilo. Su efecto fue evaluado in vitro sobre el crecimiento micelial, germinación de conidios y viabilidad de microesclerocios de *V. dahliae*, así como su efecto en el progreso de la enfermedad en plantas de olivo (cv. Picual) inoculadas con *V. dahliae*. Los extractos de granada y hojas de algarrobo obtenidos con metanol o etanol redujeron significativamente la viabilidad de las estructuras del patógeno y el progreso de la enfermedad en planta cuando se aplicaron mediante riego a 3 mg/l en comparación con el control sin tratar, observándose una reducción del progreso de la enfermedad de hasta el 91,9%. En paralelo, el efecto inductor de resistencia de los extractos más efectivos (granada y hoja de algarrobo con metanol) se determinó mediante análisis de cuantificación de expresión relativa de genes marcadores de las respuestas mediadas por ácido salicílico, ácido jasmónico o ácido abscísico mediante RT-qPCR en muestras de raíces y tallos de plantas no tratadas y no inoculadas, tratadas sin inocular, no tratadas e inoculadas, y tratadas e inoculadas, recogidas en diferentes momentos tras el tratamiento y/o la inoculación. Ambos extractos indujeron la expresión de genes marcadores de las rutas del ácido salicílico y del ácido abscísico en ciertos momentos de muestreo en las plantas tratadas en comparación con el testigo sin tratar y sin inocular.

Financiado por: Ministerio de Ciencia e Innovación (proyectos PDC2021-121765-I00 VERTOLEA y PID2021-123645OA-I00 BIOLIVE), cofinanciado por Fondos FEDER de la UE. BIAD disfruta de una ayuda FPI (contrato nº PRE2020-096038). Agencia Estatal de



Investigación, Programa Severo Ochoa y María de Maeztu para Centros y Unidades de Excelencia en I+D (Ref. CEX2019-000968-M).

O.73. Control de infecciones por *Xylella fastidiosa* en plantas de almendro mediante un péptido inhibidor de la motilidad

Luis Moll¹, Núria Giralt¹, Sergi Llanet-Ferrer², Marta Planas², Lidia Feliu², Leonardo De La Fuente³, Emilio Montesinos¹, Anna Bonaterra¹, Esther Badosa¹

1 Laboratorio de Patología Vegetal, Instituto de Tecnología Agroalimentaria-CIDSAV, Universidad de Girona

2 LIPPSO, Departamento de Química, Universidad de Girona

3 Department of Entomology and Plant Pathology, Auburn University

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: *Xylella fastidiosa*, inhibición motilidad, twitching, almendro, péptidos, BP100, pili tipo IV, *Prunus dulcis*

Resumen:

Xylella fastidiosa representa una amenaza para la agricultura global, siendo uno de los principales patógenos de cuarentena en la Unión Europea [1]. Afecta a cultivos de importancia económica como el almendro (*Prunus dulcis*) y no se dispone de estrategias eficaces para curar las plantas infectadas [2]. Uno de los factores clave de la patogenicidad de *X. fastidiosa* es su capacidad de colonización del xilema de la planta mediante el movimiento por *twitching* a través de pilis de tipo IV. Diversos estudios han demostrado que los péptidos bactericidas y elicitores de defensas son una herramienta prometedora para el control de las enfermedades causadas por *X. fastidiosa*, pero no se ha estudiado el efecto de péptidos inhibidores de la motilidad del patógeno [3].

En este estudio se evaluó la actividad de una colección de péptidos sobre la motilidad por *twitching* de *X. fastidiosa*. Inicialmente, se determinó la capacidad de motilidad de varias cepas de *X. fastidiosa*, de diversas procedencias, y se seleccionó la cepa Temecula L, cuya formación de *fringe* alrededor de la colonia y su movimiento en cámaras microfluídicas eran adecuados para el estudio. Del conjunto de péptidos, BP100 mostró la mayor inhibición de la motilidad de *X. fastidiosa*, aunque no se observó que la estructura y número de pilis de tipo IV estuviera afectada, mediante microscopía electrónica de transmisión. Además, tampoco se observó efecto del péptido sobre el crecimiento de la bacteria a las concentraciones probadas. A continuación, BP100 se aplicó mediante endoterapia en plantas de almendro infectadas por *X. fastidiosa* y se evaluó su efecto en el control de la enfermedad. BP100 causó una reducción de la severidad de la enfermedad de un 71% a los 82 días post-inoculación. Además, se determinó un aumento de los niveles de clorofila y una disminución de los niveles de flavonoles y antocianina en comparación con el control no tratado e infectado. Por otra parte, se examinó el xilema mediante microscopía electrónica de rastreo y se observó que el péptido tenía un efecto protector, apreciándose un aspecto del tejido similar al del control no inoculado y con menos vasos afectados por el patógeno. Los resultados indican que BP100 produce un efecto protector significativo en almendros contra



las infecciones por *X. fastidiosa* mayoritariamente por la inhibición de la motilidad. Actualmente, se está determinando el mecanismo de acción del péptido mediante técnicas *in silico* de dinámicas moleculares y estudios transcriptómicos.

[1] Sánchez, B., et al., 2019, Publications Office of the European Union

[2] Baró, A., et al., 2021, *Phytopathology*, 111, 1994-2001

[3] Moll, L. & Baró, A., et al., 2022 *Phytopathology*, 112, 1907-1916

Financiado por: Este estudio fue financiado por la CE (BeXyL; ref. 101060593) y por el MCIU/AEI y el EU FEDER (Ref. TED2021-130110B-C43, PID2022-140040OB-C21 y C22). L. Moll recibió una beca de investigación del MCIU (Ref. FPU19/01434 y EST22/00007).

O.74. Uso de aptámeros de ADN para controlar *Botrytis cinerea* como estrategia novedosa en agricultura

Alba López-Laguna^{1,2}, Álvaro Polonio^{1,2}, Laura Ruiz-Jiménez^{1,2}, Alejandra Vielba-Fernández^{1,2}, Yandira Morales^{1,2}, Alejandro Pérez-García^{1,2}, Dolores Fernández-Ortuño^{1,2}

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

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

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: Aptámero, *Botrytis cinerea*, control, biofungicida, superóxido dismutasa, ROS

Resumen:

Botrytis cinerea, agente causal de la enfermedad del moho gris, es uno de los principales factores que limitan la producción de cultivos hortícolas en todo el mundo. Su control depende en gran medida del uso de fungicidas; sin embargo, este hongo ha sido categorizado por el FRAC (Comité de Acción de Resistencia a Fungicidas) como un patógeno de alto riesgo para el desarrollo de resistencias a fungicidas. A esto hay que añadir que la diversidad de fungicidas disponibles para los agricultores se reducirá en un 50% en 2030, según la estrategia de la granja a la mesa del Pacto Verde Europeo. Todas estas razones ponen de manifiesto la necesidad de nuevos avances y tecnologías para controlar esta importante enfermedad durante la cosecha y la postcosecha.

Los aptámeros son pequeñas moléculas sintéticas de ADN o ARN monocatenario que se pliegan en estructuras tridimensionales únicas, lo que les permite unirse específicamente a una molécula diana con gran estabilidad. Por ello, también se les conoce como anticuerpos químicos. En este trabajo, se han desarrollado dos aptámeros de ADN contra la proteína superóxido dismutasa de *B. cinerea* (BcSOD1). BcSOD1 está implicada en la virulencia/patogenicidad de *B. cinerea*, ya que cataliza la dismutación del ion superóxido, una especie reactiva de oxígeno (ROS) producida como sistema de defensa de la planta hospedadora. Para comprobar la eficacia de ambos aptámeros, se llevaron a cabo estudios de unión aptámero-proteína *in vitro*, ensayos de



sensibilidad y análisis de la biomasa fúngica. Los resultados mostraron que ambos aptámeros se unen *in vitro* a BcSOD1 e inhiben la germinación de esporas de *B. cinerea*. Además, se demostró que ambos eran capaces de reducir el desarrollo de la enfermedad causada por *B. cinerea* y la biomasa fúngica en hojas de tomate y frutos de manzana.

Estos resultados demuestran el potencial de los aptámeros de ADN, por primera vez en agricultura, en el control de un hongo fitopatógeno y podrían ser candidatos para ser incluidos dentro de las diferentes estrategias de control de la enfermedad del moho gris.

Financiado por: Este trabajo ha sido financiado por la ayuda al I+D+i, en el ámbito del Plan Andaluz de Investigación, Desarrollo e Innovación (PAIDI 2020). Código de proyecto: PY20_00048.

O.75. Agentes de biocontrol, microbiota y nematodos de la rizosfera de almendro (*Prunus dulcis*) infectado por nematodos nodulares (*Meloidogyne* spp.)

Ilenia Clavero-Camacho¹, Alba N. Ruiz-Cuenca², Jorge Martín-Barbarroja¹, Guillermo León-Ropero¹, Antonio Archidona-Yuste¹, Carolina Cantalapiedra-Navarrete¹, Pablo Castillo¹, Juan Emilio Palomares-Rius¹

¹ Instituto de Agricultura Sostenible-CSIC, Córdoba

² Departamento de Biología animal, Biología Vegetal y Ecología, Universidad de Jaén, Campus Las Lagunillas, Jaén

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: metabarcoding, control biológico, almendro, *Meloidogyne*

Resumen:

En los últimos años el cultivo del almendro ha experimentado una gran revolución gracias al desarrollo técnico y agronómico. Sin embargo, la expansión del cultivo desde zonas marginales en secano a suelos más fértiles con riego y manejo intensivo, puede incrementar el daño causado por nematodos parásitos de plantas (PPNs). Los nematodos noduladores de la raíz (*Meloidogyne* spp.) son uno de los géneros de nematodos más dañinos para los cultivos leñosos. Actualmente el uso de nematicidas no está permitido para los cultivos del género *Prunus*, por lo que es necesario buscar alternativas sostenibles y respetuosas con el medio ambiente, como el uso de agentes de control biológico. En un estudio previo se prospectaron las principales zonas de producción de cultivos del género *Prunus* en España y se detectó la presencia de *Meloidogyne* principalmente en el valle del Guadalquivir. Con el objetivo de estudiar la diversidad y prevalencia de agentes de biocontrol, así como analizar la microbiota asociada a portainjertos de almendro susceptibles a nematodos noduladores (GF-677), se volvieron a prospectar 6 parcelas comerciales de almendro GF-677 infectadas por *Meloidogyne* spp. Se estudiaron varios puntos de muestreo en cada parcela y diferentes densidades poblacionales de *Meloidogyne* (nº huevos/ gramos de raíz). La presencia de agentes de control biológico se estudió mediante RT-qPCR con cebadores específicos,



mediante la secuenciación masiva (Illumina) de las comunidades bacterianas y fúngicas en el rizoplasma (suelo íntimamente asociado a la raíz) y suelo de la rizosfera, así como evaluando el parasitismo mediante la siembra de huevos de *Meloidogyne* en placas con agar-agua. Las comunidades fúngicas y bacterianas se caracterizaron mediante secuenciación masiva de la región ITS2 (Internal Transcribed spacer 2) y la región V3-V4 del gen 16S ARNr respectivamente. Además, se estudió la nematofauna para conocer la presencia de nematodos depredadores y analizar la calidad de los suelos estudiados. Se detectaron hongos nematófagos parasitando huevos de *Meloidogyne* en el 56.25% de las muestras. Sin embargo, el porcentaje de huevos parasitados fue del 1 al 8%. Concretamente, los hongos aislados parasitando huevos de *Meloidogyne* fueron *Pochonia chlamydosporia*, *Purpureocillium lilacinum* y *Trichoderma asperellum*. Las plantaciones de almendro estudiadas presentaban una baja calidad del suelo mediante el estudio de la nematofauna, lo que podría explicar la baja incidencia de agentes de biocontrol. La composición de la microbiota se vio más afectada por la localización geográfica de las muestras y por el tipo de muestra estudiada (suelo y rizoplasma) que por las densidades poblacionales de *Meloidogyne*, lo que podría deberse al alto vigor del portainjertos GF-677.

Financiado por: Proyecto: Proyecto RTI2018-095925-A-100 financiado por MICIU/AEI /10.13039/501100011033/ y por FEDER Una manera de hacer Europa .

O.76. Spray-induced gene silencing (SIGS) as an effective strategy to control Pine Pitch Canker caused by *Fusarium circinatum* in forests.

huma amin¹, irene teresa bocos-asenjo¹, sandra mosquera², julio javier diez², Jonatan Niño-Sanchez²

1 Department of Plant Production and Forest Resources, Higher Technical School of Agricultural Engineering (ETSIIAA), University of Valladolid, Palencia.

2 Sustainable Forest Management Research Institute (iuFOR) Palencia

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: SIGS (spray-induced gene silencing), PPC (Pine Pitch Canker), RNAi (RNA interference), double-stranded RNAs (dsRNAs), *Fusarium circinatum*, virulence, forest pathology

Resumen:

Globalization and climate change have increased the incidence of fungal diseases in forests worldwide. The Injudicious use of chemicals to combat fungal pathogens induces fungicide-resistant pathogenic strains and leaves residual impacts on environment. Therefore, our present study aims to control forest fungal pathogens through SIGS (Spray-induced gene silencing). SIGS is based on RNA interference (RNAi), a conserved eukaryotic gene-silencing mechanism that occurs naturally in cells. The RNAi pathway is triggered by double-stranded RNA (dsRNA). In SIGS dsRNA is externally applied and modifies gene expression by the degrading homologous mRNAs and disrupting protein function. In our research, we determined that SIGS can be used to control the invasive fungal pathogen *Fusarium circinatum*, which is responsible for causing pine



pitch canker (PPC) disease in pines and other coniferous tree species. We designed dsRNA molecules produced by microbial-based double-stranded RNA (dsRNA) of genes of interest using an inducible plasmid for the dsRNA production in the HT115 *Escherichia coli* strain, which is deficient in RNaseIII, allowing dsRNA molecule preservation. dsRNA molecules targeting pathogen genes were designed that are involved in vesicle trafficking, signal transduction, and cell wall biogenesis pathways and are essential for the pathogenicity and survival of *F. circinatum*. The exogenous dsRNA application through SIGS allows the uptake of these molecules by the fungus, thus exploiting the RNAi mechanism. Successful uptake of dsRNAs by pathogen was demonstrated using fluorescein-labelled dsRNA under laser scanning confocal microscopy. The exogenous dsRNAs application on pine seedlings inoculated with *F. circinatum* inhibited fungal growth by 40%. Furthermore, we also evaluated the efficacy of frequent dsRNA applications and found that repeated applications reduced the virulence of pathogen by an additional 21% compared to a single application. Transcriptomic analysis of *F. circinatum* were also performed after the application of dsRNAs involved in targeting signal transduction genes. We identified 21 downregulated genes that can be crucial for the pathogenicity and virulence of *F. circinatum*. These downregulated genes can serve as new targets for future studies. This is the first work to describe the use of RNAi in forestry and illustrated the use of target-specific dsRNA to control *F. circinatum*. SIGS, as a novel and sustainable technology, can bring an innovative paradigm to forest pest management, as it has proven its efficacy in combating PPC disease in forests

Financiado por: PhD fellowships funded by Junta de Castilla y León (Orden EDU/1508/2020) UE, programa MSCA: Project SIGSbyBEVs: 101068728 MINECO, Líneas estratégicas. Proyecto SUPERA: PLEC2021-008076. Junta de Castilla y León, Apoyo a proyectos de investigación. VA178P23

O.77. Análisis evolutivo de la superación de la resistencia en pimiento por el virus del bronceado del tomate

Luis Rubio Miguélez¹, Ángela Martínez Fernández¹, Luis Galipienso Torregrosa¹

¹ Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias (IVIA), 46113 Moncada, Valencia

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: TSWV, Tospoviridae, Bunyavirales, evolución experimental, evolución convergente, selección, adaptación, resistance-breaking

Resumen:

El virus del bronceado del tomate (TSWV: tomato spotted wilt virus) causa graves daños en muchos cultivos hortícolas en todo el mundo. En pimiento, el mejor método para controlar la enfermedad es la introgresión del gen dominante *Tsw* en variedades comerciales que confieren resistencia contra TSWV. La resistencia ocurre porque la proteína codificada por el gen *Tsw* interacciona directa o indirectamente con la proteína codificada por el gen NSs de TSWV desencadenando una reacción de hipersensibilidad en el lugar de entrada del virus limitando la



dispersión del virus a otras partes de la planta. En este trabajo se determinó la secuencia nucleotídica completa del gen *Nss* de aislados españoles que superan y no superan la resistencia y se comparó con otros aislados de otros países. El análisis de estas secuencias mostró que la superación de la resistencia ha ocurrido en múltiples ocasiones de manera independiente, pero no se pudo deducir las mutaciones responsables de este salto de resistencia. Aprovechando que la resistencia conferida por el gen *Tsw* se inactiva a temperaturas mayores de 30 °C reactivándose al volver a bajar la temperatura y que TSWV puede infectar y replicarse a 35 °C, se llevó a cabo un experimento evolutivo. Tres aislados convencionales de TSWV (incapaces de infectar plantas resistentes) se inocularon mecánicamente, cada uno en cinco plantas de pimiento con el gen *Tsw*. Las plantas se mantuvieron unos días a 35 °C en una cámara de cultivo, para que el virus se replicase y obtener una población viral de gran tamaño, y se le sometió a una fuerte presión de selección al bajar la temperatura a 25 °C y actuar de nuevo la resistencia. La mayoría de las plantas mostraron necrosis sistémica y fueron usadas para inocular plantas con el gen *Tsw* incubadas a 25 °C. Por cada aislado de TSWV, solamente una planta se infectó mostrando los típicos síntomas (manchas cloróticas irregulares y enanismo) y se consideraron como aislados de TSWV capaces de superar la resistencia, generados *de novo*. Cada uno de estos nuevos aislados tenía un único cambio nucleotídico en el gen *NSs* que daba lugar a una substitución aminoacídica, siendo diferente para cada aislado. Estos aislados mantuvieron la capacidad de infectar plantas con el gen *Tsw* tras ocho pases en plantas susceptibles (sin el gen *Tsw*) y las mutaciones no revirtieron. Los resultados de este trabajo y de otros sugieren que la superación de la resistencia en pimiento con el gen *Tsw* por TSWV: i) ocurre frecuentemente, ii) se puede producir por una substitución aminoacídica en múltiples sitios de la proteína codificada por *NSs* de TSWV, iii) está favorecida por fluctuaciones entre temperaturas mayores y menores a 30 °C, y iv) es estable en ausencia de resistencia.

Financiado por: Ministerio de Ciencia e Innovación, referencia PID2021-125787OR-C31

O.78. Potencial antifúngico de extractos de subproductos del aguacate contra las podredumbres verde y ácida de los cítricos

Ricardo Lima De Souza¹, María Bernardita Pérez-Gago¹, Lluís Palou¹

¹ Laboratori de Patologia, Centre de Tecnologia Postcollita (CTP), Institut Valencià d'Investigacions Agràries (IVIA)

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: Subproductos, extractos, compuestos bioactivos, economía circular, tecnologías verdes, mandarinas, poscosecha

Resumen:

La industria agroalimentaria genera una gran cantidad de subproductos como pieles, orujos y semillas que pueden ocasionar problemas medioambientales. Así, por ejemplo, en el procesado industrial del aguacate fresco se generan habitualmente el hueso (AVS) y la corteza (APE),



representando un porcentaje alto del peso del producto. Estos subproductos son ricos en compuestos bioactivos, muchos de los cuales pueden presentar propiedades antifúngicas, lo que los convierte en una posible alternativa a los fungicidas químicos de síntesis para controlar las enfermedades fúngicas de poscosecha. La extracción de compuestos de alto valor añadido a partir de subproductos agrícolas está en consonancia con los principios de la economía circular y el Pacto Verde de la UE. En este trabajo, se realizaron extracciones mediante tecnologías verdes aplicando ultrasonidos (UAE) y extracciones asistidas por microondas (MAE) para obtener extractos de AVS y APE. Se determinó el contenido de fenoles total (TPC) y la capacidad antioxidante total (TAC) de los extractos. Su eficacia frente al crecimiento de *Penicillium digitatum* (PD) y *Geotrichum citri-aurantii* (GC), los agentes causantes de las podredumbres verde y ácida de los cítricos, respectivamente, se evaluó in vitro mediante ensayos con placas multipocillo. Los extractos seleccionados se probaron además in vivo con mandarinas Tango inoculadas artificialmente con los patógenos y la incidencia de la enfermedad se midió tras 7 días de incubación a 20 °C. Los extractos AVS y APE mostraron niveles similares de TPC y TAC con todos los métodos de extracción. Los experimentos in vitro demostraron que los extractos obtenidos por UAE y MAE de AVS y APE inhibieron más de 95% del crecimiento de PD, mientras que solo los extractos de AVS fueron efectivos frente a GC, con una inhibición del crecimiento de 100%. En los ensayos in vivo, el extracto AVS-UAE redujo la incidencia de las podredumbres verde y ácida en un 30 y 35%, respectivamente, y la severidad en un 10 y 45%, respectivamente. Estos resultados muestran que el extracto de AVS-UAE presenta potencial como alternativa no contaminante para el control de las podredumbres verde y ácida de los cítricos.

Financiado por:

Este trabajo ha sido financiado con el proyecto StopMedWaste (Programa PRIMA; NextGenerationEU/PRTR; Agencia Estatal de Investigación, PCI2020-112095) y el proyecto IVIA N° 52201, cofinanciado por el IVIA y el programa FEDER de la Generalitat Valenciana 2021-2027.



Sesiones Simultáneas 4A: Gestión de Enfermedades. Resistencia y ARNi.

O.79. Propuesta De Reglamento Ue Sobre Nuevas Técnicas Genómicas: El Potencial Para La Obtención De Variedades Resistentes.

Emilio Rodríguez-Cerezo¹, Jesus Barreiro-Hurle¹, Kevin Schneider¹

¹ European Commission, Joint Research Centre JRC

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: Edición génica, regulación, variedades resistentes, reducción plaguicidas

Resumen:

En un contexto global de aparición de nuevas plagas y enfermedades por la globalización y por el cambio climático, unido a los compromisos de reducción en el uso y riesgo de los plaguicidas, toma relevancia el impulso de la mejora genética para obtener material resistente o tolerante, base de cualquier estrategia de manejo integrado de plagas o enfermedades.

La propuesta de reglamento hecha por la Comisión Europea el 5 de Julio de 2023 , conocida comúnmente como “Reglamento sobre Nuevas Técnicas Genómicas o NGTs”, pretende facilitar el uso de la mutagénesis dirigida y la cisgénesis en agricultura. La propuesta incluye dos caminos regulatorios para las plantas obtenidas con estas técnicas (camino “NGT1” y camino “NGT2”). En esencia se consideran plantas NGT-1 aquellas que pudiesen obtenerse también por métodos de mejora convencional, según unos criterios especificados en la propuesta. Las plantas que cumplan estos criterios pasarán un proceso de verificación y deberían ser excluidas de los requisitos de la legislación OGM. Para el resto de las plantas NGT (categoría NGT2) aplican los requerimientos legales de la legislación actual de OGMs (análisis de riesgo y autorización previa a comercialización, etiquetado y trazabilidad), pero se adaptarán a los perfiles de riesgo.

La ponencia discutirá las ventajas y nuevas oportunidades que introduce el uso de la cisgénesis. Esta técnica posibilita la introgresión de genes de resistencia de forma directa y rápida en variedades de interés comercial, reduciendo los plazos necesarios en la mejora convencional para eliminar los genes y caracteres no deseados. Estos plazos pueden ser de década en ciertos cultivos. Se discutirán ejemplos de proyectos de este tipo que ya han llegado a ensayos de campo . En segundo lugar se presentarán las posibilidades de las técnicas de mutagénesis dirigida en la producción de variedades resistentes a enfermedades. Este campo es más novedoso y aunque no exento de dificultades técnicas, es una de las aplicaciones más prometedoras de las nuevas técnicas (tipo CRISPR y similares). El objetivo es la mutación dirigida (anulación o modificación muy precisa) de los llamados genes de susceptibilidad que existen en la planta huésped y son necesarios para la infección por el patógeno o de otros genes de la planta huésped que actúan como reguladores negativos de la inmunidad natural.



Ejemplos de mutagénesis dirigida basada en CRISPR ya en ensayo de campo en la Unión Europea son ensayos de mutantes de patata (resistencia a *Phytophthora*) o arroz (resistencia a *Pyricularia*). Hay proyectos ya avanzados con ensayos en invernadero para obtener mutantes de trigo con multi-resistencia a enfermedades fúngicas.

Se discutirán brevemente al final las condiciones para que el potencial de estas técnicas sea realizable (técnicas, sociales, económicas, regulatorias).

Financiado por: Joint Research Centre (JRC)

O.80. Management Of Cucurbit Powdery Mildew Using An Rnai Technology Strategy Targeting Virulence Genes

Nisrine Bakhat¹, Alejandro Jiménez Sánchez¹, Leonardo Velasco³, Alejandro Pérez García¹, Dolores Fernández Ortuño¹

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)

3 Departamento de Protección Vegetal, Centro IFAPA de Málaga

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: Powdery mildew, *Podosphaera xanthii*, Chitin-triggered immunity, RNAi, SIGS

Resumen:

Cucurbit powdery mildew, caused by *Podosphaera xanthii*, is one of the most destructive plant diseases worldwide. Currently, chemical control and the use of resistant varieties are the main approaches for disease control. However, fungicide-resistant isolates and new strains of the pathogen make its control more difficult and require the development of innovative strategies. Chitin is an important component of fungal cell walls and an effective trigger of plant immunity. Therefore, plant-pathogenic fungi have evolved virulence factors to suppress this defense response. In this study, the molecular mechanism of chitin-induced suppression through effectors implicated in the modification of chitin immunogenic oligomers (CDA) and their degradation (EWCA), were investigated for the development of novel “biofungicides”. For this, RNA interference (RNAi) technology was used, which employs double-stranded RNA (dsRNA) to inhibit the expression of the corresponding target genes. For such purpose, different studies were undertaken. Disease suppression effect was first carried out in leaf disc assays. The processing of *PxCDA*-dsRNA by the plant RNAi machinery, was examined by small RNA sequencing (sRNA-seq) of melon dsRNA sprayed but uninfected plants, showing that the dsRNA was processed into siRNAs 24 hours after spraying. The uptake of *PxCDA*-dsRNA and *PxEWCAs*-dsRNA by *P.*



xanthii was examined by confocal microscopy, showing the presence of fluorescent-dsRNAs inside the fungal spores. Gene silencing of target genes was analyzed in infiltrated cotyledons and sprayed leaves, resulting in reductions of gene expression of about 50% that correlated with similar reductions of disease symptoms. Finally, in greenhouse experiments, the use of dsRNA protected by nanoparticles showed similar values of disease reduction that were extended up to 21 dpi. These results highlight the potential of this RNAi approach as innovative and specific control tools to be incorporated into de integrated management program for cucurbit powdery mildew.

Financiado por: This work has been funded by the projects PDC2021-121373-C21 and PID2022-136240OB-C21/MCIN/AEI/10.13039/501100011033/FEDER, UE.

O.81. Pangenome-Wide Association Study Analysis Reveals Novel QTLs and Candidate Genes Controlling Wheat Powdery Mildew in Tetraploid Wheat Landraces

Javier Sánchez Martín¹, David Encalada Bustamante¹, Gonzalo Costas Fernández¹, Victoria Widrig¹

¹ Department of Microbiology and Genetics, Spanish-Portuguese Agricultural Research Center (CIALE), University of Salamanca, 37185, Salamanca, Spain

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: genetic diversity, wheat, landraces, wheat powdery mildew pathosystem, GWAS, resistance, plant-microbe interactions

Resumen:

Man-made wheat domestication and breeding led to genetic bottlenecks minimizing genetic diversity with which commercial varieties cannot cope with biotic and abiotic stresses imposed by climate change. Bread wheat landraces, a crop status between wild relative and elite cultivars display, compared to modern breeding material, higher genetic diversity likely to be important for adaptation. To exploit this untapped genetic diversity potential, we assembled a diverse collection of 750 Spanish tetraploid wheat landraces to identify sources of resistance against the wheat yield-reducing fungal disease powdery mildew caused by *Blumeria graminis* f. sp. *tritici*.

To identify novel sources of resistance, a *Kmer*-based genome-wide association study (GWAS) was conducted on the landrace panel genotyped with DArTseq technology for seedling resistance using four powdery mildew isolates with contrasting virulence spectra. We developed a pan-genome-wide association pipeline based on multiple wheat reference genomes, maximizing the chances of tagging responsible loci for mildew resistance, likely absent in a single reference genome. The association mapping detected some known *Pm* genes (e.g., *Pm1*, *Pm3b*, or *Pm4b*) but also novel regions associated with powdery mildew resistance in chromosomes 4A, 5B, and 6B.



Of note, unlike standard GWAS, our method identifies associations with structural variations and sites not present in a single reference genome. Further, it underscores the crucial role of landraces stored at genebanks as a rich source of novel genetic variation, not only for mildew resistance but also for any other agronomic trait vital for adaptation to a changing environment.

Financiado por: This work is supported by the Spanish Ministry of Science, Innovation and Universities (RYC2021-032699-I and PID2022-142651OA-I00).

O.82. Bacterial extracellular vesicles as nanocarriers for the delivery of dsRNA in the control of fungal pathogens via spray-induced gene silencing (SIGS)

Sandra Mosquera¹, Irene Teresa Bocos Asenjo², Huma Amin², Julio J Diez¹, Jonatan Niño¹

1 Department of Plant Production and Forest Resources, University of Valladolid, Spain

2 iuFOR Sustainable Forest Management Research Institute, University of Valladolid INIA, Spain

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: RNA interference, gene silencing, spray-induced gene silencing, *Fusarium circinatum*, extracellular vesicles, double-stranded RNA, Pine Pitch Canker, nanocarriers

Resumen:

The RNA interference (RNAi) technology, Spray-induced gene silencing (SIGS), is an appealing control alternative for plant pathogens. In SIGS, dsRNAs are externally applied to plants where they target pathogen genes, inducing silencing and limiting disease progression. SIGS has been proven effective with several pathosystems at the laboratory scale. However, the instability of dsRNA molecules and their reduced uptake by the targeted pathogen restrict the application of SIGS in the field. Artificial lipidic vesicles (AVs) are used to overcome these limitations since, working as nanocarriers, they protect dsRNAs and facilitate their uptake by the pathogen. However, AVs have high production costs, limiting their use during field applications. Bacteria extracellular vesicles (BEVs) are suitable alternatives to AV since they share properties with these vesicles and have inexpensive and scalable production processes as bacteria naturally produce them. We have evaluated Gram-positive and Gram-negative BEVs that can be used as nanocarriers of dsRNA targeting genes in *Fusarium circinatum* relevant to the infection. We found that these BEVs, which have distinctive lipidic compositions due to differences in the bacteria cell membranes, can be loaded with the dsRNAs and used to silence the targeted genes in the fungus. Also, we found that BEVs protect the dsRNAs from nucleases and enhance their delivery into the *F. circinatum* cells. These dsRNA-loaded EVs reduced fungal proliferation in liquid culture and *F. circinatum* symptoms progression in pine seedlings, making them a cost-effective nanocarrier alternative to AVs for controlling plant pathogens.

Financiado por: Ministerio de ciencia e innovación a través de fondos Next generation



O.83. Silenciamiento Génico Inducido por Pulverización: Claves para una implementación exitosa en el control de hongos fitopatógenos

Jonatan Niño Sánchez¹, Sandra Mosquera¹, Irene Teresa Bocos Asenjo², Huma Amin², Julio Javier Díez Casero¹

¹ Universidad de Valladolid, Palencia

² Instituto Universitario de Investigación en Gestión Forestal Sostenible, Palencia

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: Silenciamiento Génico Inducido por Pulverización, ARN de interferencia, Silenciamiento génico, ARN de doble cadena, hongos fitopatógenos, Nanotecnología

Resumen:

En los últimos años la tecnología de control basada en el ARN de interferencia (ARNi) se está estableciendo como alternativa viable a los productos fitosanitarios tradicionales en el continuo esfuerzo por controlar los hongos fitopatógenos. Entre estos métodos, el Silenciamiento Génico Inducido por Pulverización (SIGS, por sus siglas en inglés) destaca como una tecnología prometedora debido a su eficacia, su respeto por el medio ambiente, su capacidad para evitar la aparición de estirpes resistentes y su alto potencial de desarrollo. En SIGS, se aplica ARN de doble cadena (ARNdc) sobre cultivos o material vegetal, dirigido específicamente a genes cruciales para el patógeno. Esto desencadena un efecto de silenciamiento génico, que finalmente inhibe el desarrollo de la enfermedad. SIGS ha demostrado eficacia en ensayos de laboratorio contra varios patógenos fúngicos: en nuestro caso hemos obtenido buenos resultados en el control de *B. cinerea*, *S.sclerotiorum*, *V. dahliae*, *R. solani*, *F. graminearum*, *F. circinatum*, y los oomicetos *P. cinnamomi* o *P. capsici*. Sin embargo, a medida que la investigación avanza en la implementación de SIGS en condiciones de invernadero y campo, surgen nuevos desafíos, como garantizar la estabilidad de los ARNdc y su entrega efectiva a los patógenos.

En este sentido, describimos el diseño completo y los detalles necesarios para garantizar la alta eficacia de la tecnología SIGS según el patosistema. En primer lugar, se deben considerar aspectos clave para diseñar las moléculas de ARNdc, como la selección del gen diana, su función (esencial vs. virulencia), su nivel de conservación, su nivel de expresión, su tasa de recambio, su longitud y la accesibilidad de su secuencia de ARNm.

En segundo lugar, es importante el procesamiento del ARNdc, prestando especial atención a la predicción de la población de ARNsi generada, y la optimización de la selección de ARN guías efectivos por Ago, así como la predicción de efectos fuera de diana.

En tercer lugar, se debe considerar cómo se produce la absorción del ARNdc, ya sea de forma directa por el patógeno o a través de un procesamiento previo por la planta huésped

Por último, basándonos en nuestra experiencia en el uso de hidróxidos de doble capa y vesículas lipídicas, evaluamos la nanotecnología disponible, detallando aspectos como la eficiencia de SIGS; la protección del ARNdc; los costes; el nivel de carga; la estabilidad o la toxicidad, entre otros.



Este trabajo destaca las lagunas de conocimiento que requieren un mayor esfuerzo de investigación, y ayuda a investigadores iniciados en la tecnología SIGS, promoviendo su avance para el control de diversos patógenos fúngicos.

Financiado por: UE, programa MSCA: Project SIGSbyBEVs: 101068728 MINECO, Líneas estratégicas. Proyecto SUPERA: PLEC2021-008076 Junta de Castilla y León, Apoyo a proyectos de investigación. VA178P23



Sesiones Simultáneas 4B: Interacción Planta-Virus/Hongo-Virus.

O.84. Host miRNA targets enabled a counter-defense mechanism upon pathogen-inflicted silencing suppression

Luis Villar-Martín¹, Shubhada Kulkarni², Alessandro Silvestri¹, Detlef Weigel³, Klaas Vandepoele², Ignacio Rubio-Somoza¹

¹ Centre for Research in Agricultural Genomics- CRAG, Barcelona, Spain

² VIB Center for Plant Systems Biology, Ghent, Belgium.

³ Department of Molecular Biology, Max Planck Institute for Biology, Tübingen, Germany.

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: Evolution, microRNA, silencing suppressor, cell-type specific immunity, tug-of-war

Resumen:

RNA silencing is an antiviral defense mechanism in plants and animals. In turn, pathogens as different as viruses, bacteria, oomycetes and fungi produce silencing suppressors interfering with different steps of that defense mechanism as part of their infection strategy. Those distinct pathogens use different vectors and host colonizing strategies interacting with different host cell types throughout infection. The intracellular presence of silencing suppressors also interferes with other endogenous regulatory processes, including those regulated by host micro RNAs (miRNA, a subclass of small RNAs). The repertoire of plant miRNAs and their targets is cell-type specific and therefore, host cell reprogramming might differ depending on the host cells targeted by different pathogens for RNA silencing intervention.

To ascertain the role of miRNA targets in cell-type specific defenses upon silencing suppression, we first established the specific cell types targeted by two single stranded RNA (ssRNA) viral and a bacterial pathogen for silencing suppression in *Arabidopsis thaliana* leaves. Later on, we specifically induced the expression of silencing suppressors from those pathogens in those very same cell types and assayed their transcriptional reprogramming by isolating cells under direct reprogramming coupled to RNA-seq. Finally, we focused on determining the contribution of upregulated miRNA targeted transcription factors (TFs) to the overall reprogramming by leveraging ChIP- and RNA-seq approaches.

Our results show that upon pathogen-triggered RNA silencing suppression, the concerted action of miRNA targets enables a new layer of defense to cope with silencing producing pathogens. Thus, we propose that miRNAs constitute an intercellular surveillance system sensing the presence of foreign proteins that interfere with RNA silencing.

Financiado por: The work in the MoRE laboratory is funded by BFU-2014-58361-JIN (funded by MCIN/AEI/ 10.13039/501100011033 and by “ESF Investing in your future”), RYC-2015-19154 (funded by MCIN/AEI/ 10.13039/501100011033 and by “ESF Investing in your future”), RTI2018-097262-B-I00 (funded by MCIN/AEI/ 10.13039/501100011033 and by “ERDF A way of making Europe”); and through the “Severo Ochoa Programme for Centres of Excellence in



R&D” 2016-2019 (SEV-2015-0533) and 2020-2023 (CEX2019-000902-S) funded by MCIN/AEI/ 10.13039/501100011033 and the CERCA programme from the Generalitat de Catalunya. L. V-M was supported by BES-2016-076986 (funded by MCIN/AEI/ 10.13039/501100011033 and by “ESF Investing in your future”). Postdoctoral fellowship to A.S. has received funding from the European Union’s Horizon 2020 research and innovation programme under the Marie Skłodowska-Curie grant agreement No 945043.

O.85. Components of the RNA quality system machinery are involved in restraining geminivirus infection

Emmanuel Aguilar Parras¹, Carlos Martínez-Zamora¹, Rubén Repiso-Chinchilla¹, Leonardo Boiteaux², Rafael Fernández-Muñoz¹, Araceli G. Castillo¹, Eduardo R. Bejarano¹

1 Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea “La Mayora” (IHSM, UMA-CSIC), Av. Louis Pasteur, 49, 29010 Málaga, España

2 Embrapa Hortaliças, Embrapa, Brasília, DF, Brazil

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: tomato, TYLCV, begomovirus, geminivirus, DNA virus, RNA quality control, RNAi, silencing, plant resistance, ty-5

Resumen:

Geminiviruses constitute a group of DNA viruses which pose a serious threat for relevant crop plants worldwide, including species such as tomato or staple crops as cassava. Regarding tomato, the search for effective resistances and their introgression in economically relevant tomato varieties are being carried out. Genes such as *Ty-1*, *Ty-2* or *Ty-3*, which confer dominant resistances, have been introgressed in commercial tomato cultivars, but the emergence of new viral forms, the ability of viruses to overcome these resistances upon mixed infections, or the specificity of the response, which is usually directed against a particular viral strain, make it necessary to look for new strategies. In this context, a new resistance mediated by the *ty-5* gene has been analyzed. *ty-5* mediates a broad-spectrum, recessive resistance, directed against geminiviruses belonging to different genus such as tomato yellow leaf curl virus (TYLCV, *Begomovirus*) or beet curly top virus (BCTV, *Curtovirus*) (1). *ty-5* is an allele of the *Pelota* gene that is involved in the RNA quality system machinery, including the non-stop decay mechanism (NSD). NSD is responsible for the clearance of aberrant transcripts lacking stop codons, which otherwise would keep stalled ribosomes trapped, precluding their recycling and hence interfering with plant translation (2).

In our group, we analyzed the involvement of *Pelota* and other components of the RNA quality system machinery in restraining the accumulation of geminiviruses such as TYLCV. Since viral transcripts are primary targets of the RNA interference (RNAi), we explored whether the resistance observed in *ty-5* tomato plants could be related with an enhancement of the RNAi, under the hypothesis that a reduction of *Pelota* function could promote the accumulation of partially processed, aberrant transcripts that potentiate the RNAi activity (3). The results



generated highlight the role played by the RNA quality system machinery in modulating geminivirus accumulation, opening the possibility of exploiting components of this pathway as a new source of resistance against geminiviruses.

Acknowledgements:

We thank Javier Rueda and contributions from all members of the GeminiTeam IHSM.

References:

1. Viruses. 2022 Aug; 14(8): 1804. Doi: 10.3390/v14081804
2. Front. Genet. 2018 Oct 04; Sec. RNA Volume 9. Doi:10.3389/fgene.2018.00431
3. Nucleic Acids Res. 2018 May 18;46(9):4632-4648. Doi: 10.1093/nar/gky279

Financiado por: Funding: This work is supported by the Spanish Ministerio de Economía y Competitividad (grant PID2022-139376OB-C31 to E.R.B and A.G.C).

O.86 Shade modulates virus seed transmission and plant tolerance to infection

Cristina Sáez Sánchez¹, Nuria Montes Casado¹, Marisa López-Herranz¹, Israel Pagán Muñoz¹

1 Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas UPM-INIA Universidad Politécnica de Madrid, Autopista M40, km.38, Pozuelo de Alarcón, 28223, Madrid

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: cucumber mosaic virus, turnip mosaic virus, *Arabidopsis thaliana*, light, shade, tolerance, seed transmission

Resumen:

During their lifetime, plants are challenged by multiple biotic and abiotic stresses, which determine virtually every aspect of their growth and reproductive success. One of the most important biotic stresses faced by plants is virus infection, which account for many emergent plant diseases. Because plants cannot clear viruses, and these pathogens are ubiquitous in wild and human-managed ecosystems, plants are often subjected to environmental variations in the context of infection. One such environmental factor is light, essential for plant growth and development, and the main source to perform photosynthesis and guarantee plant energy requirements. Because virus presence prevents the correct functioning of plant photosystems, light intensity is expected to determine the effect of infection. Most of the experimental analyses on this subject focused on the consequences of increased light intensity, as this is a predicted consequence of climate change. In sharp contrast, very little is known on how shade and plant virus infection interact, despite that plants often grow at high densities and together with larger plants, where they compete for light.



To address this question, we used two isolates of turnip mosaic virus (TuMV) and two of cucumber mosaic virus (CMV), and 20 genotypes of their natural host *Arabidopsis thaliana* (*Arabidopsis*) as model systems. In these interactions, infection traits such as viral multiplication, virulence, plant survival, tolerance to infection and seed transmission rate were quantified in plants grown under standard light and shade conditions. Overall, viral multiplication and seed transmission rates were lower in plants grown under shade than in those grown under standard light, but virulence remained unaltered when both growing conditions were compared. Thus, virus-infected plants cultivated under shade conditions were more severely damaged per unit of pathogen, that is, they showed lower tolerance to infection than plants subjected to standard light conditions. This work represents the first analysis of its kind and provides key information about environmental factors modulating viral infections, which is central to understand the determinants of plant virus pathogenicity.

Financiado por: This work was supported by Agencia Estatal de Investigación from Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades, Spain (Plan Estatal I+D+i grant number: PID2022-141836OB-I00 to IP)

O.87. The heterologous mycovirus *Cryphonectria hypovirus 1* induces hypovirulence in *Fusarium Oxysporum* f. sp. *lycopersici*

María Carmen Cañizares¹, Ana Isabel López-Sesé¹, María Dolores García-Pedrajas¹

¹ Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea La Mayora, Algarrobo Costa, Málaga

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: Vascular pathogens, tomato *Fusarium* wilt, biological control, hypovirulence, fungal transfection

Resumen:

The *Fusarium Oxysporum* species complex includes soilborne plant pathogens that cause devastating vascular wilts in a wide variety of crops worldwide. Plant pathogenic strains of *F. oxysporum* are grouped in host-specific forms called *formae speciales*. The limitation of the available approaches to control *Fusarium* wilts calls for the development of alternative strategies. Fungal viruses (mycoviruses) that induce hypovirulence (reduced virulence) in plant pathogenic fungi are receiving increasing attention as biocontrol agents. In the present work we have used *F. oxysporum* f.sp. *lycopersici* (*Fol*) as a model to investigate the potential of using a heterologous mycovirus, *Cryphonectria hypovirus 1* (CHV1), as a biological tool for the control of *Fusarium* wilts. CHV1, the first mycovirus reported to induce hypovirulence, is widely used in Europe for the control of its natural host *Cryphonectria parasitica*, causal agent of chestnut blight. For the artificial infection of *Fol* with CHV1, fungal protoplasts were transfected with an infectious full-length cDNA clone of the mycovirus. We found that the CHV1 cDNA copy, integrated in the genome of *Fol*, efficiently induced independent replication of the mycovirus in the cytoplasm of this heterologous host cells. *Fol* strains infected with CHV1 exhibited greatly reduced virulence



and alterations in vegetative growth that varied with the growth media. The successful application of hypovirulence-inducing mycoviruses to the control of plant pathogens is dependent on their ability to spread in the natural populations of the fungus. Spores and hyphal anastomosis are the main routes of mycovirus transmission to the progeny and to other strains, respectively. We showed that CHV1 is readily transmitted by hyphal anastomosis in *Fol*, and that lack of the integrated cDNA copy of the mycovirus genome does not significantly affect its ability to replicate in this fungal species. Vertical transmission rates of CHV1 to *Fol* conidia were high but some single-spore cultures were found to have lost the mycovirus. This is the first report of CHV1 inducing strong hypovirulence in a fungal species not phylogenetically related to its natural host. Furthermore, the CHV1 - *Fol* interaction provides a model where to characterize the responses of *F. oxysporum* to mycovirus infection at the molecular level. Finally, the knowledge and tools generated through the analysis of the CHV1 - *Fol* interaction could be applied to other *formae speciales*.

Financiado por: MCIN/AEI/10.13039/501100011033 (PID2022-143320OB-100)

O.88 Análisis funcional de la proteína de la cápsida del micovirus *Botrytis virus F*

Javier Pardo-Medina¹, Julio Rodríguez-Romero¹, María A. Ayllon¹

1 Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas, Universidad Politécnica de Madrid (UPM)-Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria (INIA/CSIC), Pozuelo de Alarcón, Madrid

2 Departamento de Genética, Universidad de Sevilla, Sevilla, España

3 Departamento de Biotecnología-Biología Vegetal, Escuela Técnica Superior de Ingeniería Agronómica, Alimentaria y de Biosistemas, Universidad Politécnica de Madrid (UPM), Madrid, España

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: Micovirus; *Botrytis cinerea*; Cápsida; Replicación

Resumen:

Los micovirus son virus que infectan hongos y oomicetos. Se ha demostrado que algunos de ellos tienen un efecto negativo sobre el fenotipo y/o la virulencia de los huéspedes infectados. La inducción de hipovirulencia por parte de los micovirus los convierte en un objetivo muy atractivo para ser utilizados en estrategias de control biológico. Por tanto, la mayoría de los esfuerzos en investigación en esta área se han centrado en la identificación de micovirus y la determinación de su efecto sobre el huésped. Sin embargo, no se ha profundizado en los requerimientos de los micovirus para completar su ciclo de vida dentro de su huésped.

Botrytis virus F (BVF) es un virus de ARN de sentido positivo y simple cadena (Mycoflexivirus, Gammaflexiviridae) que infecta al hongo fitopatógeno *Botrytis cinerea*, causante del moho gris. Este hongo necrótrofo ha sido considerado el segundo patógeno más significativo de plantas, siendo capaz de infectar más de 200 cultivos, con un impacto económico enorme. El genoma de BVF contiene dos marcos abiertos de lectura (Open Reading Frame, ORF) que codifican para una ARN polimerasa dependiente de ARN (RdRp) y para una proteína de cápsida (CP).



Recientemente hemos construido un clon infeccioso de este micovirus y hemos demostrado que es capaz de infectar y transmitirse en distintas cepas de *B. cinerea*. En general no se ha observado un efecto de BVF sobre el fenotipo del hongo, excepto en una cepa infectada de forma natural con dos micovirus diferentes, cuya virulencia disminuyó significativamente después de la infección con el clon infeccioso de BVF. Existen micovirus que no codifican para una CP, y al igual que los micovirus con genoma encapsidado, son capaces de colonizar el micelio y transmitirse a otras cepas del hongo, por lo que la relevancia real de estas proteínas en el ciclo de vida del micovirus todavía no está clara.

En este trabajo, abordamos el estudio del efecto de varias mutaciones en el gen CP, utilizando un vector que contiene el clon infeccioso de BVF, para determinar si estas modificaciones afectan o no a la capacidad de BVF para replicarse o moverse dentro del hongo. La delección completa del gen de la CP eliminó la capacidad de BVF para infectar *B. cinerea*, y su sustitución por un gen de tamaño similar no fue capaz de recuperar dicha capacidad. No obstante, delecciones parciales sí permitieron mantener la replicación del virus en el hongo, lo que implica que el extremo 3 de la secuencia de nucleótidos del gen o el extremo amino terminal de la CP son vitales para la supervivencia de BVF, pero la proteína completa es prescindible.

La generación de un clon infeccioso de BVF con una versión reducida de la CP, capaz de multiplicarse en el hongo y transmitirse a otras cepas, podría ser una herramienta de control biológico más segura al disminuir potencialmente la virulencia de cepas de *B. cinerea* infectadas con otros micovirus.



Sesiones Simultáneas 4C: Control biológico hongos.

O.89 El antagonismo indirecto de los endófitos de *Fusarium Oxysporum* aislados de judía común

Virginia Casado del Castillo¹, Daniel Martín Jiménez¹, Vlad Paul Mihaila¹, Alessandro Gabrielli Garcia¹, Ernesto Pérez Benito¹, José María Díaz Mínguez¹

¹ CIALE, Univ. de Salamanca. Salamanca

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: *Fusarium Oxysporum*, endófito, fusariosis vascular, respuesta defensiva inducida, antagonismo

Resumen:

Fusarium Oxysporum es uno de los cinco hongos patógenos más importantes ocasionando importantes pérdidas anuales en cosechas de gran relevancia económica. El complejo de especies de *F. oxysporum* (FOSC) está formado por aislados con estilos de vida no patógeno (saprofítico) y patógeno (hemibiotrófico); éstos últimos son predominantemente patógenos vegetales, pero también pueden ocasionar enfermedad en animales, incluido el hombre. Se trata de un habitante habitual del suelo, lo cual dificulta su tratamiento. Las restricciones crecientes en el uso de agroquímicos que pueden reducir la biodiversidad y contaminar los recursos hídricos ha impulsado el estudio de alternativas en el tratamiento y prevención de la fusariosis vascular.

Se conoce desde hace tiempo el efecto beneficioso en muchos cultivos de ciertos aislados endofíticos de *F. oxysporum*. Sin embargo, los mecanismos mediante los cuales reducen o suprimen la enfermedad son en gran parte desconocidos. Además, el estudio genético comparado de endófitos y patógenos permitiría identificar dianas génicas selectivas para el tratamiento de cultivos con biopesticidas, por ejemplo ARNs bicatenarios. Hemos comprobado el efecto beneficioso de endófitos de *F. oxysporum* aislados de judías sanas (ABE-22), tanto en la protección frente a la fusariosis vascular como en la promoción del crecimiento vegetal en judía y tomate. Los estudios de microscopía confocal mostraron que ABE-22 coloniza la raíz, cuello de raíz e hipocotilo, si bien en menor medida que las estirpes virulentas (FOP-SP1), lo cual sugiere que el modo de acción es mediante antagonismo indirecto. Esta hipótesis se refuerza al comprobar que la respuesta defensiva orquestada por la planta difiere en las inoculaciones con ABE-22 y FOP-SP1. En ambos casos se observó incremento de la expresión de genes marcadores específicos de la respuesta mediada por ácido salicílico (PR1), si bien el incremento fue muy superior en las plantas inoculadas con FOP-SP1, sobre todo en raíz en los primeros tres días tras la inoculación. Por el contrario, ABE-22 indujo la expresión de genes implicados en la respuesta mediada por etileno (ERF1), tanto en raíz a los tres días de la inoculación como en hipocotilo a los 21 días. En cuanto a la expresión de genes fúngicos in planta, una diferencia clave entre endófito y estirpes virulentas fue la absoluta falta de expresión en ABE-22 de los genes codificadores de efectores SIX. Adicionalmente, el endófito mostró incremento de expresión de algunos genes codificadores de endo y exopoligalacturonasas.



Financiado por: Este trabajo ha sido financiado por los proyectos PID2019-110605RB-100 y PID2022-139876NB-I00 (MCIN/AEI/ 10.13039/501100011033). VPM es beneficiario de una beca FPI (proyecto PID2022-139876NB-I00). AGG es beneficiario de una beca como investigador predoctoral de la Junta de Castilla y León (Convocatoria 2022).

O.90. Dinámica de interacción e internalización de la proteína antifúngica PeAfpA

Moisés Giner-Llorca¹, Carolina Ropero-Pérez¹, Sandra Garrigues¹, Paloma Manzanares¹, Jose F. Marcos¹

¹ Instituto de Agroquímica y Tecnología de Alimentos IATA-CSIC

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: Proteínas antifúngicas (AFPs), biofungicidas, *Penicillium digitatum*, especies reactivas de oxígeno (ROS), permeabilización celular, melanina

Resumen:

Los hongos fitopatógenos amenazan la producción agraria mundial y su control se basa fundamentalmente en la aplicación de fungicidas químicos, los cuales están perdiendo eficacia por la alarmante aparición de cepas resistentes. Las proteínas antifúngicas (AFPs) producidas por determinados hongos filamentosos tienen una potente actividad antifúngica específica de hongos y son una alternativa prometedora para el desarrollo de nuevos biofungicidas. Las AFPs son proteínas pequeñas, catiónicas, muy estables, ricas en cisteínas y secretadas por los hongos productores. Sin embargo, su mecanismo de acción no se conoce con detalle. El objetivo de este trabajo fue caracterizar la interacción y el modo de acción de la proteína antifúngica PeAfpA, producida de forma natural por *Penicillium expansum*, frente al patógeno de frutos cítricos *Penicillium digitatum* mediante estudios de biología celular. La capacidad de permeabilización celular se correlaciona con la actividad antifúngica de PeAfpA, aunque no explica las diferencias de actividad con la previamente caracterizada PdAfpB de *P. digitatum*. El tratamiento con PeAfpA no induce la producción de especies reactivas de oxígeno en *P. digitatum*, a diferencia de PdAfpB. Los experimentos de microscopía de fluorescencia confocal en vivo con PeAfpA marcada fluorescentemente mostraron una dinámica compleja de interacción e internalización celular con distintos morfotipos de *P. digitatum* (conidios quiescentes, conidios hinchados, germínulas e hifas maduras). PeAfpA se une a la pared celular de conidios quiescentes con una eficacia significativamente mayor que PdAfpB. La unión de PeAfpA a la pared de conidios no es uniforme, sino que mostró un patrón puntuado característico y diferente al observado en el resto de morfotipos. Dicho patrón puntuado depende de genes de la ruta de biosíntesis de melanina y desaparece progresivamente durante la germinación. En conidios hinchados y germínulas, PeAfpA permanece en la pared celular distribuida uniformemente pero no se internaliza. En la hifa madura, PeAfpA interacciona primero con la pared celular y seguidamente se internaliza. Esta internalización se produce preferentemente a través del extremo en crecimiento de las hifas



maduras, causando una notable vacuolización y precediendo a la muerte celular. La internalización de PeAfpA no sigue un proceso endocítico ya que no colocaliza con marcadores de endocitosis y se retrasa pero no se bloquea completamente con la inhibición de la biosíntesis de ATP. Estos resultados arrojan luz sobre el modo de acción de la prometedora proteína antifúngica PeAfpA, allanando el camino para el desarrollo de nuevos biofungicidas.

Financiado por: Proyecto PID2021-125858OB-100 a PM y JFM, Programa de Excelencia Severo Ochoa CEX2021-001189-S, Proyecto de Incorporación Juan de la Cierva IJC2020-042749-I a SG y contrato predoctoral FPU19/02066 a MG-L, financiados por el MICINN (Gobierno de España); contrato predoctoral ACIF 2021/364 a CR-P financiado por la Conselleria d'Educació (Generalitat Valenciana).

O.91. Modulación de las defensas del maíz por el hongo endófito beneficioso *Colletotrichum tofieldiae*

Carlos González-Sanz^{1,2}, Sandra Díaz-González¹, Sara González-Bodí^{1,2}, Soledad Sacristán^{1,2}

1 Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas (CBGP), Universidad Politécnica de Madrid (UPM) Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria (INIA) Campus Montegancedo UPM, 28

2 Departamento de Biotecnología-Biología Vegetal, Escuela Técnica Superior de Ingeniería Agronómica, Alimentaria y de Biosistemas, Universidad Politécnica de Madrid (UPM), 28040 Madrid, Spain

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: hongo endofito, maíz, *Colletotrichum*, *Arabidopsis thaliana*, indol-glucosinolatos, transcriptoma, benzoxazinoides, terpenoides, Brassicaceae, Poaceae

Resumen:

Los hongos endófitos son un grupo diverso de hongos que colonizan los tejidos internos de las plantas sin causar síntomas de enfermedad. Muchos hongos endófitos son beneficiosos, con funciones como la promoción del crecimiento vegetal, el aumento de la tolerancia a estrés de la planta huésped o su protección frente a patógenos. Sin embargo, todavía faltan estudios que expliquen en profundidad los mecanismos de interacción de los hongos endófitos con la planta huésped. *Colletotrichum tofieldiae* (Ct) es un hongo endófito aislado de una población silvestre de *Arabidopsis thaliana* (Brassicaceae). Ct coloniza la raíz de *Arabidopsis* y transfiere fósforo a la planta, promoviendo su crecimiento. Esta interacción beneficiosa depende de la presencia en la planta de indol-glucosinolatos, compuestos derivados del indol relacionados con la defensa de las brasicáceas que no están presentes en otras especies vegetales.

Recientemente hemos demostrado que Ct es capaz de colonizar y promover el crecimiento del maíz (Poaceae). Para desentrañar los mecanismos moleculares involucrados en la interacción de Ct con este huésped, hemos analizado el transcriptoma de raíces y hojas de plántulas de maíz en diferentes momentos post-inoculación. Nuestros resultados han revelado el papel de los



benzoxazinoides, metabolitos indólicos de defensa típicos de las poáceas, en la interacción de Ct con el maíz. Estos resultados sugieren que la interacción de Ct con huéspedes distantes puede seguir patrones análogos que dependen de la regulación de metabolitos secundarios derivados del indol involucrados en la defensa de la planta. Ct también induce en maíz las rutas de síntesis de terpenoides y la expresión de proteínas PR, observándose una disminución de patógenos en el grano de la planta al final del ciclo de esta.

Financiado por: Esta investigación es parte del proyecto de I+D+i PID2021-123697OB-I00 (IP S.S) financiado por el MCIN/AEI/10.13039/501100011033/ y “FEDER Una manera de hacer Europa”. C.G.-S ha sido financiado por la ayuda PEJ-2020-AI/BIO-19580 de la Comunidad de Madrid y el Fondo Social Europeo FSE”+, y está actualmente financiado por las ayudas PRE2022-103983 and CEX2020-000999-S-20-3 del MCIN/AEI/10.13039/501100011033 y “ESF Investing in your future”. S.D.-G ha sido financiada por una ayuda para contratos para Doctorados industriales DI-15-0790 y una ayuda Margarita Salas (RD 289/2021) del (MCIN/AEI/10.13039/501100011033) y la Unión Europea “ NextGeneration/PRTR. S.G.-B. ha sido financiada por el proyecto PTA2021-020636-I del MCIN/AEI/ 10.13039/501100011033) y el Fondo Social Europeo FSE”+.

O.92. Levaduras como potenciales agentes de biocontrol frente a hongos fitopatógenos en plantas de *Arabidopsis thaliana*

Carlos Lucena León¹, Armando De la Fuente Carrión¹, Carlos Agustí Brisach¹, Francisco Javier Ruiz Castilla¹, María José García del Rosal¹, Jesús Sevillano Caño¹, Francisco Puerta Puerta¹, Rafael Pérez Vicente¹, José Ramos Ruiz¹, Francisco Javier Romera Ruiz¹

¹ Universidad de Córdoba, Córdoba

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: *Colletotrichum godetiae*, control biológico, *Debaryomyces hansenii*, *Hansenula polymorpha*, halotolerante, termorresistente, *Verticillium dahliae*

Resumen:

Las levaduras toleran un amplio rango de condiciones ambientales y tienen un rápido crecimiento, lo que facilita su uso como agentes de control biológico (ACBs). Además, dicho control lo pueden ejercer a través de muy distintos mecanismos, como competición por nutrientes y espacio, secreción de enzimas, producción de toxinas y/o compuestos volátiles, micoparasitismo e inducción de resistencia en las plantas que colonizan. Trabajos previos del grupo de Microbiología de la UCO demostraron la capacidad como sistema de biocontrol de *Debaryomyces hansenii* (halotolerante) frente a hongos filamentosos en embutidos. Además, el departamento de Agronomía ha evidenciado que *D. hansenii* y *Hansenula polymorpha* (termorresistente) favorecen el crecimiento y desarrollo de plantas bajo circunstancias de estrés nutricional. El objetivo de nuestra investigación ha sido el de evaluar la capacidad de biocontrol de estas dos levaduras frente a los hongos fitopatógenos *Verticillium dahliae* y *Colletotrichum*



godetiae en plantas de *Arabidopsis thaliana*. La finalidad última es la posibilidad de utilizar dichas levaduras como ACBs. Para ello, se realizaron experimentos in vitro mediante cultivos duales enfrentando las dos levaduras y los dos hongos fitopatógenos indicados, así como bioensayos en plantas de *A. thaliana*. En este último caso, las plantas se cultivaron en solución nutritiva, la cual se inoculó con las levaduras; 24 h después, suspensiones de conidios de *V. dahliae* o de *C. godetiae* se inocularon en la solución nutritiva o se aplicaron por pulverización foliar. Los resultados in vitro mostraron que ninguna de las levaduras inhibió significativamente el crecimiento micelial de ninguno de los dos patógenos respecto al control. Sin embargo, *D. hansenii* redujo en más del 50 % la producción de conidios de los dos patógenos; y ambas levaduras redujeron significativamente la germinación de conidios de *C. godetiae* comparado con sus respectivos controles. A nivel molecular, tanto *D. hansenii* como *H. polymorpha* ejercieron un papel inhibitor sobre la expresión de los genes *AtACS6* y *AtACO2*, implicados en la síntesis de etileno, hormona vegetal que se induce ante situaciones de estrés en plantas. Los resultados obtenidos ponen de relieve el posible papel de biocontrol que pueden ejercer las levaduras estudiadas, pero se requiere seguir profundizando en la investigación de sus mecanismos de acción para consolidar estos resultados prometedores.

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

O.93. Bacterias del almendro como agentes de biocontrol: evaluación in vitro del antagonismo contra patógenos

Lorena Sanz¹, Isabel Coreá¹, Soledad Martos², Jordi Cabrefiga¹, Jordi Luque¹

1 Programa de Protección Vegetal Sostenible, IRTA, Ctra. de Cabrils km 2, 08348 Cabrils, España.

2 Unidad de Fisiología Vegetal, Departamento de Biología Animal, Biología Vegetal y Ecología, Facultad de Biociencias, Universitat Autònoma de Barcelona (UAB), 08193 Bellaterra, España.

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: enfermedades del almendro, control biológico, endófito, prueba in vitro, *Prunus amygdalus*

Resumen:

El almendro (*Prunus amygdalus*) es un frutal de gran importancia, ya que las almendras son el fruto seco más consumido a nivel mundial. Al igual que otros recursos agrícolas, la producción de almendra puede reducirse debido a plagas y enfermedades, principalmente patógenos fúngicos y bacterianos. En este estudio exploramos el potencial de la microbiota bacteriana del almendro para ser utilizada como agentes de control biológico contra diversas enfermedades fúngicas y bacterianas de este cultivo y otras rosáceas. Se aislaron un total de 1090 morfotipos bacterianos de muestras de almendro recolectadas en dos periodos consecutivos, 2022 y 2023, de diferentes ubicaciones, materiales vegetales y cultivares. Se realizaron ensayos *in vitro* para evaluar la



actividad antagonista de dichas cepas bacterianas contra los hongos patógenos *Colletotrichum chrysophilum*, *C. godetiae*, *Diaporthe amygdali*, *Diplodia seriata*, *Eutypa lata* y *Monilinia laxa*, además del patógeno bacteriano *Xanthomonas arboricola* pv *pruni*. Se midieron los halos de inhibición y el crecimiento relativo de las bacterias y los hongos, y se asignó una puntuación cualitativa de antagonismo para cada patógeno obteniéndose al final una puntuación global de antagonismo al sumar todas las puntuaciones. Nuestros resultados revelaron que, de las 1090 bacterias analizadas, 18 (1,7%) exhibieron el mayor grado de antagonismo frente los seis hongos patógenos, mientras que 37 (3,4%) de los aislados mostraron un rendimiento similar en la inhibición de *X. arboricola*. Además, 12 (1,1%) de las bacterias mostraron un antagonismo completo contra todos los patógenos fúngicos y bacterianos. Estos resultados demuestran la eficacia antagonista de las bacterias ensayadas y las señalan como potenciales agentes de biocontrol, lo que se podría traducirse en una alternativa prometedora y ambientalmente sostenible a los pesticidas químicos. Nuestro equipo trabaja actualmente en diversos estudios sobre la supervivencia y el rendimiento de los candidatos en condiciones de campo para confirmar la naturaleza antagonista de las bacterias seleccionadas.

Financiado por: Proyecto PID2020-114648RR-C31 financiado por MICIU/AEI (10.13039/501100011033). Lorena Sanz es beneficiaria de una beca predoctoral (PRE2021-100628) de la AEI.



Sesiones Simultáneas 5A: HTS en diagnóstico y genómica comparativa.

O.94. Detección temprana de Verticilosis de olivo con espectroscopía y algoritmos de aprendizaje automático.

María Teresa García López¹, Alberto Jesús Jiménez Valera¹, Dolores Rodríguez Jurado², Victorino Vega Macías³, Juan Carlos Hidalgo³, Carlos Camino⁴, José Antonio Jiménez Berni¹

1 AgroPhenoLab, Instituto de Agricultura Sostenible - Centro Superior de Investigaciones Científicas (IAS-CSIC), Córdoba, España

2 Laboratorio de Fitopatología, Área de Protección Vegetal Sostenible, Instituto Andaluz de Investigación y Formación Agraria (IFAPA). Centro Alameda del Obispo, Córdoba, España.

3 Área de Ingeniería y Tecnología Agroalimentarias, Instituto Andaluz de Investigación y Formación Agraria (IFAPA). Centro Alameda del Obispo, Córdoba, España.

4 Joint Research Centre (JRC), European Commission, Ispra, Italia.

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: Verticillium, patotipo defoliante, detección asintomática, modelos predictivos, machine learning.

Resumen:

La Verticilosis del olivo (VO) es una enfermedad causada por el hongo *Verticillium dahliae* (Vd) que representa un gran desafío para el cultivo a nivel mundial. La mayoría de las variedades cultivadas son susceptibles a Vd, y la enfermedad se maneja cuando los síntomas son visibles, lo cual limita la eficacia del manejo. La gestión de la enfermedad requiere una detección temprana objetiva y precisa que garantice su restricción desde las primeras etapas de desarrollo. El objetivo en nuestro trabajo fue desarrollar un método no invasivo para la detección temprana de Vd utilizando espectroscopía de hojas y algoritmos de aprendizaje automático (Machine Learning, ML) capaz de detectar la enfermedad incluso en árboles asintomáticos y con capacidad de distinguir el estrés biótico (Vd) del abiótico (sequía). Para ello, se utilizaron 45 olivos Picual de 7 años establecidos en un ensayo en Córdoba regados por goteo con el patotipo defoliante de Vd un año antes. Durante el ensayo, los árboles pre-inoculados se regaron por goteo para lograr una evapotranspiración del cultivo del 100%, mientras que los olivos control se sometieron a tres regímenes hídricos (secano, 50%, y 100% de evapotranspiración del cultivo). Cada tratamiento recibió riego superficial o subterráneo en igual número. Los árboles pre-inoculados se clasificaron según la severidad de los síntomas de VO y se recogieron datos espectrales de las hojas utilizando un espectrómetro de campo (HR-1024i, SVC) cada 2-3 semanas del 5 de julio al 10 de octubre de 2022. Los espectros foliares e índices de vegetación derivados de los espectros se utilizaron para evaluar la capacidad de detección de distintos algoritmos de ML como redes neuronales, support vector machine (SVM) o clasificadores de procesos gaussianos, entre otros. Los modelos ML basados en reflectancia discriminaron con precisión entre árboles inoculados y no inoculados, logrando una precisión general (OA) del 70-95% con un coeficiente Kappa (?) de 0,43-0,85. Los modelos ML aumentaron su OA usando índices de vegetación, en comparación con aquellos basados en espectros. Específicamente, el algoritmo gaussiano demostró un rendimiento superior, logrando una OA del 79% (?=0,57) para los espectros de reflectancia y del 95% (?=0,85) para los



índices de vegetación. Además, los modelos predictivos no mostraron falsos positivos por el efecto del estrés hídrico. Este novedoso método es una herramienta eficaz para la detección temprana de la VO en árboles asintomáticos, incluso en condiciones de estrés hídrico.

Financiado por: Trabajo financiado por el proyecto AVA2019.031 del IFAPA, cofinanciado al 80% por el fondo FEDER de Andalucía 2014-2020. El contrato de M. Teresa García López es parte de la ayuda JDC2022-048362-I, financiado por el MICIU/AEI/10.13039/501100011033 y por la Unión Europea NextGenerationEU/PRTR.

O.95. Uso de perfiles plasmídicos en la vigilancia epidemiológica de *Xylella fastidiosa* en la Comunidad Valenciana

Pilar Velasco Amo¹, Concepción Olivares García¹, Miguel Román Écija¹, Luis F. Arias Giraldo¹, David Cubillo Pérez², Montserrat Roselló³, Lourdes Rius³, Silvia Barbé⁴, Juan A. Navas Cortés¹, Blanca B. Landa¹

1 Instituto de Agricultura Sostenible (IAS), Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), Córdoba

2 Conselleria d'Agricultura, Desenvolupament Rural, Emergència Climàtica i Transició Ecològica. Direcció General d'Agricultura, Ramaderia i Pesca - Sanitat Vegetal

3 Servicio de seguridad y control de la producción agraria, Centro Dirección General de Agricultura Ganadería y Pesca, Silla, Valencia

4 Laboratorio Nacional de Referencia de Bacterias Fitopatógenas, Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias (IVIA), Moncada, Valencia

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: Zona demarcada, Xf subsp. multiplex ST6, plásmido, distribución geoespacial, condiciones climáticas, vigilancia epidemiológica.

Resumen:

En la Zona Demarcada (ZD) para *Xylella fastidiosa* (Xf) en la Comunidad Valenciana (CV), en todas las plantas infectadas e insectos vectores se ha identificado una única subespecie y secuencia tipo (ST) de Xf (Xf subsp. multiplex ST6) tras su caracterización mediante análisis multilocus de siete genes conservados (MLST). No obstante, en las cepas de Xf aisladas en este foco se han podido identificar cuatro perfiles de plásmidos distintos: cepas con dos plásmidos (pXF64-Hb_ESVL de 59 Kb y pUCLA-ESVL de 1.3 Kb), cepas con solo uno de los plásmidos anteriores (pXF64-Hb_ESVL ó pUCLA-ESVL), y cepas sin ninguno de estos plásmidos. En este trabajo se ha desarrollado un sistema para la tipificación del perfil plasmídico, basado en PCR, de las cepas de Xf presentes en muestras vegetales y de insectos que pueda ser utilizado para la vigilancia epidemiológica del brote de Xf en la CV. Para ello, se han analizado más de 1000 muestras de ADN que previamente fueron caracterizadas como positivas para Xf por qPCR, incluyendo almendros (86% de las muestras), así como más de 20 especies de plantas huésped de Xf e insectos vectores de Xf (3% de las muestras), con objeto de identificar su perfil plasmídico.



Los resultados revelaron la presencia de los cuatro perfiles plasmídicos en las cepas de Xf en la ZD, aunque con distintas frecuencias. El perfil plasmídico más común fue pXF64-Hb_ESVL(-)/pUCLA-ESVL(-) (55%), seguido por pXF64-Hb_ESVL(+)/pUCLA-ESVL(+) (24%); sin embargo, la distribución geográfica de estos perfiles varió entre municipios, con algunos perfiles más prevalentes en regiones específicas. Los análisis de patrón de distribución espacial indicaron que el genotipo pXF64-Hb_ESVL(-)/pUCLA-ESVL(-) presentaba una mayor prevalencia en el sur y el este de la ZD, mientras que pXF64-Hb_ESVL(+)/pUCLA-ESVL(+) lo hacía en el noroeste, mostrando una distribución similar a las muestras que solo presentaban el plásmido grande (pXF64-Hb_ESVL). Además, algunos perfiles de plásmidos parecen estar más adaptados a condiciones climáticas específicas dentro de esta ZD. Se requieren análisis genéticos adicionales para determinar si la distribución geográfica observada se debe a diferentes eventos de introducción para cada perfil plasmídico y una Pósterior dispersión, o si fue resultado de la introducción del genotipo pXF64-Hb_ESVL(+)/pUCLA-ESVL(+) y la Pósterior pérdida de uno o ambos plásmidos. La metodología de tipificación plasmídica desarrollada ha demostrado su utilidad en la vigilancia epidemiológica de este brote de Xf en la ZD de la CV.

Financiado por: Financiado por los proyectos BeXyl (ID 101060593, EU-Horizon Europe), PIE201840E111-CSIC; PIE202240E067-CSIC; PTI-SolXyl-CSIC, QUAL21-023 IAS

O.96. Genómica comparativa de plásmidos nativos de bacterias patógenas de plantas de la clase Gammaproteobacteria.

Miriam Urriza¹, Giulio Dimaria², Luiz Oliveira³, Vittoria Catara², Ana Beatriz Fernández¹, Jesús Murillo¹

1 IMAB, Universidad Pública de Navarra, Pamplona

2 Università degli studi di Catania, Catania

3 Universidade Federal de Viçosa, Viçosa (MG)

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: Plásmidos, *Pseudomonas syringae*, *Xanthomonas*, *Erwinia*, replicación, transferencia horizontal, movilización, resistencia, efectores de tipo III, virulencia, secuencias de inserción

Resumen:

Los plásmidos son los principales agentes que median la transferencia horizontal de genes entre procariotas. Están ampliamente distribuidos en bacterias y a menudo portan genes que participan en patogenicidad, virulencia o supervivencia. Hemos abordado la caracterización de plásmidos de bacterias fitopatógenas de la clase Gammaproteobacteria, para lo que hemos analizado los plásmidos nativos completamente secuenciados disponibles en el NCBI. Observamos una gran variabilidad en el tamaño (1.3 kb a 2.3 Mb) y en el contenido en G+C medio (24.8 - 69.1 %) no existiendo correlación entre ambas características. Hemos caracterizado 644 plásmidos de siete géneros pertenecientes a tres familias: *Enterobacteriaceae* (*Dickeya*, *Erwinia*, *Pantoea* y *Pectobacterium*), *Pseudomonadaceae* (*Pseudomonas*) y *Xanthomonadaceae* (*Xanthomonas* y



Xylella). Hemos encontrado al menos una proteína iniciadora de la replicación (Rep) completa en torno al 64 % de los plásmidos analizados. Estas proteínas se han clasificado en 15 grupos de homología, de los cuales cuatro contienen miembros presentes en las tres familias bacterianas y un grupo en dos. El grupo más común es RepA-PFP, que se encuentra en el 30 % de los plásmidos (204 Rep completas y 19 truncadas distribuidas en 194 plásmidos de las tres familias). Esto indica que existe una gran diversidad de replicones, siendo la mayoría de los tipos específicos de cada familia bacteriana, y que no hay un intercambio frecuente entre familias. Adicionalmente, encontramos dos o más replicones en un 13.5 % de los plásmidos, la mayoría de los cuales parecen provenir de fusiones de plásmidos. En torno al 10 % de los plásmidos podrían ser movilizables ya que contienen secuencias homólogas a dos orígenes de transferencia conjugativa (*oriT*) de los plásmidos pB y pC de *Ps. pv savastanoi* NCPPB 3335, cuya funcionalidad se ha demostrado. Se han identificado secuencias codificantes (CDSs) anotadas como efectores del sistema de secreción de tipo III en el 48.6 % y 38.3 % de los plásmidos de *Pseudomonas* y *Xanthomonas*, respectivamente, así como genes de resistencia a metales pesados y a antibióticos en el 5 % de plásmidos de *Erwinia*, 5.6 % de *Pantoea*, 10 % de *Pseudomonas* y 6.6 % de *Xanthomonas*. Cerca del 68 % de los plásmidos contienen al menos un tipo de secuencia de inserción (IS).

Financiado por: Financiado por la subvención PID2020-115177RB-C22 / AEI/10.13039/501100011033 (Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades, España, cofinanciado by FEDER).

O.97. Chromosomal dynamics as a source of genomic plasticity in the soil-borne pathogen *Fusarium Oxysporum*

Lucia Gomez Gil¹, Cristina Lopez Diaz¹, Dilay Hazan Ayhan², M^a Victoria Aguilar Pontes¹, Li-Jun Ma², Antonio Di Pietro¹

¹ Department of Genetics, University of Córdoba, Córdoba, Spain

² Department of Biochemistry & Molecular Biology, University of Massachusetts Amherst, MA, USA

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: *Fusarium Oxysporum*, Fungal pathogens, Pathogenesis, Adaptive evolution, Genome plasticity, Chromosome dynamics

Resumen:

The highly dynamic nature of fungal pathogen genomes allows rapid adaptation of their lifestyle to the host species and to variable environmental conditions. The soil-borne ascomycete *Fusarium Oxysporum* causes devastating vascular wilt disease in more than 150 different crop plants. Remarkably, a single isolate *F. oxysporum* f.sp *lycopersici*, Fol428, is capable of killing tomato plants, immunodepressed mice and the model insect host *Galleria melonella*. Despite lacking a known sexual cycle, Fol4287 exhibits a remarkable genomic plasticity including dramatic changes in chromosome structure and organization. Similar to other fungal pathogens, the genome of Fol4287 is structured into two compartments, a conserved and relatively stable core genome and highly variable and dynamic accessory regions. An experimental evolution approach



involving serial passaging of this isolate through the host plant tomato as well as on plates with different media revealed recurrent large-scale copy number variations (CNVs), including chromosome duplications and losses, which affected exclusively accessory regions. Karyotype analysis by Contour-Clamped Homogeneous Electric Field (CHEF) electrophoresis and Southern blot revealed the presence of previously unrecognized duplicated genomic regions that are shared between different accessory chromosomes. Several methodologies were developed for quantitatively monitoring chromosome loss in Fol4287, both in the wild type strain and in chromatin mutants affected in histone methylation. Our results indicate that the frequency of spontaneous mitotic loss of a new accessory mini-chromosome can be as high as 1% in the near-absence of selection and that the epigenetic mark H3K9me3 may contribute to the stability of accessory regions.



Sesiones Simultáneas 5B: Patogenicidad y Resistencia.

O.98. Patogenicidad de cepas de *Xylella fastidiosa* de distintas subespecies y STs en *Nicotiana benthamiana*

Aniol Buisac¹, Beatriz Gascón¹, Laura Montesinos¹, Rosa Bohórquez¹, Emilio Montesinos¹

1 Laboratorio de Patología Vegetal-CIDSAV, Instituto de Tecnología Agroalimentaria, Universitat de Girona, Girona

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: *Xylella fastidiosa*, *Nicotiana benthamiana*, patogenicidad, dinámica poblacional, severidad de síntomas, relación dosis-efecto

Resumen:

Xylella fastidiosa (*Xf*) representa una de las principales amenazas para la agricultura a nivel mundial, causando importantes pérdidas en una gran cantidad de cultivos económicamente importantes de la región mediterránea. Debido a que las plantas huésped no presentan síntomas durante las primeras etapas de la enfermedad y al lento desarrollo de esta, que puede tardar varios meses o años, es necesario encontrar una planta modelo huésped de *Xf* que permita realizar ensayos relativamente rápidos. *Nicotiana benthamiana* ha mostrado ser un huésped modelo adecuado para dichos estudios [1].

En este trabajo, se ha estudiado la patogenicidad de 17 aislados de interés de *Xf* correspondientes a las subespecies *fastidiosa*, *multiplex* y *pauca*, y a diferentes STs (1, 6, 7, 53 y 80) utilizando plantas de *N. benthamiana*, cultivadas en maceta en invernadero de bioseguridad. La patogenicidad de cada aislado se determinó mediante el estudio de la dinámica de los niveles poblacionales y la severidad de los síntomas desarrollados a lo largo de un período de 42 días, en plantas inoculadas. La inoculación se realizó mediante microinyección con una suspensión de 10^8 UFC/mL de las diferentes cepas de *Xf*. Así mismo, se estudió la relación entre la dosis infectiva y el efecto en la planta de 3 cepas de *Xf* subsp. *pauca* y una cepa *Xf* subsp. *multiplex*, en un rango de inoculación de la cepa de 10^4 a 10^9 UFC/mL, determinando los niveles

poblacionales y la severidad a los 42 días de la inoculación. La cuantificación de los niveles poblacionales se realizó mediante PCR a tiempo real (qPCR) y la severidad se evaluó a partir de una escala de síntomas en función del estado general de la planta (decaimiento, clorosis), así como la aparición de lesiones necróticas en las hojas.

Se observaron diferencias significativas tanto en la dinámica poblacional como en la severidad de los síntomas desarrollados entre los diferentes aislados de *Xf*, mostrando un rango amplio de agresividad. Estos resultados se intentan explicar en base al genoma secuenciado de dichas cepas.

1 Baró, A., Saldarelli, P., Saponari, M., Montesinos, E., and Montesinos, L. (2022) *Nicotiana benthamiana* as a model plant host for *Xylella fastidiosa*: Control of infections by transient expression and endotherapy with a bifunctional peptide. Front. Plant Sci. 13:10614463.



Financiado por: Proyecto BeXyL (Ref. 101060593) de la Unión Europea

O.99. Performance of six *Prunus* spp. rootstocks under drought stress and co-inoculated with the root rot pathogen *Armillaria mellea* and AMF *Rhizoglyphus irregularis*

Pablo Vargas¹, Carme Biel¹, Xavier Parladé¹, Amèlia Camprubí¹, Cinta Calvet¹, Luciana Castro¹, Amaia Nogales¹

¹ IRTA Cabrils

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: *Prunus*, rootstock, root rot, arbuscular mycorrhiza fungi, *Armillaria mellea*, *Rhizoglyphus irregularis*

Resumen:

Armillaria root rot (ARR), caused mainly by *Armillaria mellea*, currently threatens peach and almond production worldwide. Additionally, current climate forecasts predict a higher incidence of drought events worldwide, including stone fruit-producing areas such as the Mediterranean basin. Even though rootstock breeding is considered the most economic and sustainable approach to manage ARR and drought stress, arbuscular mycorrhiza fungi (AMF) can also increase plant tolerance to both drought stress and several root pathogens. We tested the ability of AMF to protect *Prunus* rootstocks from ARR under normal and deficit irrigation. Six *Prunus* spp. rootstocks, among which the traditionally used GF677, Garnem and Cadaman rootstocks, as well as rootstocks from the Rootpac® series (including Rootpac R®, potentially resistant to *A. mellea*) were inoculated with the AMF *Rhizoglyphus irregularis* and challenged both with *A. mellea* infection as well as drought stress in the form of sustained deficit irrigation (50% less water compared to full irrigation) during the entire cycle.

Our findings revealed a marked variation in rootstock susceptibility to ARR, with the negative effect in terms of biomass accumulation and symptom progression of ARR on rootstocks being less pronounced under the deficit irrigation regime. Rootstock R40® was the most susceptible to the pathogen under both irrigation regimes, presenting the highest frequency of collapsed plants when inoculated with *A. mellea*. Contrastingly, Rootpac R® demonstrated exceptional tolerance, with no observed plant collapse under any irrigation condition. Hypersensitive response was observed in the collar of the Rootpac R® plants, which prevented the pathogen spread. Moreover, under both type of irrigation regimes, AMF inoculation helped R40® plants to counteract the negative effect of the pathogen on plant growth. Interestingly, Rootpac R® did not respond to mycorrhizal inoculation. Rhizosphere microbiomes are being analyzed to unveil potential changes in fungal and bacterial communities due to AMF, *A. mellea* and irrigation regimes that could be involved in the observed tolerance/susceptibility responses.



Acknowledgements: Agromillora S.A. for providing the plants for experimentation and Proyectos Estratégicos Orientados a la Transición Ecológica y a la Transición Digital- ROOTBIOME (TED2021-130185B-I00) for funding.

Financiado por: Proyectos Estratégicos Orientados a la Transición Ecológica y a la Transición Digital- ROOTBIOME (TED2021-130185B-I00) for funding.

O.100. Resistance to cucumber green mottle mosaic virus (CGMMV) in cucumber

Esperanza Gea Caballero¹, Almudena Castillo López², Jesús Abad Martín², Miguel Ángel Aranda Regules¹

1 Grupo de Patología Vegetal, Centro de Edafología y Biología Aplicada del Segura (CEBAS-CISC), Apdo. Correos 164, 30100 Espinardo (Murcia), Spain

2 Syngenta, C. Chillida, 4, 04740 Roquetas de Mar, Almería

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: CGMMV, RDR1, genetic resistance, tobamovirus, cucumber, mixed infection.

Resumen:

Cucumber cultivation has great economic relevance both nationally and internationally. Virus diseases are limiting factors in cucurbit production worldwide. Specifically, cucumber green mottle mosaic virus (CGMMV) is a tobamovirus inducing a disease affecting cucumber crops worldwide and causing large economic losses.

To study the variability of CGMMV in the southeast of Spain, partial genome sequences were obtained from isolates collected between 2017 and 2020 from cucumber crops. Phylogenetic analyses showed that they grouped in two major clusters (Asian- and European-like CGMMV isolates) that coexisted in the same area, crop and even plants. A predominance of the Asian type was observed, and the results suggested a shift in the prevalence of types in association with changes in environmental conditions.

To evaluate the impact of environmental conditions on virus fitness, the accumulation and symptom expression of isolates of these two strains were assessed in two cucumber cultivars (resistant and susceptible) under both summer and winter conditions. An in planta antagonistic interaction was detected between an isolate of the Asian (AS) type and an isolate of the European (EU) type, in which the accumulation of CGMMV-EU was suppressed during the mixed infection. For CGMMV-EU, no significant changes were observed with variations in environmental conditions. Conversely, for CGMMV-AS, cold conditions appeared to promote its accumulation in the resistant genotype, whereas warm conditions favoured its accumulation in the susceptible genotype.

Sources of genetic resistance to CGMMV have been described, and genes encoding type 1 RNA-dependent RNA polymerases (RDRs) seem to be the most likely candidates responsible for the



resistance (Leibman et al., 2018). Specifically, a RDR1a/1b gene duplication could be related to CGMMV resistance. In order to confirm if the genetic dose of RDR1a/1b associates with CGMMV resistance, we determined the number of copies and the expression levels of RDR1a and RDR1b in symptomatic and asymptomatic CGMMV infected cucumber plants from susceptible and resistant cultivars, as well as viral accumulation. An inverse correlation was found between viral accumulation and the presence of the duplication of the candidate genes, and a positive correlation was identified between duplication and RDR 1b expression. Therefore, increased expression of RDR 1b seems to associate with CGMMV resistance in cucumber.

Leibman, D., Kravchik, M., Wolf, D., Haviv, S., Weissberg, M., Ophir, R., ... & Gal'On, A. (2018). Differential expression of cucumber RNA dependent RNA polymerase 1 genes during antiviral defence and resistance. *Molecular plant pathology*, 19(2), 300-312.

Financiado por: CSIC

O.101. ¿Qué es la Tolerancia?: Mecanismos genéticos y moleculares

Laura Elvira González¹, Todd Blevins¹, Valérie Schurdi-Levraud², Manfred Heinlein¹

1 Instituto de biología molecular de plantas, IBMP-CNRS, Strasbourg, Francia

2 INRAE, Bordeaux, France

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: TMV, ORMV, Tolerancia inducida, Tolerancia, Tobamovirus, Silenciamiento de ARN, secuenciación de ARN

Resumen:

En la naturaleza, las plantas silvestres son altamente tolerantes a virus y no desarrollan síntomas de enfermedad, al contrario de lo que ocurre en cultivos de importancia agroalimentaria. Esta tolerancia es un mecanismo de defensa, al igual que la resistencia. Sin embargo, la resistencia es el proceso por el cual el hospedador tiene la habilidad de limitar la acumulación viral, mientras que la tolerancia es el proceso por el cual el hospedador tiene la habilidad de controlar el efecto negativo producido por la infección, sin impactar en la acumulación viral.

Algunas accesiones de *Arabidopsis thaliana* (Col-0) son tolerantes al Tobacco mosaic virus (TMV) mientras que otras accesiones (Sha) desarrollan síntomas de enfermedad. En cambio, plantas infectadas con Oilseed rape mosaic virus (ORMV), un virus del género Tobamovirus y relacionado con TMV, desarrollan fuertes síntomas de infección tanto en plantas de la accesión Col-0 como en Sha. Sin embargo, tras la aparición de los síntomas iniciales, las plantas infectadas con ORMV son capaces de recuperarse de los síntomas, produciendo nuevas hojas sanas. Curiosamente esta recuperación de los síntomas ocurre en presencia del virus y sin alterar su acumulación viral, alcanzando un estado de "tolerancia inducida" (misma acumulación viral en las hojas con síntomas y sin síntomas).



Esta tolerancia inducida observada en plantas Col-0 infectadas con ORMV ha demostrado ser dependiente de componentes de la ruta de silenciamiento génico transcripcional (TGS) y postranscripcional (PTGS). Además, esta tolerancia inducida está limitada fisiológicamente a los tejidos sumidero o de reserva, y se correlaciona con la pérdida de actividad del supresor de silenciamiento génico viral (VSR) en estos tejidos. Teniendo en cuenta que el VSR de los tobamovirus interfiere con la ruta de silenciamiento de ARN secuestrando pequeños RNAs (siRNAs) e inhibiendo el ensamblaje del complejo RISC, proponemos que la recuperación en las nuevas hojas de la planta ocurre por saturación del VSR con siRNA móviles producidos a partir de la planta y el virus, y que provienen del tejido altamente sintomático.

Usando análisis de secuenciación de ARN (RNAseq) para determinar los perfiles de siRNA en tejidos con síntomas y tejidos recuperados en Col-0, así como, en tejidos con síntomas y tejidos que no son capaces de recuperarse (mutantes *nrp1* y *clsy*), queremos identificar los siRNAs que contribuyen a la tolerancia inducida e identificar los genes de los que provienen.

Financiado por: Financiado por la Agencia Nacional de Investigación Francesa (ANR).



Sesiones Simultáneas 5C: Otras.

O.102. Modelo experimental para el aislamiento y selección de hongos endófitos entomopatógenos para el control de plagas en el bosque mediterráneo (ensayo sobre *T.molitor*).

Alvaro Benito Delgado¹, Sergio Díez Hermano¹, Julio Díez Casero¹

¹ Universidad de Valladolid

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: Hongos entomopatógenos, *Lecanicillium lecanii*, hongos endofíticos, biopesticida, hongos autóctonos.

Resumen:

En este estudio, se describe un método para buscar y evaluar hongos endófitos entomopatógenos con el objetivo de controlar plagas forestales. Se utilizó el insecto *Tenebrio molitor* como modelo para evaluar la capacidad patogénica de los hongos encontrados. Los hongos endófitos fueron aislados de tejidos de diferentes especies arbóreas, como *Quercus ilex*, *Quercus pyrenaica*, *Quercus suber* y *Castanea sativa*, y luego probados en *T. molitor*. Se encontró la presencia de *Lecanicillium lecanii* en los tejidos de *Quercus ilex*, *Quercus pyrenaica* y *Quercus suber*. Al comparar con *Beauveria pseudobassiana*, se observó que *Lecanicillium lecanii* causó una mortalidad del 100% en *T. molitor*, con un tiempo letal medio (TL50) de 14 días, mientras que *Beauveria pseudobassiana* presentó un TL50 de 8 días con la misma tasa de mortalidad. Estos resultados sugieren que *Lecanicillium lecanii* podría ser una opción efectiva para el control de plagas en el contexto de la Gestión Integrada de Plagas (GIP).

Financiado por: Este trabajo ha sido financiado por el proyecto LIFE MYCORESTORE «Uso innovador de los recursos micológicos para un bosque mediterráneo resiliente y productivo amenazado por el cambio climático, LIFE18 CCA/ES/001110».

O.103 Nanotecnología aplicada a la gestión sostenible de *Botrytis cinerea* en viticultura

Eva Sánchez Hernández¹, J. García Martín², Alberto Santiago-Aliste¹, Jesús Martín-Gil¹, Pablo Martín-Ramos¹

¹ Dpto. Ingeniería Agrícola y Forestal, ETSIIAA, Universidad de Valladolid, España

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: Biopolímeros, *Botrytis cinerea*, nanotecnología, productos naturales, viticultura sostenible



Resumen:

El hongo *Botrytis cinerea* afecta a una amplia gama de cultivos. Es la principal causa de la podredumbre gris en los viñedos, cuya gestión es un reto importante para la industria vitivinícola debido a las pérdidas que produce en el rendimiento y calidad de las cosechas. Actualmente, los fungicidas químicos son el principal método de control. Sin embargo, el desarrollo de resistencias en las poblaciones del patógeno, la toxicidad de los productos químicos para la salud humana y el medio ambiente, así como la necesidad de comercializar vinos residuo cero, exigen la búsqueda y aplicación de métodos alternativos. Una estrategia es el uso de productos naturales bioactivos (PNBs) que inhiban el crecimiento y la reproducción del patógeno. Sin embargo, la aplicación de estos PNBs en condiciones de campo es difícil, por sus problemas de labilidad, solubilidad y falta de especificidad. La nanoencapsulación puede maximizar la eficacia de los PNBs, pero la síntesis y el uso de nanotransportadores (NCs) para su administración plantea retos científicos y técnicos que requieren un abordaje multidisciplinar. Esta comunicación expone la síntesis de nuevos NCs biopoliméricos como plataforma no tóxica y ecológica para vehicular y liberar de forma controlada PNBs para la protección de la vid frente a *B. cinerea*, sin un impacto negativo en la calidad del vino.

Financiado por: Esta investigación ha sido financiada por la Junta de Castilla y León en el marco del proyecto VA148P23, con cofinanciación FEDER.

O.104. La secuenciación híbrida de los genomas de *Penicillium rubens* revela la presencia de Numts en el ADN nuclear y la ausencia de genes específicos para el biocontrol

Elena Requena¹, Javier Veloso², Paloma Melgarejo¹, Eduardo Antonio Espeso³, Inmaculada Larena¹

1 Grupo Hongos Fitopatógenos, Departamento de Protección Vegetal, Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria, Consejo Superior de Investigaciones Científicas (INIA-CSIC)

2 Departamento de Biología Funcional, Escuela Politécnica Superior de Ingeniería, Universidad de Santiago de Compostela

3 Laboratorio de Biología Celular de Aspergillus, Departamento de Biología Celular y Molecular, Centro de Investigaciones Biológicas Margarita Salas- CSIC

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: *Penicillium rubens*, PO212, Biocontrol, PacBio, Numts

Resumen:

La definición de las bases genéticas de un determinado proceso biológico se ve favorecida por el constante crecimiento de las bases de datos genómicos y la mejora de la secuenciación genómica. La obtención de genomas secuenciados con la tecnología PacBio, hace más asequible el estudio de la organización genómica, así como las regiones repetitivas y elementos transponibles en los genomas.



PO212 es una cepa de biocontrol capaz de reducir la marchitez vascular del tomate causada por el hongo fitopatógeno *Fusarium Oxysporum* f.sp. *lycopersici*. Sin embargo, la cepa S27 no muestra dicha capacidad de biocontrol. La secuenciación híbrida mediante la combinación de las tecnologías PacBio e Illumina nos ha permitido re-secuenciar los genomas de ambos aislados, y obtener unos ensamblajes organizados en 13 scaffolds. Estos nuevos ensamblajes han desvelado la presencia de dos regiones de genoma mitocondrial insertados en el genoma nuclear (Numts) de estas cepas, siendo la primera vez que se describen en el género *Penicillium*. La organización genómica entre estos dos aislados con fenotipo tan distinto en la capacidad de biocontrol, es altamente conservada. Se observan algunos reordenamientos génicos en análisis de sintenia que serán analizados en profundidad, así como los elementos repetitivos. Estas posibles reorganizaciones y presencia de elementos transponibles podrían estar afectando a la expresión de genes de interés relacionados con el biocontrol de PO212. Se discutirá la implicación de las diferencias encontradas con la eficacia de biocontrol de PO212.

Financiado por: Investigación subvencionada por el Proyecto RTA2017-00019-C03-01 de El Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades (MCIU, España) y PID2021-123594OR-C21 de El Ministerio de Ciencia e Innovación (MCIN, España), Agencia Estatal de Investigación (AEI) co-financiado con los fondos FEDER de la Unión Europea. E. Requena recibió una beca de El Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades (España).

O.105. Responsabilidad Civil de los Asesores de Productos Fitosanitarios

José Carbonell Castelló¹, Manuel Chalud Del Corral¹

¹ Colegio Oficial de Ingenieros Agrónomos de Levante

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras clave: responsabilidad civil, productos fitosanitarios, asesores, legislación, seguros

Resumen:

La responsabilidad de los asesores de productos fitosanitarios está evolucionando debido a las crecientes regulaciones y a una mayor conciencia sobre la rendición de cuentas por daños o expectativas no cumplidas. En base a esta nueva realidad, esta comunicación analiza las obligaciones legales de los asesores según el Real Decreto 1311/2012 y la Ley 43/2002 de sanidad vegetal, así como la interpretación de estas normas por parte de los tribunales de justicia en relación con las funciones y responsabilidades de los asesores fitosanitarios.

En este nuevo contexto, se puede adelantar lo que resulta obvio: que los asesores deben proporcionar información precisa sobre los riesgos y las medidas de mitigación, asegurando el cumplimiento de las dosis recomendadas y considerando alternativas menos peligrosas. Sin embargo, la claridad conceptual de estas funciones no se traduce fácilmente en una delimitación



de responsabilidades, lo que genera una considerable conflictividad que suele resolverse en los tribunales, los cuales, a golpe de sentencia, perfilan las obligaciones administrativas, civiles y penales de estos profesionales.

Esta aparente indefinición, ya que aún no se ha establecido una doctrina jurisprudencial clara que defina las funciones y, por lo tanto, las responsabilidades, tiene un efecto colateral de gran relevancia económica: la gestión de las pólizas de seguro de responsabilidad civil. Ya que, debido al desconocimiento de esta materia por parte de las compañías aseguradoras, surgen numerosos problemas en la gestión de las coberturas. Frecuentemente, los términos de las pólizas no son coherentes con los riesgos a cubrir, ya sea por desconocimiento de la actividad o por prácticas comerciales arriesgadas que fían la cobertura a interpretaciones favorables sobre las funciones del asesor.

Avanzando conclusiones, la definición de las funciones a realizar, la capacidad de abarcar los trabajos contratados, la trazabilidad de las actuaciones, la conciencia del riesgo, la actualización de los conocimientos y el cumplimiento de todas las exigencias formales resultan cruciales para acotar riesgos y, con ello, conseguir coberturas factibles.



COMUNICACIONES PÓSTER



COMUNICACIONES PÓSTER

Área: Detección y Diagnóstico

P.2 Prospección e identificación de virosis del tomate en la Región de Murcia

Modesto del Pino Pérez¹, Carmen María Lacasa Martínez¹, Antonio Monserrat Delgado¹

1 Instituto Murciano de Investigación y Desarrollo Agrario y Medioambiental

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: tomate, virosis, infecciones múltiples, Tobamovirus, ToBRFV

Resumen:

Desde su detección en 2021, el virus rugoso del tomate (ToBRFV) se ha convertido, junto a otras virosis ya existentes, en uno de los principales problemas fitosanitarios para los productores de tomate de la Región de Murcia. El conocimiento de su epidemiología, así como de su interacción con otros virus, es fundamental para el establecimiento de estrategias de control integrado de esta virosis tan dañina.

Para ello, durante las campañas 2022/23 y 2023/24 se llevó a cabo un estudio para determinar la prevalencia de los virus más comunes encontrados en parcelas comerciales de tomate de las zonas productoras de Águilas, Mazarrón y costa de Lorca. Se visitaron un total de 76 parcelas y se muestrearon 117 plantas sintomáticas que se analizaron molecularmente mediante PCR a tiempo real (RT-qPCR) con sondas TaqMan para la detección de una veintena de virus que afectan al tomate. Igualmente, se tomaron muestras en cultivos de pimiento y de especies arvenses (*Amaranthus lividus*, *Chenopodium murale*, *Nicotiana glauca*, *Solanum nigrum*, etc.) que se analizaron mediante test serológico (ELISA).

En las muestras de tomate analizadas se detectaron un total de 10 virus de los 20 virus analizados mediante RT-qPCR. Los virus más frecuentes fueron ToBRFV y las cepas chilenas (CH2) y europeas (EU) del virus del mosaico del pepino (PepMV), presentes en el 98,6%, 100,0% y 76,7% de las muestras analizadas. Los siguientes virus más relevantes fueron el virus de la clorosis del tomate (ToCV) y el virus de la mancha del fruto del tomate (ToFBV), con una incidencia del 53,4% y 23,3% de las plantas analizadas. ToBRFV se detectó formando parte habitualmente de infecciones mixtas con PepMV-CH, PepMV-EU, ToCV o ToFBV. Las infecciones triples fueron las más comunes, seguidas por las infecciones cuádruples y quintuples.

Financiado por: Financiado en un 60% por fondos FEDER y en un 40% por fondos propios de la CARM



P.3. Síndromes de decaimiento del almendro: un complejo de micosis, bacteriosis y factores abióticos

Carlos Agustí-Brisach¹, Begoña I. Antón-Domínguez¹, Ana López-Moral¹, María C. Raya¹, María Lovera², Luis F. Roca¹, Carmen Luque-Cruz¹, Octavio Arquero², Antonio Trapero¹

¹ Departamento de Agronomía, Universidad de Córdoba, Campus de Rabanales, Edif. C4, 14071 Córdoba

² Departamento de Fruticultura Mediterránea, IFAPA, Alameda del obispo s/n, 14004 Córdoba

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: bacterias, complejo de enfermedades, diagnóstico, etiología, hongos, *Prunus dulcis*

Resumen:

En los últimos años se ha descrito un complejo de enfermedades fúngicas y bacterianas causando síndromes de decaimiento de almendro en España. La hipótesis de la aparición de este complejo de enfermedades no se debe sólo a la intensificación del cultivo sino también a la baja calidad fitosanitaria del material de propagación vegetal utilizado. El principal síndrome de decaimiento observado incluye síntomas de defoliación, gomosis, decoloración interna de la madera y muerte de árboles. Se asocia con una amplia diversidad de hongos de madera pertenecientes a las familias *Botryosphaeriaceae*, *Diaporthaceae*, *Diatrypaceae* y *Togniniaceae*, siendo *Botryosphaeria dothidea*, *Diplodia corticola*, *Lasidiplodia viticola*, *Neofusicoccum mediterraneum* o *N. parvum* las especies más agresivas. Los oomicetos *Phytophthora niederhauseri* y *Phytophthora litorale* se han descrito asociados con podredumbre de la corona y muerte súbita de almendros en campos expuestos a encharcamiento. En Portugal y España se han descrito ataques graves de marchitez vascular causados por *Fusarium Oxysporum sensu stricto*. Este síndrome se observó únicamente en plantas de almendro injertadas en portainjerto Rootpac 20. Por su parte, se han observado síndromes de podredumbre del cuello asociados con *Macrophomina phaseolina*, pero su papel patogénico es incierto. Ocasionalmente se observaron síntomas del chancro espumoso. Éste se clasifica actualmente como un síndrome de etiología no identificada, probablemente asociado con bacterias pertenecientes al género *Zymononas* y factores abióticos. La amplia diversidad de síndromes y microorganismos fitopatógenos asociados a estas enfermedades revelan la dificultad de su diagnóstico y control. Comprender el efecto potencial de las interacciones bióticas y abióticas sobre la enfermedad es esencial para profundizar en el conocimiento de la epidemiología de estos síndromes y desarrollar estrategias de manejo integrado.

Financiado por: Esta investigación ha sido financiada por la Junta de Andalucía (proyectos PPTRATRA-2016.00.6, UCO-FEDER 20 REF. 1381067-R y ProyExcel_00327), cofinanciada por los fondos europeos FEDER. Agradecemos el apoyo financiero del MICINN, Agencia Estatal de Investigación de España, a través del Programa Severo Ochoa y María de Maeztu de Centros y Unidades de Excelencia en I+D (Ref. CEX2019-000968-M).



P.4. Identification of a recombinant Old World/sweepovirus begomovirus infecting *Ipomoea eriocarpa* in Sudan

Heyam Mohammed Babiker¹, Marmar A. El Siddig², Adil A. El Hussein², Jesús Navas-Castillo¹, Elvira Fiallo-Olivé¹

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

2 University of Khartoum, Khartoum, Sudan

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: begomoviruses, Geminiviridae, genetic diversity, infectious clone, *Ipomoea eriocarpa*, infectious clone, weeds

Resumen:

Begomoviruses (family *Geminiviridae*) are significant whitefly-transmitted plant viruses that infect both cultivated and wild plants worldwide. Begomoviruses infecting weeds and other wild plants are considered to impact the epidemiology of crop diseases, as they can act as alternative hosts. *Ipomoea eriocarpa* (family *Convolvulaceae*) is an annual herbaceous plant native to tropical and subtropical regions of Africa, Asia, and Australia. The leaves of this plant are consumed as a cooked vegetable in Africa and India. In Sudan, *I. eriocarpa* is widespread and frequently exhibits mosaic symptoms. Surveys for weed-infecting begomoviruses were conducted in Om Doum Island and in the Soba Al-Hilla area in Khartoum State, Sudan. DNA extracted from symptomatic and asymptomatic *I. eriocarpa* dried leaves was subjected to rolling circle amplification (RCA), followed by digestion with a set of restriction endonucleases. A DNA fragment of approximately 2.8 kbp obtained after digestion with BamHI was amplified from symptomatic samples. This DNA fragment was cloned from two of the samples. Sequencing and pairwise identity comparisons using the Sequence Demarcation Tool (SDT) indicated the presence of a monopartite begomovirus that likely belongs to a novel species. Interestingly, this begomovirus appeared to have been generated by recombination between an Old World begomovirus and a sweepovirus (i.e. begomoviruses infecting *Ipomoea* spp.). No ssDNA satellites were detected associated with this begomovirus. An agroinfectious clone was generated, and infectivity assays showed that the virus was able to infect *Nicotiana benthamiana* plants asymptotically. However, the virus did not accumulate in *Ipomoea nil*, *I. setosa*, tomato, or pepper. This is the first report of a begomovirus from *I. eriocarpa* in Sudan, highlighting the role of weeds as a source of new begomoviruses that may influence the diversity of crop-infecting begomoviruses.

Financiado por: Consejo Superior de Investigaciones Científicas - Programa i-COOP (proyecto COOPB22030).



P.5. Identificación de whitefly-associated begomovirus 7 en *Achyranthes sicula* y patogenicidad en tomate

Ismael Trujillo-Artero¹, Eduardo de la Lastra¹, Elvira Fiallo-Olivé¹, Jesús Navas-Castillo¹

¹ Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea La Mayora (IHSM-UMA-CSIC), Consejo Superior de Investigaciones Científicas, Algarrobo-Costa, Málaga

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: begomovirus, *Bemisia tabaci*, clon infectivo, Geminiviridae, mutagénesis, rango de huéspedes, transmisión

Resumen:

Durante una serie de muestreos sistemáticos para la búsqueda de infecciones por begomovirus (género *Begomovirus*, familia *Geminiviridae*) en cultivos y plantas silvestres llevados a cabo en la provincia de Málaga, se localizaron plantas de *Achyranthes sicula* (sin. *A. aspera* var. *sicula*) infectadas por un begomovirus que fue identificado como whitefly-associated begomovirus 7 (WfaBV7), un virus previamente aislado sólo de adultos de la mosca blanca *Bemisia tabaci* MED (anteriormente biotipo Q) y para el que se desconocía la planta huésped. WfaBV7 está filogenéticamente relacionado con begomovirus monopartitos que infectan tomate en varias islas del sureste de África. Se obtuvo un clon infectivo de un aislado de WfaBV7 de *A. sicula* que se agroinoculó y resultó infectivo en plantas de *Nicotiana benthamiana*, *A. sicula* y tomate. Los síntomas observados en tomate consistieron en un suave rizado foliar y una importante reducción de la producción de frutos. En *N. benthamiana*, WfaBV7 fue capaz de actuar como virus ayudante de sweet potato leaf curl *Deltasatellite* 1, observándose que la presencia del deltasatélite no modificó los síntomas virales. Es interesante señalar que todos los ensayos de transmisión del virus entre plantas de tomate utilizando *B. tabaci* MED, MEAM1 y SSA2 (anteriormente biotipos Q, B y S, respectivamente) como vector fueron infructuosos. Cuando se comparó la secuencia nucleotídica del gen codificante para la proteína de la cápsida (CP) de todos los aislados de WfaBV7, incluidos los secuenciados en este trabajo, se observó la presencia de un triplete de nucleótidos no presente en el gen que codifica para la CP de los begomovirus relacionados filogenéticamente. Se conoce que la CP está involucrada en la transmisión por vectores de los begomovirus por lo que se decidió determinar si la presencia del aminoácido extra codificado por este triplete de nucleótidos pudiera estar relacionada con la no transmisibilidad del virus por mosca blanca. Para ello, se generó un clon infectivo en el que se delecionó dicho triplete. Se discutirán los resultados de los ensayos de transmisión llevados a cabo con el mutante de WfaBV7 generado. En resumen, este estudio identifica a *A. sicula* como uno de los huéspedes naturales del begomovirus WfaBV7. Además, este hallazgo subraya la importancia que las infecciones virales en plantas silvestres pueden suponer en el mantenimiento de virus patógenos para cultivos de importancia económica, en este caso el tomate.

Financiado por: Unión Europea - Programa Horizonte 2020 (proyecto VIRTIGATION, 101000570). Ministerio de Ciencia e Innovación / FEDER (PID2021-128445OA-I00/AEI/10.13039/501100011033).



P.6. Evaluación de técnicas de PCR para la detección de *Rhizobium radiobacter* (syn. *Agrobacterium tumefaciens*)

Gemma Roselló¹, Beatriz Gascón¹, María Dolores Jiménez¹, Emilio Montesinos¹, Laura Montesinos¹

1 Laboratorio de Patología Vegetal-CIDSAV, Instituto de Tecnología Agroalimentaria, Universitat de Girona, Girona

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: *Agrobacterium tumefaciens*, detección, PCR, especificidad, sensibilidad, qPCR

Resumen:

Agrobacterium tumefaciens es una de las especies más importantes del género *Agrobacterium* que induce la formación de tumores en el cuello y raíces de la mayoría de plantas dicotiledóneas, entre las que se encuentran especies de un alto interés agronómico. Las infecciones no sólo provocan afectaciones en campo, sino también en viveros, imposibilitando la venta de la planta infectada (patógeno regulado no cuarentenario según normativa Europea Reg. 2019/2072), y produciendo grandes pérdidas económicas. Para reducir estas pérdidas y controlar la enfermedad es crucial su detección temprana. En este contexto, las metodologías basadas en la detección de marcadores en el ADN mediante PCR, tanto convencional como en tiempo real, son en general métodos eficaces, sensibles, rápidos y aplicables al diagnóstico rutinario de un elevado número de muestras, aunque no existe un protocolo estándar tipo EPPO. Sin embargo, algunos de los protocolos descritos pueden presentar problemas de especificidad obteniéndose falsos positivos o una disminución de la sensibilidad debido, por ejemplo, al tipo de muestra (p.e. tumores) o a la presencia de microbiota bacteriana abundante. En este trabajo se evalúan distintas técnicas de PCR convencional descritas para la detección de *A. tumefaciens*, dirigidas al plásmido Ti ya sea en la región del T-DNA o en los genes de virulencia, y se pretendió determinar cuál es la causa de la pérdida de especificidad y/o sensibilidad. Además, se ha puesto a punto un nuevo diseño de cebadores y sonda TaqMan para PCR a tiempo real dirigido a la amplificación de una región del T-DNA, del cual se ha estudiado su sensibilidad y especificidad. Actualmente, se está validando este diseño de qPCR con muestras de plantas de vivero y procedentes de suelos inoculados con el patógeno.



P.7. Caracterización morfológica, molecular y patogénica de especies de *Alternaria* causantes de la alternariosis del manzano en Catalunya

Zohra El Khattabi¹, Concepció Moragrega¹, Isidre Llorente¹

¹ Patología Vegetal-CIDSAV, Institut de Tecnologia Agroalimentària, Universitat de Girona, Girona

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: alternariosis, enfermedades fúngicas, manzano, etiología, MLST

Resumen:

Las enfermedades del manzano pueden causar pérdidas significativas en el rendimiento del cultivo y la calidad de los frutos. En los últimos años, una nueva y emergente enfermedad del manzano ha sido descrita en diversos países productores de manzana en Europa. La sintomatología de la enfermedad consiste en lesiones en hojas y frutos y ha sido atribuida a un complejo de especies del hongo *Alternaria*. Desde 2013, se han observado esos síntomas en frutos y hojas en plantaciones de manzano en Cataluña, relacionados con pérdidas de producción importantes. Debido a su detección reciente y características particulares, se dispone de poca información sobre la etiología y epidemiología de esta enfermedad.

Con el objetivo de establecer la etiología de esta enfermedad en Catalunya, se obtuvieron aislados de *Alternaria sp.* procedentes de lesiones en frutos y hojas de manzano de plantaciones de la provincia de Girona afectadas por la enfermedad. En el estudio que se presenta se llevó a cabo la caracterización morfológica, molecular y patogénica de una selección de los ciento cincuenta aislados de *Alternaria sp.* de la colección. Se detectó una prevalencia de especies de *Alternaria* de esporas pequeñas con una considerable variación morfológica. Los aislados de los diferentes morfotipos de *Alternaria* mostraron distinta patogenicidad en hoja de manzano de las variedades Gala y Golden, y entre los patogénicos se observaron distintos niveles de virulencia. Se realizó la caracterización molecular para establecer la identidad de los aislados patógenos mediante MLST de regiones específicas. Los resultados sugieren que la enfermedad de lesiones en hojas y frutos de manzano descrita en Europa está presente en Catalunya y que un complejo de especies de *Alternaria* pertenecientes al grupo-especie *A. alternata* están involucradas en la enfermedad. No se detectó *A. mali* (*A. alternata* Apple patotype) en ninguna muestra.

Financiado por: Investigación financiada por el Proyecto PID2021-126505OB-I00, MCIN/AEI/10.13039/501100011033 y por FEDER Una manera de hacer Europa y subvencionada por la beca predoctoral FI-SDUR (Agaur, Generalitat de Catalunya).



P.8. Diversidad de especies de *Alternaria* causantes de lesiones en hojas y frutos en manzano en Catalunya basada en nuevos marcadores moleculares

Marc Vila De Vargas¹, Maria Pla², Isidre Llorente¹, Concepció Moragrega¹

1 Patología Vegetal-CIDSAV, Institut de Tecnologia Agroalimentària, Universitat de Girona

2 Tecnología de los Alimentos, Institut de Tecnologia Agroalimentària, Universitat de Girona

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: alternariosis, *Alternaria alternata*, complejo de especies, manzano, marcador molecular

Resumen:

En los últimos años se ha descrito una enfermedad emergente del manzano, caracterizada por lesiones o manchas en hojas y frutos. Se trata de una enfermedad de gran importancia a nivel mundial (Australia) y europeo (Italia, Francia y España), que ha sido atribuida a un complejo de especies del hongo del género *Alternaria*. En 2013 se detectó esta sintomatología en plantaciones de manzano de la zona de Girona en Catalunya. En dos años, la enfermedad llegó a afectar al 20% de las plantaciones de variedades Golden y Gala, y desde entonces afecta el cultivo con severidad variable. Debido a la reciente aparición y escasa información sobre su etiología y epidemiología, se dispone de pocos métodos de detección y manejo por lo que esta enfermedad podría convertirse en una amenaza para las principales regiones productoras de manzano en Europa.

Actualmente las principales especies de *Alternaria* relacionadas con las lesiones en frutos y hojas de manzano corresponden a un complejo de especies de la sección *Alternaria*, sin embargo, todavía se desconocen las especies implicadas en la enfermedad en Catalunya.

Con el objetivo de desarrollar una herramienta basada en qPCR de detección de las especies de *Alternaria* patógenas en manzano, se realizó un análisis de la diversidad de especies asociadas a la enfermedad en Catalunya basado en nuevos marcadores moleculares que permiten distinguir linajes filogenéticos en *Alternaria* sec *Alternaria*. Se utilizaron un total de diez marcadores moleculares informativos desarrollados recientemente para el diagnóstico de las especies de *Alternaria* de este grupo. Para el análisis se seleccionaron un total de 30 aislados de *Alternaria* de la colección del INTEA-UdG procedentes de lesiones en hojas y frutos de diversas variedades de manzano obtenidos en distintas plantaciones de Girona. Se incluyeron aislados de distintos morfotipos y niveles de patogenicidad/virulencia. El análisis permitió evaluar la idoneidad de los marcadores moleculares para la identificación de las especies de *Alternaria* presentes en las plantaciones de manzano, y serán la base para el desarrollo de técnicas de detección del patógeno.

Financiado por: Investigación financiada por el Proyecto PID2021-126505OB-I00, MCIN/AEI/10.13039/501100011033 y por FEDER Una manera de hacer Europa; y por la ayuda predoctoral con referencia PRE2022-104041, financiada por MICIU/AEI/10.13039/501100011033 y por el FSE+.



P.9. Primera cita en Portugal de *Fusarium Oxysporum* f. sp. *fragariae* raza 1

Pablo Prieto Rodríguez¹, Ana María Pastrana¹, Celia Borrero¹, Manuel Avilés¹

1 Dpto. Agronomía, ETSIA Universidad de Sevilla

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: patotipo, fresa, “Monterey”, “Fronteras”, Portugal

Resumen:

A finales de julio de 2023, en una finca de plantación primaveral de fresa en el Alentejo portugués, se observaron varios focos con una elevada incidencia de plantas colapsadas del cultivar “Monterey?”. El síndrome fue marchitez, deformación y clorosis en hojas, y finalmente muerte de planta. Muestras de peciolo de plantas afectadas desinfectados superficialmente se sembraron en medio Komada, obteniendo colonias con micelio aéreo de color blanco. Dicho aspecto, junto con la presencia de falsas cabezas de conidias elipsoidales no septadas en fiálidas cortas, era congruente con *Fusarium Oxysporum*. Posteriormente, mediante el análisis molecular de una porción del factor de elongación 1-alfa (EF1”) y comparación en GenBank, junto de una *qPCR* específica para *F. oxysporum* f. sp. *fragariae* (Fof) raza 1 confirmó que se trataba de Fof raza 1. Se realizó un ensayo de patogenicidad en fresa empleando dos de los aislados monospóricos obtenidos, junto con un control positivo Fof raza 1. Las variedades empleadas fueron “Monterey” y “Fronteras”, susceptible y resistente a raza 1, respectivamente. La inoculación de las plantas se realizó mediante baño de raíces en una concentración de 5×10^6 conidias/ml para cada uno de los aislados. Se mantuvieron en cámaras de cultivo a 28/20°C con fotoperiodos de 12 h. Después de 8 a 10 semanas, las plantas no inoculadas, así como las plantas inoculadas del cultivar “Fronteras” no mostraron sintomatología. Por el contrario, las plantas “Monterey” se vieron severamente afectadas, llegando muchas de ellas a morir. *F. oxysporum* se aisló de las plantas enfermas y se realizó nuevamente la confirmación molecular mediante *qPCR* raza1. Hasta donde sabemos, esta es la primera cita de Fof raza 1 en la Península Ibérica. Ya que el terreno no estuvo anteriormente dedicado al cultivo de fresa, probablemente el patógeno se introdujo a través del material de plantación. Por ello, resulta imprescindible implementar medidas de control más severas en los viveros para evitar la amplia dispersión de este patotipo.

Financiado por: Proyecto I+D+i FEDER Andalucía 2014-2020. Evaluación de las fuentes de inóculo de la Fusariosis vascular en el cultivo de la fresa en Huelva y desarrollo de enmiendas supresivas (US-1380608). Consejería de Economía, Conocimiento, Empresas y Universidad.



P.10. Primera cita de podredumbre radicular causada por *Fusarium Oxysporum* en *Prunus cerasifera* en España

Javier Ordoñez¹, Ana María Pastrana¹, Celia Borrero¹, Manuel Avilés¹

1 Dpto. Agronomía, ETSIA Universidad de Sevilla

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: Agente causal, portainjerto, cerezo, decoloración, vascular, diagnóstico

Resumen:

En 2021, España fue el mayor productor de cerezas de Europa, con una producción de 125.810 t. En mayo de 2022, en varios campos de producción de Huelva (España), se observó marchitamiento en cerezos de 4 años cv. “Crystal Champaign” injertados sobre patrón cv. “Adara” (*Prunus cerasifera*). También se observó decoloración del sistema vascular de la copa y las raíces. El objetivo de este trabajo fue identificar el posible agente causal, así como comprobar la patogenicidad de éste. Para ello, material vegetal sintomático se sometió a esterilización superficial. Los tejidos vegetales se colocaron en agar dextrosa de patata y se incubaron a temperatura ambiente durante una semana. Se observaron colonias algodonosas y rosadas creciendo a partir de los tejidos. Se obtuvieron dos cultivos monoconidiales (F175 y F176). Las características morfológicas concordaron con la identificación como *Fusarium Oxysporum*. Posteriormente, se realizó una identificación molecular secuenciando una porción del gen del factor de elongación de la traducción-1 alfa (EF-1). Una comparación con aislados descritos previamente reveló una coincidencia del 100% con secuencias publicadas de *F. oxysporum*. Los aislados se utilizaron para realizar pruebas de patogenicidad en plantas de 1 año cv. “Adara”. Para la inoculación se realizó una herida de 6-7 mm de longitud (2-3 mm de profundidad) a 5 cm por encima de la línea del suelo en todas las plantas. Para cada aislado, se inocularon 5 plantas colocando en el punto de incisión un tapón de 5 mm que contenía micelios de 10 días. Se utilizaron tapones de medio no colonizados para inocular 5 plantas control. En todas las plantas inoculadas se observó una decoloración del tallo vascular de color marrón rojizo 73 días después de la inoculación. *Fusarium Oxysporum* se volvió a aislar con éxito de todas las plantas inoculadas. Se confirmó que los aislados recuperados eran los mismos que los inoculados mediante la secuenciación del gen EF-1. Los resultados obtenidos confirmaron la capacidad patogénica de los aislados utilizados, así como su identificación como *F. oxysporum* siendo esta la primera cita de este patógeno como agente causal de podredumbre de raíz y corona en *P. cerasifera* (portainjerto de cerezo) en España.



P.11. Validación de un método de qPCR para la detección específica de *Neopestalotiopsis spp.* en muestras de planta de fresa y suelo

Ana María Pastrana¹, Patricia López¹, Nuria María Montes¹, Celia Borrero¹, Manuel Avilés¹

¹ Dpto. Agronomía, ETSIA Universidad de Sevilla

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: fresa, *Neopestalotiopsis spp.*, Podredumbre de raíz y corona, detección, fresa, suelo, planta, qPCR

Resumen:

Hasta hace poco, *Neopestalotiopsis spp.*, ha sido considerado un hongo patógeno secundario y oportunista en el cultivo de fresa. Sin embargo, desde que se detectara 2016, la incidencia y agresividad de la enfermedad causada por este hongo ha experimentado un notable aumento en nuestro país. Para abordar esta problemática, este trabajo adapta una técnica previamente publicada para la detección y cuantificación de conidias aéreas de *Pestalotiopsis* y *Neopestalotiopsis spp.* para su uso en muestras de plantas de fresa y suelo. Los resultados revelan la capacidad de la técnica para detectar los tres genotipos del patógeno encontrados en España, tanto en coronas de fresa infectadas como en muestras de suelo. Esta técnica ofrece una herramienta valiosa para la monitorización y gestión efectiva de esta enfermedad en los cultivos de fresa en la región.

Financiado por: Contrato 68/83, Referencia: 5070/0037, Entidad financiadora: Masiá Breeding, S. L.

P.12. Nematodos del género *Paratylenchus* en la rizosfera del olivo en la Cuenca Mediterránea

Rosana Salazar-García¹, Juan E. Palomares-Rius¹, Ilenia Clavero-Camacho¹, Carolina Cantalapiedra-Navarrete¹, Alba N. Ruiz-Cuenca², Pablo Castillo¹, Antonio Archidona-Yuste¹

¹ IAS-CSIC. Instituto de Agricultura Sostenible-CSIC, Córdoba, Spain

² Departamento de Biología Animal, Biología Vegetal y Ecología, Universidad de Jaén, Jaén, Spain

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: Palabras clave: nematodos ectoparásitos, olivar tradicional, orgánico e intensivo, taxonomía integrativa



Resumen:

El género *Paratylenchus* comprende nematodos ectoparásitos obligados que afectan tanto a plantas cultivadas como silvestres. Esta investigación estudia la biodiversidad de dichos nematodos en olivares mediterráneos ubicados en Grecia, Marruecos, Portugal y España con diferentes estrategias de manejo del cultivo (tradicional, orgánico e intensivo de alta densidad). Para ello se prospectaron un total de 44 olivares (con 6 muestras/parcela) durante la etapa de floración del olivo (primavera 2023), lo que resultó en un total de 264 muestras. La prospección abarcó las variedades de olivo más frecuentemente cultivadas en la cuenca mediterránea, entre las que se encuentran Adramitini, Arbequina, Cobrañosa, Hojiblanca, Kolovi, Koroneiki, Picholine, Picual, Picudo y Sikitita. Se recolectaron muestras de suelo entre 5 y 30 cm de profundidad y se extrajeron los nematodos de una submuestra de suelo de 500 cm³ mediante flotación-centrifugación. Los nematodos se identificaron basándose en enfoques de taxonomía integrativa, incluida la caracterización morfológica y molecular centrada en los segmentos de expansión D2-D3 del gen 28S ARN ribosomal. Se identificaron dieciséis especies de *Paratylenchus*, incluidas *Paratylenchus goodeyi*, *P. holdemani*, *P. idalimus*, *P. indalus*, *P. nanus*, *P. neoamblycephalus*, *P. pedrami*, *P. salubris*, *Paratylenchus* sp. 5 SAS, *P. sheri*, *Paratylenchus* sp. D, *Paratylenchus* sp. 12, *Paratylenchus* sp. 19, *P. veruculatus*, *P. wuae* y *P. zurgenerus*. La especie más prevalente fue *P. holdemani* (con una prevalencia del 13,26%, en las tres estrategias de manejo en Grecia, Marruecos y España), seguida de *P. nanus* y *P. pedrami* (prevalencia del 9,47% en las estrategias de manejo tradicional y orgánico en Grecia, y 8,71% en manejo tradicional e intensivo de alta densidad en Grecia, Portugal y España, respectivamente). *Paratylenchus idalimus* fue detectado por primera vez en España en olivares tradicionales (Picual y Hojiblanca) en bajas densidades. Cuatro especies no fueron identificadas específicamente y necesitan estudios adicionales (*Paratylenchus* sp. 5 SAS, *Paratylenchus* sp. D, *Paratylenchus* sp. 12 y *Paratylenchus* sp. 19). Las densidades de población de *Paratylenchus* spp. oscilaron entre 0,01 y 6,84 nematodos/cm³ de suelo. A pesar de ello, no se detectaron síntomas en las plantas ni daños en las raíces, si bien se requieren estudios adicionales para aclarar el impacto de estas densidades de población de nematodos en el crecimiento y rendimiento de las plantas de olivo.

Financiado por: Project 101091255 SOIL O-LIVE HORIZON-MISS-2021-SOIL-02

P.13. Reliability of high-throughput sequencing for the sanitary certification of viruses in fruit trees

Francisco Guillén Chable¹, Pedro Javier Escobar Turriza², Alejandro Pereira-Santana², Alejandro Zamora Briseño³, Carlos Lahoz Crespo⁴, Leonardo Velasco⁵

¹ Facultad de Ciencias, Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM), 04510 Ciudad de México, México

² CONAHCYT-Centro de Investigación y Asistencia en Tecnología y Diseño del Estado de Jalisco, A.C. (CIATEJ), 44270 Guadalajara, Jalisco, México

³ Instituto de Ecología (INECOL), 91073 Xalapa, Veracruz, México

⁴ Servicio de Sanidad y Certificación Vegetal, Unidad de Plantas de Vivero, 50192 Montañana, Zaragoza, España



5 Laboratorio de Fitopatología, Instituto Andaluz de Investigación y Formación Agraria (IFAPA), 29140 Churriana, Málaga, España

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: HTS, bioinformatics pipeline, Virus IndeXer, biological indexing, certification, sanitary analysis, fruit trees, apple, almond, apricot, peach, pear, cherry

Resumen:

High-throughput sequencing (HTS) is currently being considered in the European Union regulations for its possible application in sanitary certification in fruit trees. Currently, at least in the EU, biological indexing, assisted by auxiliary techniques such as ELISA and PCR are mandatory. Among the advantages of HTS are the capability of multiple pathogen detection, strain discrimination, possibility of re-analysis, etc. Biological indexing, despite its diffusion and acceptance, has several disadvantages, including the long periods “up to five years in the case of fruit trees” to reach a definitive report. Additionally, the interpretation of symptoms is not always straightforward, as it is sometimes difficult to attribute symptoms to a given pathogen. Difficulties are beginning to arise in the trade of breeding material when countries accept different certification methods; for example, cases of indexing-certified varieties being rejected at borders after HTS analysis. In this work, we have compared the reliability of both approaches in real cases of fruit tree certification. For that, we have designed a novel bioinformatics pipeline, Virus IndeXer, for the processing of NGS reads in a user-friendly way, facilitating the discovery of new virus species and compelling their taxon diversity and occurrence. This computational workflow involves indexing and mapping reads using a custom viral database. To validate our virus profile taxonomic assignment, we examine the viral occurrence and assess viruses through a diversity analysis approach. Thus, we compared biological indexing with HTS in 26 candidate clones and reference plants corresponding to various fruit species, including almond, pear, cherry, apple, peach, and apricot. The plants were tested for 4-5 years in accordance with EPPO certification protocols. The HTS analyses allowed the identification of several pathogens, including apple chlorotic leaf spot virus (ACLSV), cherry virus A (CVA), cherry green ring mottle virus (CGRMV), peach associated luteovirus (PaLV), prunus necrotic ringspot virus (PNRSV), apricot pseudo-chlorotic leaf spot virus (APCLSV), little cherry virus 1 (LChV1), nectarine stem pitting associated virus (NSPaV), cherry necrotic rusty mottle virus (CNRMV), and the viroids peach latent mosaic viroid (PLMVd) and hop stunt viroid (HSVd), confirmed by RT-PCR. Biological indexing could detect only ACLSV, PNRSV, and CNRMV. Multiple virus infections were also revealed by HTS. APCLSV, CVA, NSPaV, and PaLV were not included in the indexing as they are not regulated in the EU. Therefore, the results provided by HTS in this study have proven to be more robust and informative than the certification protocols currently accepted in the EU.

Financiado por: This work was funded by the Ministerio de Agricultura (MAPA), OIV17.1.



P.14. Efecto antifúngico de la albociclina producida por *Streptomyces* sp. frente a *Verticillium dahliae*

Rebeca Cobos¹, Carla Calvo-Peña¹, José María Sánchez-López¹, Ana Ibáñez¹, Juan José R. Coque¹

¹ Universidad de León. Dpto de Biología Molecular

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: albociclina, antifúngico; biocontrol; olivo; *Verticillium dahliae*; Verticilosis

Resumen:

La Verticilosis es una enfermedad fúngica que afecta al olivo (*Olea europaea*) y representa una grave amenaza para su cultivo. El agente causal de esta enfermedad es *Verticillium dahliae*, un patógeno difícil de controlar con métodos convencionales. Por lo tanto, es necesario explorar estrategias alternativas para el manejo de la Verticilosis. En este estudio, nuestro objetivo fue aislar y caracterizar actinobacterias de la rizosfera de los olivos que pudieran actuar como agentes potenciales de biocontrol frente a *V. dahliae*. Para ello se analizó la capacidad antifúngica de cada una de las cepas aisladas mediante la producción de compuestos difusibles y volátiles capaces de inhibir el crecimiento de *V. dahliae*. Seleccionamos una cepa de *Streptomyces* sp. OR6 basada en su actividad antifúngica in vitro y su capacidad para suprimir el crecimiento del patógeno en muestras de suelo. A partir del cultivo líquido de la bacteria, se detectaron distintos compuestos mediante cromatografía líquida, que fueron colectados y bioensayados individualmente para comprobar su actividad antifúngica. En base a los resultados obtenidos se identificó mediante cromatografía de masas un compuesto activo denominado albociclina, un macrólido policétido con conocidas propiedades antibacterianas y con actividad antifúngica. La albociclina fue capaz de suprimir eficazmente la germinación de los conidióforos en un rango de concentraciones de 2,5 y 40 µg/mL, obteniéndose un valor de LC₅₀ de 10,57 µg/mL. Nuestros resultados sugieren que *Streptomyces* sp. OR6, u otras cepas productoras de albociclina, podrían ser utilizadas como una herramienta prometedora para el control biológico de *Verticillium dahliae*.

Financiado por: Este trabajo ha sido financiado por la empresa Rio Lacarón S.L. (La Garrovilla, Badajoz, Spain). Carla Calvo-Peña (EDU/601/2020) disfruta de un contrato predoctoral de la Junta de Castilla y León y el Fondo Social Europeo. Ana Ibáñez disfruta de un contrato postdoctoral modalidad “Margarita Salas” (Referencia no.: UP2021-025) a través de la Universidad de León, otorgada por el Ministerio de Universidades de España dentro del Plan de Recuperación, Transformación y Resiliencia (Modernización y digitalización del Sistema Educativo), cuya financiación proviene del Instrumento Europeo de Recuperación de la Unión Europea-NextGenerationEU



P.15. Aplicación de Secuenciación de Alto Rendimiento para Diagnóstico de Enfermedades en Cítricos

Félix Morán¹, Edson Bertolini², Sofía Carvajal³, Camilo Paredes-Tomás⁴, Maritza Luis-Pantoja⁴, Julia Leshner-Gordillo⁵, Silvia Barbé¹, Ester Marco-Noales¹

1 Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias (IVIA), Centro de Protección Vegetal y Biotecnología, Unidad de Bacteriología, Moncada, Valencia, España.

2 Departamento de Fitossanidade, Faculdade de Agronomia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul. Porto Alegre. Brasil

3 Universidad de Costa Rica (UCR), Centro de Investigación en Biología Celular y Molecular (CIBCM), Laboratorio de Fitopatógenos Obligados y sus Vectores (LaFOV), San José, Costa Rica.

4 Instituto de Investigaciones en Fruticultura Tropical, La Habana, Cuba

5 Centro de Investigación para la Conservación y Aprovechamiento de los Recursos Tropicales (CICART) de la DACBIOL, Universidad Juárez Autónoma de Tabasco. Villahermosa, Tabasco, Mexico.

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: RNAseq, DNAseq, HTS, Bacterias fitopatógenas, Diagnóstico, Microbioma

Resumen:

España es uno de los mayores productores y exportadores de cítricos del mundo. Parte de este éxito se debe a que los cítricos españoles gozan de una excelente salud fitosanitaria. En los últimos años se ha incrementado la amenaza de algunas bacterias fitopatógenas, como *Xylella fastidiosa*, *Xanthomonas citri* y las especies de “*Candidatus Liberibacter*” asociadas al Huanglongbing o HLB, que podrían causar un grave perjuicio al sector citrícola español.

El objetivo de este trabajo es evaluar la capacidad diagnóstica de diferentes aproximaciones de secuenciación de alto rendimiento (HTS), RNAseq y DNAseq, para la detección e identificación de las principales bacteriosis de cítricos. Se pretende, además, estudiar la información genómica que se puede recuperar mediante estas aproximaciones y comparar los microbiomas presentes en cítricos infectados y no infectados, obteniendo así datos valiosos sobre las interacciones microbianas y su influencia en el estado fitosanitario de los cítricos.

En colaboración con instituciones científicas de áreas con presencia de estas bacteriosis, se analizaron extracciones totales de ADN y ARN de muestras de cítricos infectados y no infectados provenientes de diferentes orígenes (Brasil, Costa Rica, Cuba, México, y España mediante DNAseq total, a diferentes profundidades (lecturas/carrera), y RNAseq total, empleando las librerías Illumina Truseq Nano DNA y TruSeq Stranded Total RNA con Ribo-Zero Plant, respectivamente. Todos los datos brutos se sometieron a un control de calidad inicial, empleando el software CLC Genomics Workbench v.20.0.4 (Qiagen, HI, Alemania), eliminando adaptadores y lecturas de baja calidad, y sustrayendo el genoma del hospedador. Las lecturas obtenidas tras el control de calidad se evaluaron empleando diferentes algoritmos de ensamblado (SPADES, CLC, Geneious) y de mapeos (Bowtie2, Tophat y Geneious) dirigidos a genomas de referencia. A su vez, las lecturas y contigs ensamblados se cotejaron contra diferentes bases de datos de nucleótidos locales (NCBI RefSeq de genomas completos de virus, bacterias y hongos y Kraken2 Prebuilt databases) empleando dos sistemas de asignación taxonómica (BLASTN/X y Kraken2).



Financiado por: PID2021-124145OR-C21 (OBTENCIÓN, SELECCIÓN Y EVALUACIÓN DE NUEVO MATERIAL DE CÍTRICOS PARA PLANTACIONES MÁS SOSTENIBLES ANTE LAS AMENAZAS EMERGENTES CAUSADAS POR EL CAMBIO GLOBAL (FORTECITRUS))

IVIA-GVA 52202D (SOSTENIBLE) from Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias (project susceptible of being co-financed by the European Union through the ERDF Program 2021-2027 Comunitat Valenciana)

P.16. Caracterización de los hongos asociados a enfermedades de madera de la viña en parcelas de la Denominación de Origen Valle de La Orotava (Tenerife, España)

Santiago Perera González¹, Christian Rodríguez García², Jonay Delgado Hernández¹, Eugenia Trujillo García¹, David Hernández Hernández³, Ana Espino de Paz⁴, Felipe Siverio de la Rosa³

1 Servicio Técnico de Agricultura y Desarrollo Rural del Cabildo Insular de Tenerife, 38007 Santa Cruz de Tenerife, España

2 Escuela Politécnica Superior de Ingeniería. Universidad de La Laguna. Apartado 456. 38200. San Cristóbal de La Laguna, S/C de Tenerife, España

3 Unidad de Protección Vegetal. Instituto Canario de Investigaciones Agrarias (ICIA), 38270 San Cristóbal de La Laguna, S/C de Tenerife, España

4 Sección de Laboratorio de Sanidad Vegetal. Dirección General de Agricultura. 38270 San Cristóbal de La Laguna, S/C de Tenerife, España

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: EMV, GTD, necrosis sectorial, punteaduras necróticas, Diplodia, *Neofusicoccum*, excoriosis, decaimiento, Canarias, Botryosphaeriaceae

Resumen:

Las enfermedades de la madera de la viña (EMV) causan diversos síntomas externos e internos en los viñedos como: pudriciones y decaimiento, brotes no uniformes, (retrasados o atrofiados), acortamiento de entrenudos, hojas pequeñas, clorosis y marchitez de las hojas, y necrosis interna de la madera. Estas enfermedades son limitantes para la producción de uva en todo el mundo. Las EMV, que son comunes en muchas zonas productoras de las Islas Canarias, dependen en gran medida del manejo del cultivo y de las condiciones ambientales. En este trabajo se recogieron muestras de plantas sintomáticas de 15 viñedos de la Denominación de Origen Valle de La Orotava, situada en el norte de la isla de Tenerife. Las plantas muestreadas presentaban síntomas de blanqueamiento de los sarmientos con puntos negros (picnidios), grietas longitudinales, decoloraciones y necrosis internerviales en las hojas, necrosis en sarmientos, peciolo de hoja o pedúnculo de racimos y, por último, decaimiento y desecación. En los análisis de laboratorio se hicieron aislamientos de necrosis sectoriales, punteaduras necróticas, necrosis de la médula, necrosis externas, necrosis en hojas, tejidos rojizos en sarmientos, necrosis en peciolo y, por



último, necrosis internas con grietas superficiales. De las siembras de tejido en medio de cultivo PDAS se obtuvieron 523 aislados de hongos y, en función de sus características macro y micromorfológicas, se seleccionó un grupo representativo de 204 aislados para su análisis molecular. Los extractos de ADN obtenidos de los cultivos puros de estos aislados se analizaron utilizando secuencias de la región ITS, a las que se añadió el estudio de los marcadores *tef1*, *tub2* y *rpb2* para los aislados de hongos de la familia Botryosphaeriaceae. Se buscaron similitudes en las secuencias de los aislados con las cepas de referencia en GenBank utilizando la aplicación BLAST. Las especies encontradas con mayor frecuencia fueron de la familia Botryosphaeriaceae: *Neofusicoccum parvum*, *N. luteum*, *Diplodia seriata*, *N. Stellenboschiana*, *N. australe* y *Neofusicoccum* sp. También se obtuvieron aislados de especies como *Diaporthe* sp., *Alternaria* sp. o *Botrytis* sp. *Neofusicoccum parvum* fue la especie más frecuente, pudiéndose detectar en todas las parcelas prospectadas; además, se aisló de todos los síntomas y estructuras fúngicas recogidas en campo de las que se hicieron aislamientos. En doce parcelas se detectaron entre dos y cuatro especies de hongos de la familia Botryosphaeriaceae. Se discute la relación entre la presencia de las especies de hongos y los tipos de síntomas asociados con las EMV.

Financiado por: Servicio Técnico de Agricultura y Desarrollo Rural del Cabildo Insular de Tenerife, Dirección General de Agricultura del Gobierno de Canarias, Subproyecto CAIA2024-002-04-S3. FPI PRE2020 095122-MCIN/AEI/10.13039/501100011033

P.17. Evaluación de técnicas moleculares para el diagnóstico de *Phytophthora cinnamomi* Rands en el sistema de control de calidad de los plantones de aguacates producidos en los viveros de Canarias

Leandro de León Guerra¹, Laura María Pulido Suárez¹, Ana Espino de Paz², Felipe Siverio de la Rosa³, Ana Rodríguez Pérez¹

1 Departamento de Bioquímica, Microbiología, Biología Celular y Genética. Área de Microbiología. Universidad de La Laguna. Apartado 456. 38200. San Cristóbal de La Laguna, S/C de Tenerife, España.

2 Sección de Laboratorio de Sanidad Vegetal. Dirección General de Agricultura. 38270 San Cristóbal de La Laguna, S/C de Tenerife, España.

3 Unidad de Protección Vegetal. Instituto Canario de Investigaciones Agrarias (ICIA), 38270 San Cristóbal de La Laguna, S/C de Tenerife, España.

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: Podredumbre de raíz, *Persea americana*, qPCR, PCR, multiplex, oomiceto, zoosporas, trampeo, pre-screening

Resumen:

La podredumbre de raíz del aguacate, causada por *Phytophthora cinnamomi*, es considerada una grave enfermedad a nivel mundial y un factor limitante de este cultivo. La comercialización de plantas infectadas es una de las principales vías de dispersión del patógeno, por lo que su detección en el material de vivero es prioritaria para el control efectivo de la enfermedad. Los métodos habituales de detección se basan en el aislamiento del patógeno a partir de tejido



sintomático y su identificación morfológica o molecular (PCR y secuenciación). Estos métodos incluyen la utilización de material vegetal susceptible para el trapeo de zoosporas del oomiceto en muestras de sustrato y Pósterior siembra en medio selectivo. En este trabajo se evalúa la posibilidad de utilizar qPCR directa como alternativa a los protocolos rutinarios de aislamiento y detección de *P. cinnamomi*. Se analizaron 112 plantas de vivero (38 lotes de 2-4 plantas/lote) mediante: i) siembra de raíces en medios de cultivo, ii) siembra en medios de cultivo de hojas de aguacate empleadas como trampa en el análisis de sustrato, iii) qPCR como herramienta de *pre-screening* con muestras de raíces, semillas o sustrato, y iv) qPCR de hojas empleadas como trampa en muestras de sustrato. Se evaluaron diferentes pares de iniciadores/sonda, alguno de ellos diseñado en este trabajo, en la detección mediante qPCR multiplex de especies del género *Phytophthora* y de *P. cinnamomi*. La siembra directa de raíces permitió detectar el patógeno en cuatro de los lotes analizados. La siembra de las hojas usadas para el trapeo a partir de muestras de sustrato, al igual que la detección por qPCR a partir de estas hojas, mostró mayor sensibilidad y permitió la detección de *P. cinnamomi* en siete lotes. Además, resultados preliminares indican la posibilidad de realizar estas detecciones mediante qPCR directa, utilizando el triturado de hojas diluido en agua sin la necesidad de la extracción del material genético. El *pre-screening* por qPCR directa sobre muestras de sustrato, raíces o semillas mostró menor sensibilidad que las técnicas que implican el trapeo previo. Los resultados obtenidos indican que el trapeo con hojas de aguacate de muestras de sustrato, seguido del análisis qPCR multiplex de las hojas con manchas necróticas, permite detectar y confirmar la viabilidad de *P. cinnamomi* sin necesidad de recurrir a su aislamiento en medios de cultivo. Esto reduciría los tiempos de análisis y facilitaría el procedimiento sin comprometer la sensibilidad respecto a los métodos tradicionales.

Financiado por: Dirección General de Agricultura de la Consejería de Agricultura, Ganadería, Pesca y Soberanía Alimentaria del Gobierno de Canarias

P.18. Nuevo procedimiento de diagnóstico y caracterización genética de *Xylella fastidiosa* en plantas e insectos

Maria Pilar Velasco-Amo¹, Luis F. Arias-Giraldo¹, Concepción Olivares-García¹, Juan Imperial², Blanca B. Landa¹

¹ Instituto de Agricultura Sostenible (IAS), Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), Córdoba

² Instituto de Ciencias Agrarias, Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), Madrid

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: detección, brote, filogenia, Secuenciación

Resumen:

Xylella fastidiosa (*Xf*) es una bacteria fitopatógena considerada como principal plaga prioritaria en la Unión Europea debido al gran impacto económico, social y medio ambiental que puede producir. La detección temprana y precisa de *Xf* a nivel de subespecie es crítica para caracterizar el rango potencial de plantas huéspedes en un brote y tomar medidas apropiadas de manejo de la



enfermedad. En la actualidad, la tipificación de *Xf* a nivel de subespecie y tipo de secuencia (ST) se basa en el uso del análisis multilocus o MLST. Sin embargo, la resolución genética a nivel de ST no permite diferenciar cepas estrechamente relacionadas ni inferir su posible origen. Por ello, sería deseable poder disponer del genoma completo (WGS). Desafortunadamente, cuando se necesita rapidez de diagnóstico tras la detección de un nuevo brote no siempre es posible aislar la cepa de *Xf* para obtener su genoma, o los datos obtenidos a partir de la secuenciación del ADN total del material infectado puede no contener suficientes lecturas de *Xf* para identificar adecuadamente la cepa interceptada.

En este estudio, hemos desarrollado un procedimiento dirigido para capturar secuencias de *Xf* combinado con enriquecimiento Pósterior y secuenciación de alto rendimiento. Este sistema proporciona suficiente información genética de *Xf* que permite caracterizar por debajo del nivel de ST las cepas de la bacteria presentes en material vegetal infectado de forma natural y también en insectos vectores. Este estudio ha permitido posicionar filogenéticamente la cepa recientemente detectada en Mallorca perteneciente a *Xf* subsp. *pauca* ST53 como muy cercana genéticamente a las cepas del mismo ST que infectan olivos en Apulia. Además, demostramos que, mientras que solo *Xf*, al utilizar este nuevo procedimiento se incrementa hasta un 41-73% el número de lecturas de *Xf* obtenidas incluso utilizando mezclas multiplexadas de hasta cuatro librerías de ADN de plantas durante la captura.

Financiado por: Proyectos BeXyl (ID 101060593, EU-Horizon Europe), PIE202240E067-CSIC y PTI-SolXyl-CSIC, P18-RT-4184 E-RTA2017-00004-C06-02 de AEI-INIA, y QUAL21-023 IAS.

P.19. Avances en la diversidad genética de la especie *Olivavirus flaviroleae* con implicaciones en diagnóstico

Ana Belén Ruiz García¹, José Malagón Cañizares², Manuel Ruiz Torres³, Sergio Paz Compañ², Antonio Olmos Castelló¹

1 Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias (IVIA). Ctra CV-315, km 10.7, 46113 Moncada, Valencia

2 Servicio de Transferencia de Tecnología (STT) de la Generalitat Valenciana. Ctra CV-315, km 10.7, 46113 Moncada, Valencia

3 Laboratorio de Producción y Sanidad Vegetal de Jaén, Junta de Andalucía, Sierra Morena, 12b, 23620 Mengíbar, Jaén

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: OLYaV, Viroma, Olivo, HTS, Diversidad genética, Recombinación, Detección, Identificación, Inclusividad

Resumen:

Estudios del viroma de olivos afectados por amarilleamiento foliar, procedentes de zonas productoras de Andalucía, de la Comunidad Valenciana y de Cataluña, cuyas muestras fueron recolectadas entre julio y noviembre de 2023, nos han permitido la secuenciación completa de 9



aislados de olive leaf yellowing associated virus (OLYaV). Este virus pertenece al género *Olivavirus* dentro de la familia *Closteroviridae*. La ICTV ha dado nombre a la especie denominándola *Olivavirus flaviolae*. El análisis de las secuencias nucleotídicas de los genomas obtenidos revela su gran diversidad genética. El porcentaje de similitud entre los aislados varía entre el 81.6% y el 98.7%, con una media de similitud del 88.2%. El alineamiento de estas secuencias con las dos determinadas previamente por nuestro grupo, y que corresponden al aislado brasileño CS1, primer aislado de esta especie con la secuencia codificante completa, y al aislado español V64, muestran 11 pequeñas regiones conservadas que serían las óptimas para el diseño de métodos de diagnóstico molecular de alta inclusividad. El análisis filogenético muestra dos grupos filogenéticos principales, siendo los aislados más divergentes el aislado IVIA 160 procedente de la Comunidad Valenciana y el aislado 135-10.50 de Tarragona con tan solo una similitud del 81.5%, lo que implica que el 19.5% de la secuencia genómica es diferente. Estudios de recombinación realizados con RDP5 entre los aislados, sugieren que 5 de ellos son recombinantes, cuyos resultados están apoyados por RDP, GENECONV, MaxChi, Chimaera, SiScan y 3Seq. La gran diversidad genética de OLYaV tiene importantes implicaciones en el diagnóstico de este patógeno. De hecho, el estudio *in silico* de los cebadores diseñados por diferentes equipos de investigación y publicados previamente muestran que todas estas técnicas adolecen de poca inclusividad, habiéndose encontrado un elevado número de mutaciones, muchas de ellas situadas en posiciones de gran importancia como en el extremo 3', lo que compromete la elongación por parte de las polimerasas. El estudio de diversidad realizado en nuestro laboratorio pone, por lo tanto, de manifiesto que las técnicas moleculares de diagnóstico disponibles actualmente se limitan a realizar una detección eficiente del aislado sobre el que fueron diseñados, siendo incapaces de detectar aislados divergentes o en otras agrupaciones filogenéticas. En conclusión, este estudio supone un avance, por una parte, en el conocimiento de la diversidad genética de la especie y, por otra parte, proporciona información esencial para el desarrollo de una técnica de diagnóstico molecular más fiable e inclusiva que las que han sido previamente descritas.

Financiado por: PID2021-128779OR-I00.

P.20. Determinación de infecciones virales mixtas en cultivos de Tamarillo (*Solanum betaceum*) en Nariño, Colombia.

Carolina Martínez Moncayo¹, Tulio Cesar Burbano Lagos¹, Juan José López Moya³, Clara Ontañón³, Inmaculada Ferriol²

¹ Universidad de Nariño, Pasto, Colombia

² Instituto de Ciencias Agrarias (ICA-CSIC), Madrid.

³ Centro de Investigación en Agrigenómica (CRAG), CSIC-IRTA-UAB-UB, Cerdanyola del Vallès, Barcelona,

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: Tamarillo, RNA, RNA-Seq, Illumina, viroma, filogenia, variabilidad.



Resumen:

El tamarillo o tomate de árbol es una especie frutal de gran importancia económica y cultural en Colombia y otros países de Sudamérica, principalmente de la región Andina. También es cultivado en el sudeste asiático y países de Europa y África. En Colombia representa aproximadamente más del 40% de la producción nacional de frutas. La alta incidencia de enfermedades virales representa el principal problema del cultivo, causando disminución del crecimiento y producción por la aparición de deformaciones y mosaicos que vienen acompañados de reducción de la calidad de la fruta. A nivel mundial se han diagnosticado plantas de tomate de árbol infectadas por hasta 8 virus distintos, donde es frecuente la presencia de potyvirus, que podrían dar lugar a sinergismos con otros virus no relacionados. Por el momento se ha descrito la presencia de los siguientes virus Alfalfa mosaic virus (AMV), Cucumber mosaic virus (CMV), Tomato ringspot virus (ToRSV), Potato leafroll virus (PLRV), Potato aucuba mosaic virus (PAMV), Potato virus Y (PVY), Tamarillo leaf malformation virus (TLMV), Tamarillo mosaic virus (TaMV), Tobacco mosaic virus (TMV), Tomato mosaic virus (ToMV) y Tomato spotted wilt virus (TSWV). Hay que destacar que son muy habituales las infecciones mixtas. Es importante indicar que las patologías virales no pueden ser tratadas directamente, y hasta el momento no se han encontrado fuentes de tolerancia o resistencia en el germoplasma disponible, por lo que la única alternativa es la erradicación de las plantaciones infectadas, reduciendo de manera importante su vida útil.

El objetivo de nuestro estudio fue identificar el viroma en plantas sintomáticas de tomate de árbol en el Departamento de Nariño, Colombia, con la finalidad de ampliar la limitada información disponible sobre las características moleculares de los virus que conforman los complejos virales que afectan a los cultivos en la región. Para determinar el viroma de plantas sintomáticas, se extrajo RNA de ocho plantas de tomate de árbol provenientes de cultivos en diferentes zonas del Departamento. El RNA se secuenció utilizando la tecnología RNA-Seq (Illumina), y las secuencias obtenidas se analizaron con la herramienta Genome Detective para identificarlas. Nuestros resultados confirmaron la presencia de diversos agentes virales en las plantas sintomáticas pertenecientes a los géneros Potyvirus, Polerovirus y Torradovirus. En el caso de este último género, se trata de la primera descripción de la presencia de virus de este género infectando plantas de tomate de árbol. La información obtenida se espera que pueda contribuir a desarrollar sistemas de diagnóstico de virosis y a entender mejor el comportamiento de las interacciones de virus en infecciones mixtas, y las respuestas de la planta, así como a establecer estrategias de control efectivas.

Financiado por: El trabajo es una colaboración de los tres laboratorios implicados, y la experimentación en Colombia ha recibido financiación del Sistema General de Regalías, Gobernación de Nariño, dentro del programa Bécate-Nariño en la modalidad estancia Posdoctoral, dirigido por la Fundación Centro de Estudios Interdisciplinarios Básicos y Aplicados - CEIBA



P.21. Detección del virus del amarilleo clorótico de las cucurbitáceas (CCYV) mediante RT-LAMP a tiempo real

Ángela Martínez Fernández¹, Esmeralda Sanahuja Edo², Ana Alfaro Fernández², Isabel Font San Ambrosio², Josemaría Delgado-Martín¹, Luis Galipienso¹, Luis Rubio¹

1 Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias, Valencia

2 Instituto Agroforestal Mediterráneo, Universitat Politècnica de València, Valencia

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: enfermedades emergentes, diagnostico, amplificación isotérmica, Crinivirus, Closteroviridae

Resumen:

El virus del amarilleo clorótico de las cucurbitáceas (*curcubit chlorotic yellow virus*, CCYV), del género *Crinivirus* en la familia *Closteroviridae*, infecta cucurbitáceas y se transmite por mosca blanca. Se ha detectado en países del Próximo y Lejano Oriente, África, Norteamérica, y la Cuenca Mediterránea. En España se ha reportado por primera vez en 2021 en la península y en 2022 en las Islas Canarias. La emergencia y rápida dispersión de este virus es una amenaza para los cultivos de cucurbitáceas de España. Para el control de la enfermedad es necesario disponer herramientas rápidas y eficaces para la detección e identificación del virus. En este trabajo se ha desarrollado un método de detección de CCYV mediante la retrotranscripción seguida de la amplificación isotérmica por bucle (RT-LAMP) en un solo paso y a tiempo real. Esta técnica permitió detectar CCYV a partir de extractos de ARN de aislados de campo procedentes de cultivos de pepino y sandía de Andalucía y Canarias. La RT-LAMP no dio reacción cruzada con otros miembros del género *Crinivirus* (BPYV, CYSDV, ToCV y LIYV) mostrando que es específica para CCYV. Para evaluar la sensibilidad de la técnica se analizaron diluciones seriadas de extractos de ARN. La RT-LAMP detectó CCYV en extractos de ARN total desde una concentración de 0,1 ng/μl, mientras que la RT-PCR convencional lo detectaba a partir de 1 ng/μl. La RT-LAMP a tiempo real desarrollada aquí permite una detección rápida, sensible y específica del CCYV que puede usarse para el controlar o minimizar los daños producidos por el virus.

Financiado por: Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades (MICIU). Referencia: PID2021-125787OR-C31



P.22. Detección simultánea de *Xylella fastidiosa*, *Xanthomonas citri* y *Candidatus Liberibacter*” mediante qPCR en cítricos

Silvia Barbé¹, Félix Morán¹, Jacobo Dobón¹, Laura Santamaría¹, Edson Bertolini², Sofia Carbajal³, Maritza Luis-Pantoja⁴, Julia Lesher-Gordillo⁵, Alberto Gochez⁶, Ester Marco-Noales¹

1 Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias. Centro de Protección Vegetal y Biotecnología. Ctra CV-315, km 10-7 46113 Moncada, Valencia, España

2 Universidade Federal do Rio Grande do Sul. Porto Alegre, Departamento de Fitossanidade, Brasil

3 Universidad de Costa Rica (UCR), Centro de Investigación en Biología Celular y Molecular (CIBCM), Costa Rica.

4 Instituto de Investigación de Cultivos de Frutas Tropicales, Cuba

5 Universidad Juárez Autónoma de Tabasco, Centro de Investigación para la Conservación y Aprovechamiento de los Recursos Tropicales (CICART) de la DACBiol, México.

6 Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA Bella Vista), Argentina

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: Detección, diagnóstico, HLB, CVC, CBC, PCR, multiplexado

Resumen:

Los cítricos constituyen un sector estratégico en España, primer país productor de la Unión Europea, debido, en gran parte, a su excelente estado fitosanitario. Sin embargo, la introducción de bacteriosis emergentes supone una grave amenaza para la citricultura española, ya que las pérdidas pondrían en riesgo este cultivo. Así, la clorosis variegada causada por *Xylella fastidiosa*, la cancrrosis producida por *Xanthomonas citri*, y el Huanglongbing (HLB) asociado a especies de *Candidatus Liberibacter* han provocado daños irreparables en otros países. Aunque ninguna de estas enfermedades ha alcanzado la cuenca mediterránea, la presencia de insectos vectores, el incremento del comercio y la globalización representan un alto riesgo de que alguna de estas bacterias patógenas se establezca en nuestro territorio. El mejor método de control es la prevención, ya que son enfermedades de difícil y limitado manejo, con un elevado gasto socioeconómico.

En este trabajo se han ensayado más de 180 muestras para optimizar y validar un nuevo protocolo de PCR en tiempo real, basada en protocolos previamente validados por la EPPO, capaz de detectar y diferenciar las tres bacterias en una misma reacción. La sensibilidad y especificidad diagnósticas, y la reproducibilidad, han sido del 100%, equiparable a los protocolos individuales ya descritos.

La implementación de esta PCR múltiple permitiría la detección rápida, precisa y simultánea de estas tres bacterias fitopatógenas, lo que contribuiría a una gestión más eficiente de las enfermedades.

Financiado por: Este trabajo ha sido financiado por el proyecto IVIA-GVA 52202D del IVIA (proyecto susceptible de ser cofinanciado por la Unión Europea a través del Programa FEDER 2021-2027 Comunitat Valenciana) y el proyecto FORTECITRUS PID2021-124145ORC21.



P.23. Enfermedades detectadas en el cultivo del aguacate en condiciones semi-áridas en la Comunidad Valenciana

Ana M Pérez Sierra¹, Carlos Salas¹, Miguel Angel Cañaveras¹, Antonio Vicent¹

¹ Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias, Valencia

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: *Persea americana*, seca, oomicetos, decaimiento

Resumen:

En la Comunidad Valenciana (CV) el cultivo del aguacate se presenta como una alternativa a otros frutales que atraviesan problemas de rentabilidad, y al mismo tiempo, contribuye a diversificar y complementar la gama de cultivos en la zona. En la actualidad, se cultivan alrededor de 3000 ha de aguacate en la CV y uno de los principales retos a los que se enfrenta para su continuidad y expansión son la aparición y acción negativa de patógenos. Los principales patógenos del aguacate descritos en otras zonas de cultivo en España son los patógenos del suelo como *Rosellinia necatrix*, *Verticillium* spp. o diferentes especies de *Phytophthora*, y los patógenos aéreos dentro de la familia *Botryosphaeriaceae*. El objetivo de este estudio fue investigar la presencia de posibles hongos y oomicetos fitopatógenos en aguacate en la CV. Para ello, se llevaron a cabo prospecciones en las provincias de Valencia y Alicante, donde se tomaron muestras de plantas sintomáticas, bien con síntomas de seca de ramas o decaimiento generalizado. De la parte aérea se muestrearon panículas, brotes y ramas, y del suelo se tomaron tanto raíces como suelo de la zona del cuello de las plantas afectadas. Se llevaron a cabo aislamientos en medio de cultivo PDA+sulfato de estreptomicina (PDA+S) y en medio V8-PARPB selectivo para oomicetos. También se realizaron diferentes métodos de trapeo para el aislamiento de oomicetos. Los cultivos puros obtenidos se agruparon por sus características morfológicas y fueron identificados mediante la extracción de ADN y posterior amplificación y secuenciación de la región ITS y otros genes. Las secuencias se compararon con las depositadas en las bases de datos de acceso público GenBank and *Phytophthora* database. Los principales hongos detectados en la parte aérea fueron *Neofusicoccum* australe, *N. luteum* y *N. parvum*. Otros hongos aislados fueron *Apiospora* sp., *Colletotrichum* spp. y *Stilbocrea* sp.. En el suelo se detectó el hongo *Rosellinia necatrix* y entre los oomicetos, se aislaron diferentes especies de *Phytophthora* (*P. bilorbang*, *P. crassamura*, *P. nicotianae*, *P. palmivora* y *P. pseudocryptogea*) y *Phytophthora vexans*. La especie de *Phytophthora* más prevalente en otras zonas de cultivo de aguacate en España es *P. cinnamomi*, sin embargo, esta especie no se ha detectado en los suelos calcáreos de la CV. La asociación y los posibles daños que puedan causar estas especies de *Phytophthora* al cultivo del aguacate tiene que ser investigada especialmente para aquellas que constituyen una nueva asociación hospedante-patógeno.



P.24. Nematicidal potential of *Mentha x rotundifolia* hydrolate by-product

Maria Fe Andres Yeves¹, Carmen Elisa Diaz Hernandez², Juliana Navarro Rocha³, Azucena Gonzalez Coloma¹

1 Instituto de Ciencias Agrarias (ICA), CSIC, Calle Serrano 115-dpdo, 28006 Madrid

2 Instituto de Productos Naturales y Agrobiología (IPNA), CSIC, Avda. Astrofísico F. Sánchez 3, 38206 La Laguna, Tenerife

3 Centro de Investigación y Tecnología Agroalimentaria de Aragón (CITA), Avda. Montañana 930, 50059 Zaragoza

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: nematicidal activity, mint, essential oil, water residue, root-knot nematode

Resumen:

Because of the environmental, food safety, and health-related issues associated with the application of chemical nematicides, growing emphasis is being laid on plant parasitic nematode control through plant resources. Essential oils (EO) are obtained from the distillation process of aromatic plants, generating hydrolates as byproducts. In agriculture, the pesticide effects of hydrolates have been extensively described and, specifically, the nematicidal potential of some hydrolates has been reported. *Mentha x rotundifolia*, is an aromatic and medicinal plant of ethnopharmacological interest and several studies have demonstrated the antioxidant, antimicrobial, antifungal, insecticide, and nematicidal activity of its essential oil. Following a process of crop domestication, a chemically stable population of *M. rotundifolia* has been developed for further valorization. The in vitro nematicidal effects of Spanish *M. rotundifolia* essential oil (EO), with piperitone oxide as the main component, has been previously demonstrated. In this work, we have studied the in vitro and in vivo nematicidal activity of *M. rotundifolia* hydrolate by-product obtained from the semi-industrial vapor-pressure essential oil extraction. The essential oil, the hydrolate, and its organic fraction caused high mortality of juveniles, suppressed egg hatch, and reduced nematode infection and reproduction in tomato plants. The nematicidal compounds of the hydrolate have been identified by the bio-guided fractionation of the organic extract by flash chromatography. These findings have important implications for the development of new nematode control products based on hydrolate compounds and highlight the recovery of waste from essential oils extraction

Financiado por: PID2019-106222RB-C31, MINECO/FEDER.



P.25. Detección e identificación del fitoplasma causante de flavescencia dorada de la vid en Galicia

Pilar Piñón¹, Rosa Pérez¹, Carmen Salinero¹, Olga Agúin¹, Personal Técnico²

1 Estación Fitopatológica Areeiro, Deputación de Pontevedra

2 Servizo de Sanidade e Produción Vexetal. Xunta de Galicia.

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: enfermedad de cuarentena, Grapevine flavescence dorée phytoplasma, *Scaphoideus titanus*, técnicas moleculares, viñedo

Resumen:

La Flavescencia dorada (FD) de la vid es una enfermedad de cuarentena causada por el organismo '*Candidatus Phytoplasma vitis*' (Grapevine flavescence dorée phytoplasma) incluido en el grupo filogenético 16SrV (Elm yellows group), que a su vez se diferencia en dos subgrupos: 16SrV-C y 16SrV-D. Transmitido principalmente por el cicadélido *Scaphoideus titanus*, es uno de los problemas fitopatológicos más importantes del sector vitícola en Europa, ya que está provocando graves pérdidas de producción. En Galicia se conoce la presencia del insecto vector desde el año 2007, cuando fue detectado en el SE de Pontevedra. Desde entonces, su área de distribución fue incrementándose progresivamente pero siempre restringida a comarcas del sur de las provincias de Pontevedra y Ourense.

En Portugal, la FD se encontró por primera vez en el norte del país en 2006, en la región DOC de Vinhos Verdes. En 2022, se localizaron plantas de vid afectadas por esta enfermedad en áreas próximas a la frontera con Galicia, por lo que, según lo dispuesto en el Reglamento de Ejecución (UE) n° 2022/1630 de la Comisión, se estableció una zona tampón de FD en Galicia de 2,5 km con la frontera con Portugal.

Durante 2022, el personal inspector de Sanidad Vegetal de la Xunta de Galicia realizó prospecciones en esta zona tampón para la detección de plantas infectadas y del vector. Para ello se colocaron trampas para la captura de *S. titanus* y se recogieron muestras de hojas con presencia de posibles síntomas relacionados con la enfermedad. Las muestras fueron enviadas a la Estación Fitopatológica Areeiro para la identificación de los ejemplares capturados y para el análisis de FD mediante diferentes técnicas moleculares.

En noviembre de 2022 se confirmó la presencia de FD en 6 plantas de vid en los municipios de Arbo, Crecente y As Neves, de Pontevedra, y en Padrenda en Ourense.

Nuevas prospecciones llevadas a cabo en 2023 permitieron confirmar la presencia del fitoplasma, tanto en material vegetal como en ejemplares de *S. titanus*. Las parcelas con presencia de FD estaban situadas en los municipios de Cortegada, Padrenda y Pontedevea en Ourense, y A Cañiza, Arbo, As Neves, Crecente, O Rosal, Oia y Tomiño en Pontevedra. Esto provocó la necesidad de ampliar la zona demarcada y modificar las medidas de erradicación y control.



El fitoplasma identificado en Galicia se corresponde con el subgrupo filogenético 16SrV-D y todas las plantas en las que se detectó fueron erradicadas.

P.26. Especies del género *Colletotrichum* detectadas en aguacate en Galicia

Pilar Piñón¹, Cristina Rial¹, Olga Aguín¹, Andrea Abelleira¹, Carmen Salinero¹

¹ Estación Fitopatológica Areeiro, Deputación de Pontevedra.

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: Antracnosis, diagnóstico, filogenia, *Persea americana*, patógeno

Resumen:

La antracnosis, causada por especies del género *Colletotrichum*, es una enfermedad aérea de gran importancia fitopatológica a nivel mundial que ocasiona importantes pérdidas de producción y altera la calidad de los frutos. Afecta a numerosos cultivos de entre los que destaca el aguacate. Durante los últimos años en Galicia este cultivo ha ido en aumento, y se han establecido nuevas plantaciones tanto en el sur como en el norte de la comunidad. Por este motivo, desde el año 2020 el número de analíticas fitopatológicas realizadas a muestras de aguacates, recibidas en nuestro laboratorio, se ha incrementado de forma significativa, y con ello, la detección e identificación de nuevas especies de hongos. Por ello, el objetivo del presente trabajo fue identificar las distintas especies del género *Colletotrichum* presentes en aguacates en Galicia. Para este estudio, se analizaron muestras sintomáticas de parte aérea (ramas y frutos), recibidas durante los años 2020-2024, a partir de las cuales se llevó a cabo el aislamiento fúngico en medios de cultivo y Pósterior estudio morfológico, que fue complementado con el análisis filogenético de diferentes marcadores moleculares. Siguiendo esta metodología se han identificado 5 especies: *C. acutatum*, *C. fiorinae*, *C. fruticola*, *C. gloeosporioides* y *C. godetiae*. Los resultados obtenidos indican que sería conveniente conocer la incidencia y distribución de estas especies, además de llevar a cabo pruebas de patogenicidad para valorar su importancia en el desarrollo del cultivo.

P.27. Detección de *Paratylenchus enigmaticus* asociado al cultivo de lechuga en Galicia

Noelia Regueira Paz¹, Pilar Piñón Esteban¹, Adela Abelleira Argibay¹, Olga Aguín Casal¹, Carmen Salinero Corral¹

¹ Estación Fitopatológica Areeiro-Deputación Pontevedra, Pontevedra

Tipo Comunicación: PÓSTER



Palabras Clave: diagnóstico, nematodos fitoparásitos, fragmentos D2-D3, presencia de machos

Resumen:

Los nematodos ectoparásitos del género *Paratylenchus* Micoletzky, 1922, conocidos comúnmente como “nematodos alfiler” (Pin nematodes), son organismos con una amplia distribución mundial. Se encuentran tanto en ambientes naturales como agrícolas en la rizosfera de las plantas, en donde se localizan poblaciones con densidades elevadas, que se adaptan bien a los cambios de las condiciones ambientales (temperatura, humedad, etc.). Además, se han citado daños asociados a especies patógenas de este género en diferentes cultivos de frutales, ornamentales y hortícolas. En España, se han identificado más de 30 especies pertenecientes a este género.

A principios del 2024, en la Estación Fitopatológica Areeiro se recibieron muestras sintomáticas procedentes de una explotación de lechuga ubicada en la provincia de A Coruña. Se estudió la posible presencia de nematodos fitopatógenos en este cultivo. Tras su análisis se obtuvieron ejemplares que se identificaron mediante técnicas morfológicas y morfométricas, así como por técnicas moleculares, amplificando los fragmentos D2-D3 del gen 28S.

Los resultados mostraron que se trataba de la especie *Paratylenchus enigmaticus* que fue descrita por primera vez en 2021, en Canadá en plantaciones de patata, aunque había sido detectada previamente en Bélgica en invernaderos de lechuga.

Nuestra población se ajusta a la descrita inicialmente en Bélgica y a la citada en España, aunque en nuestro caso, sí que se ha detectado la presencia de machos, los cuales eran desconocidos en las poblaciones definidas hasta la fecha. Morfológicamente, los machos tienen la parte anterior redondeada y continua con el resto del cuerpo y carecen de estilete. Las espículas son finas, con gubernaculum y sin bursa. La cola es delgada y conoide, estrechándose hasta el final y terminando con forma redondeada.

La detección de *P. enigmaticus* permite ampliar el conocimiento de esta especie, ya que los machos no habían sido descritos, y proporciona una mayor información sobre la distribución de este género en nuestro país y su posible implicación en los daños observados en los cultivos afectados.

Financiado por: Diputación de Pontevedra

P.28. Especies de nematodos fitoparásitos detectadas en diferentes cultivos en Galicia

Noelia Regueira Paz¹, Pilar Piñón Esteban¹, Adela Abelleira Argibay¹, Olga Aguin Casal¹, Carmen Salinero Corral¹

¹ Estación Fitopatológica Areeiro-Deputación Pontevedra, Pontevedra



Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: Hemicycliophora, Mesocriconema, *Meloidogyne*, Quinisulcius, Paratylenchus, Helicotylenchus, Trichodorus, Paratrichodorus

Resumen:

En el laboratorio de la Estación Fitopatológica Areeiro (Deputación Pontevedra), se recibieron muestras de diferentes cultivos para realizar el correspondiente análisis fitopatológico. En el estudio de nematodos se obtuvieron ejemplares que se identificaron integrando caracteres morfológicos y morfométricos junto con técnicas moleculares, amplificando los segmentos de expansión D2-D3 del gen 28S.

De esta manera, se detectaron diferentes especies de nematodos fitopatógenos. Dentro del suborden Tylenchida, familia Criconematidae, se encontraron dos especies: *Hemicycliophora iberica* en aguacate y nogal y *Mesocriconema xenoplax* en nogal y vid. Ambas especies son ectoparásitos migratorios del sistema radicular, tienen una amplia distribución y parasitan diferentes cultivos, pudiendo causar clorosis o su muerte prematura. En el caso de *H. iberica* únicamente se ha citado en España, en ambientes naturales asociada a frondosas, en Jaén y Huelva.

Dentro del mismo suborden Tylenchida, se identificaron también ejemplares pertenecientes a diferentes familias entre los que se encuentran los ectoparásitos migratorios y polífagos: *Quinisulcius capitatus* en repollo y judía, *Paratylenchus enigmaticus*, en muestras de lechuga y laurel y *Helicotylenchus dihystra* en judía, y el endoparásito formador de nódulos radiculares *Meloidogyne nassi* en pimiento, siendo ésta la primera vez que se cita su presencia en nuestro país.

Finalmente, dentro del suborden Triplonchida, pertenecientes a la familia Trichodoridae, se han detectado ejemplares de *Trichodorus primitivus* en nogal, *Paratrichodorus pachydermus* en sauce y *Paratrichodorus hispanus* en vid, todos ellos con una amplia gama de huéspedes y una distribución generalizada. Además de los daños directos que ocasionan a las plantas que parasitan, estas especies son vectores o posibles transmisores, en el caso de *P. hispanus*, del virus del cascabeleo del tabaco (TRV). Por lo tanto, la identificación de estos nematodos fitopatógenos en las muestras recibidas proporciona un mayor conocimiento acerca de las especies presentes en nuestra región y sobre su posible implicación en los daños y alteraciones de los cultivos analizados.

Financiado por: Diputación de Pontevedra



P.29. Polerovirus en cultivos de pimiento en España

Ana Alfaro Fernández¹, Esmeralda Sanahuja Edo¹, Paloma Castillo², Juan Carlos Blanco¹, María Isabel Font San Ambrosio¹

1 Universitat Politècnica de Valencia. Instituto Agroforestal Mediterráneo. Valencia

2 Laboratorio de Producción y Sanidad Vegetal de Almería, La Mojonera, Almería,

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: detección, mosca blanca, PeVYV, PeWBYV, pimiento, RT-PCR, secuenciación, virus emergente.

Resumen:

En enero del presente año, algunos cultivos protegidos de pimiento de Almería presentaban plantas con amarilleo internervial en las hojas, enrollado de las mismas hacia el haz y en los frutos maduración irregular y con apariencia achatada. Estos síntomas hicieron sospechar de la presencia del virus de las venas amarillas del pimiento (Pepper vein yellows virus, PeVYV), miembro del género Polerovirus detectado por primera vez en España en noviembre de 2012. En primavera se muestrearon hojas y frutos de plantas con la sintomatología indicada en diferentes invernaderos de Almería y el material fue analizado mediante RT-PCR con cebadores específicos de PeVYV amplificándose el fragmento esperado en el 46% de las muestras. Este resultado negativo en una parte de éstas, la sintomatología observada en las plantas de pimiento afectadas y la presencia de abundante mosca blanca, hizo sospechar de la presencia de otro polerovirus que afecta a pimiento y que ha sido recientemente detectado en Israel: pepper whitefly-borne vein yellows virus (PeWBYV). Este polerovirus constituye la primera especie del género que se transmite por la mosca blanca *Bemisia tabaci*, contrariamente al resto, cuyo vector son diferentes especies de áfidos. Por tanto, las muestras que habían resultado negativas a PeVYV, se analizaron mediante RT-PCR con cebadores universales que amplifican diferentes especies dentro del género Polerovirus y el tamaño esperado (1,1 kb) se amplificó en todas las muestras. Para identificar el polerovirus presente se procederá a la secuenciación directa de los fragmentos obtenidos. Debido a que se sospecha de la presencia del PeWBYV en infección simple o mixta con PeVYV en las muestras analizadas y para poder discriminar de manera más rápida cuál es el que está presente en las mismas, éstas se analizarán también mediante el protocolo de multiplex RT-PCR descrito por Ghosh et al. (2019), que permite detectar simultáneamente PeWBYV y PeVYV. En este trabajo se presentan los resultados obtenidos para determinar la infección simple o mixta de polerovirus en cultivos de pimiento de Almería.

Financiado por: Este trabajo ha sido parcialmente financiado por la Junta de Andalucía



P.30. Microbiota fúngica y bacteriana asociada al daño interno de la cebolla en Castilla-La Mancha.

Laura Gálvez¹, Rocío López-Gómez¹, Simón Albonis¹, Daniel Palmero¹

¹ Laboratorio de Protección Vegetal, Producción Agraria, Escuela Técnica Superior de Ingeniería Agronómica, Alimentaria y de Biosistemas (ETSIAAB), Universidad Politécnica de Madrid (UPM).

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: podredumbre, bacteriana, *Fusarium proliferatum*, *Enterobacter*

Resumen:

España es el segundo mayor productor de cebolla a nivel europeo. El principal pilar del sector de la cebolla española reside en el mercado internacional, con un volumen de exportación de 549.419 t y 584,11 millones de euros. Castilla-La Mancha es la primera comunidad autónoma productora de cebollas, comprendiendo más del 50% de la superficie española. En los últimos años se han detectado podredumbres internas en los bulbos de cebolla post-cosecha (conocido como el daño interno de la cebolla), fundamentalmente en las variedades tardías (tipo Grano o Valenciana), causadas por diferentes microorganismos fúngicos y bacterianos. Esta enfermedad está dificultando la comercialización y exportación de este producto al ser rechazado por los consumidores. En este trabajo se pretende conocer el papel patógeno de la microbiota fúngica y bacteriana asociada al daño interno de los bulbos de cebolla. Para ello se analizaron cinco lotes de bulbos de cebolla sintomáticos procedentes de Albacete. Se realizaron análisis descriptivos de la sintomatología observada tras realizar cortes longitudinales de las cebollas afectadas. En este análisis se identificaron principalmente tres síntomas: podredumbre acuosa apical, podredumbre seca apical y podredumbre basal. Posteriormente, se realizaron análisis microbiológicos en medios de cultivo Patata Dextrosa Agar (PDA) y medio Komada (K) de las partes afectadas de las cebollas y la posterior identificación. Se identificaron fundamentalmente tres géneros fúngicos: *Fusarium*, *Aspergillus* y *Penicillium* y cinco bacterianos: *Enterobacter*, *Pseudomonas*, *Pantoea*, *Burkholderia* y *Klebsiella*. Las pruebas de patogenicidad sobre bulbos y túnicas de cebolla mostraron que muchas de las especies inoculadas, tanto fúngicas como bacterianas, mostraron patogenicidad. Los resultados de este trabajo ponen de manifiesto la complejidad de la etiología de la patología del daño interno de los bulbos de cebolla y proporcionan una base sólida para futuras investigaciones, enfocadas en la importancia de la diversidad de especies fúngicas y bacterianas que participan y agravan los síntomas observados.

Agradecimientos:

A la Asociación de Productores de Cebolla de Castilla-La Mancha (PROCECAM) por el suministro de bulbos de cebolla para realizar los ensayos de patogenicidad.

Financiado por: Este trabajo ha sido financiado por la Asociación de Productores de Cebolla de Castilla-La Mancha (PROCECAM) bajo el proyecto “Identificación del agente causal del daño interno de la cebolla en Castilla-La Mancha”.



P.31. Identification of fungal isolates from diseased *Conyza bonariensis* and *Conyza canadensis* plants in Spain.

Monica Fernandez-Aparicio¹, Concepción Olivares García¹, Juan A. Navas Cortés¹, Antonio Cala Peralta², Jesus Zorrilla², Rafael Castillejo Fernández¹, Susana Vilariño Rodríguez³, Blanca B. Landa¹

1 Instituto de Agricultura Sostenible, IAS-CSIC. Cordoba, Spain

2 Facultad de Ciencias, Instituto de Biomoléculas (INBIO), Universidad de Cádiz. Puerto Real, Spain

3 ALGOSUR S.A. Lebrija-Sevilla, Spain

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: Pathogens of weeds, biological control, biochemical herbicides, *Dothiorella*, *Plectosphaerella*, *Cladosporium*, *Fusarium*, *Alternaria*, *Podosphaera erigerontis-canadensis*, *Basidiophora entospora*

Resumen:

Conyza bonariensis and *Conyza canadensis* are invasive weeds. In Spain, they are problematic in urban areas where chemical control is not permitted and in no-till farming where glyphosate is applied. There are 60 glyphosate-resistant cases identified in *C. bonariensis* and *C. canadensis*. Their capacity for developing herbicide resistance, along with fewer authorized herbicides for its control urge to find alternative control methods. Identifying indigenous pathogens affecting weeds in a certain geographical area can allow the development of microbial herbicides for inundative biocontrol strategies. Additionally, identifying pathogens producing microbial metabolites with herbicidal activity on a target weed can allow the development of biochemical herbicides. To our knowledge, pathogens of *Conyza* species have not yet been identified in Spain. This study aimed to collect *Conyza* plants showing disease symptoms and to isolate and characterize the associated pathogens. Surveys were conducted in several locations in Córdoba, Spain from April to June 2024. Sampled *Conyza* plants showed diverse symptoms including chlorosis, leaf or stem rot, wilting, or dead flower buds. Isolation in pure culture followed conventional microbiological procedures. DNA was extracted from fungal colonies on lesions and used for PCR amplification of ITS sequences. The analysis of one *Conyza* plant with leaf chlorosis revealed the presence of a *Dothiorella* sp., a fungus known to cause chlorosis in other hosts. The analysis of three *Conyza* plants with leaf and stem rot revealed the presence of *Plectosphaerella* sp., and *Cladosporium* sp., respectively. Both fungi are associated to *Plectosphaerella* rot and *Cladosporium* stem rot diseases on other hosts. Three *Conyza* plants with severe wilting symptoms yielded the isolation of *Fusarium* sp. Additionally, *Conyza* plants with dead flower buds yielded the isolation of *Alternaria* sp. In cases where lesions did not yield culturable isolates, DNA was directly extracted from *Conyza* leaves showing chlorosis alone or with abundant sporulating mycelium and used for PCR amplification of ITS and *cox2* sequences allowing the identification of *Podosphaera erigerontis-canadensis* and *Basidiophora entospora*, the causal agents in *Conyza* of powdery mildew and downy mildew, respectively. Koch's postulates will be fulfilled for the formal description of these fungal species as pathogens of *Conyza* in Spain. Finally, the ability of the fungal isolates to produce metabolites with toxicity



against *Conyza* will be studied by NMR and LC-HRMS methods for the development of biochemical herbicides with new modes of action against *Conyza*.

Financiado por: MICIU (PID2020-114668RB-I00), the European Union (PRIMA, Grant Agreement no. 02WPM1655), Junta de Andalucía (ID: QUAL21 023 IAS), and CSIC for the JAE-INTRO ICU 2023 program (IAS-09).

P.32. Potexvirus en cultivos de pitahaya en España

Ana Alfaro-Fernández¹, Esmeralda Sanahuja-Edo¹, Marina Casas-Fernández², Araceli Iborra-Font¹, Iratxe García-Bascuñan¹, Alejandro Aymerich Perez¹, M^a Isabel Font-San-Ambrosio¹

¹ Instituto Agroforestal Mediterráneo. Universitat Politècnica de València. Cno. Vera s/n. 46022, Valencia.

² Finca Experimental UAL-Anecoop. Carretera de Sacramento s/n 04120 Almería

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: cladodios, cultivo emergente, CVX, detección, fruta del dragón, *Hylocereus undatus* RT-PCR, SchVX

Resumen:

Hylocereus undatus (Haw.) Britton & Rose (familia Cactaceae), comúnmente conocida como fruta del dragón o pitahaya, es un cultivo emergente en España y otros países de la Cuenca Mediterránea ya que requiere poca agua y se adapta a las altas temperaturas. Desde la introducción este cultivo en España, aproximadamente en la primera década del siglo XXI, se han observado plantaciones con síntomas anómalos como mosaicos, moteados, clorosis leves, y torsión de los cladodios jóvenes. Entre los virus citados en la bibliografía que afectan a este cultivo con síntomas similares, se encuentran diferentes especies del género *Potexvirus* que han sido reportados en Taiwán (2001), Corea (2016), China (2016), EE.UU. (2018) e India (2022). En España hasta la fecha, se han detectado dos especies de potexvirus en plantaciones de pitahaya: Schlumbergera virus X (SchVX) en Sevilla en 2021 y Cactus virus X (CVX) en la provincia de Almería en 2022. En 2024, plantaciones en invernaderos de Almería, Granada y Valencia mostraron síntomas similares a los descritos previamente. Los primeros estudios realizados mediante microscopía electrónica de transmisión revelaron la presencia en cladodios sintomáticos de partículas virales con forma de varilla flexuosas de 580 x 13 nm, lo que hizo sospechar de una infección por potexvirus. Para su confirmación, se aisló el RNA total de cladodios sintomáticos y mediante análisis RT-PCR con cebadores degenerados del género *Potexvirus*, se amplificó el tamaño esperado en todas las muestras sintomáticas. Para identificar la especie viral presente, se procedió a la secuenciación directa de los fragmentos obtenidos. Los resultados obtenidos revelan que otros potexvirus distintos a SchVX y CVX están presentes en algunas de las muestras analizadas. Todas estas detecciones sugieren la introducción de potexvirus de pitahaya en España y en Europa en material de propagación procedente de países terceros. En consecuencia, se deberían incluir pruebas de detección específicas de estos virus en este material antes de su comercialización para evitar una mayor propagación de estos virus.



P.33. Patógenos de pistachero descritos en la Comunidad de Madrid

Belén Álvarez¹, Alicia Rodríguez-Cárdenas¹, Sandra Bielsa-Lozoya¹, Lilyana Tihomirova-Hristova¹, Marta Adalia-Mínguez¹, Esther Morate-Gutiérrez¹, Eduardo Fernández-Suela², Noelia Ramírez-Martín², Jesús Alegre², Pablo García-Estringana²

1 Área de Investigación Aplicada y Extensión Agraria, IMIDRA, A2 Km 38,200, Madrid.

2 Área de Investigación Agroambiental, IMIDRA, A2 Km 38,200, Madrid.

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: pistacho, estado fitosanitario, enfermedad, síntoma, hongo fitopatógeno, diagnóstico, detección, identificación

Resumen:

El cultivo del pistacho (*Pistacia vera*) se ha incrementado en la Comunidad de Madrid en los últimos años debido principalmente a su adaptabilidad al clima y suelos, tanto en secano como en regadío. Uno de los desafíos a los que se enfrenta este cultivo es la aparición de enfermedades. En el curso de un proyecto para establecer el estado fitosanitario de estos pistacheros se han analizado, en los últimos cuatro años, unas 150 muestras procedentes de zonas productoras, con sintomatología externa y/o interna en alguna de las enfermedades fúngicas vehiculadas por patógenos de suelo o aéreos. Se realizaron los aislamientos y se seleccionaron las colonias características para su identificación molecular por amplificación de la región ITS. En algunos casos se optó por tomar material sintomático y, tras extraer su DNA, realizar la identificación por PCR de detección específica.

Se identificaron las especies fúngicas fitopatógenas *Verticillium dahliae*, *Fusarium acuminatum*, *F. oxysporum* y *F. solani*. En el caso de *V. dahliae*, siempre se detectó en patrones susceptibles como *P. terebinthus*. También se identificaron las especies *Alternaria alternata*, *Botrytis cinerea*, *Septoria pistaciarum*, y hongos de la familia *Botryosphaeriaceae* como *Dothiorella iberica*, *D. viticola* y *Neofusicoccum mediterraneum*. Las mayores incidencias de enfermedad correspondieron a alternariosis y septoriosis, siendo mayor la incidencia de alternariosis en la variedad Lost Hills y en septoriosis fue mayor la incidencia en las variedades Sirora, Lost Hills y Larnaka. Hasta el momento no se han detectado ni los géneros *Neocosmospora* ni *Phytophthora*, ni la especie *Liberomyces pistaciae*. Por el contrario, recientemente se ha detectado *Arthrinium arundinis* en muestras sintomáticas. Esta especie está descrita como patógena en cebada en condiciones de alta humedad, y también en huéspedes como *Amaranthus hybridus* o *Polygonatum cyrtoneura*, pero no en pistachero, aunque cabe destacar que otra especie del mismo género, *A. xenocordella*, sí produce afectación significativa en fruto inmaduro de este cultivo. Sin embargo, ensayos iniciales de patogenicidad realizados en este proyecto, bien por pulverización de conidias de *A. arundinis* sobre frutos de pistacho inmaduros, o bien por inoculación de estas conidias a través de incisión en raquis, no han resultado en la reproducción de síntomas, en las condiciones ensayadas. Conocer el estado fitosanitario del pistachero, con especial atención a especies patógenas emergentes, es esencial para prevenir su diseminación a nuevas áreas de cultivo.

Financiado por: Proyecto Estudio y control de las enfermedades criptogámicas del pistacho en la Comunidad de Madrid FP22-PISTADIAGNÓSTICO del IMIDRA.



P.34. Interceptación de tobamovirus en semilla comercial de tomate y pimiento procedentes de países terceros

Esmeralda Sanahuja-Edo¹, Ana Alfaro-Fernández¹, Pablo Muñoz-Ortega¹, Ana Gallach-Martínez¹, Jesús Ángel Sánchez-Navarro², Vicente Pallás-Benet², María Isabel Font-San-Ambrosio¹

1 Instituto Agroforestal Mediterráneo. Universitat Politècnica de València. Cno. Vera s/n, 46022, Valencia.

2 Instituto de Biología Molecular y Celular de Plantas, CPI-UPV, C/ del Ingeniero Fausto Elio s/n, Algirós, 46011, Valencia.

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: CPMMoV, hibridación molecular, RT-PCR, semillas contaminadas, ToBRFV, ToMMV

Resumen:

Los virus del género *Tobamovirus* se caracterizan por su fácil transmisión mecánica, así como por su transmisión por semilla que, aunque en la mayoría de los casos sea baja, puede tener un gran impacto en la producción intensiva. Entre los tobamovirus emergentes que afectan a los cultivos de tomate (*Solanum lycopersicum* L.) y pimiento (*Capsicum annuum* L.), se encuentran el *Tomato brown rugose fruit virus* (ToBRFV) y el *tomato mottle mosaic virus* (ToMMV), virus que representan en la actualidad un riesgo grave para estos cultivos por superar la resistencia a tobamovirus presente en muchas de las variedades actualmente empleadas. Desde septiembre 2019, parte de las importaciones de semillas de tomate y pimiento de la Unión Europea son analizadas para detectar ToBRFV, como parte de las medidas de emergencia adoptadas por la Comisión Europea para evitar la introducción y propagación del virus en sus países miembros. El ToMMV fue incluido en 2020 en la Lista de Alerta EPPO y sólo se recomienda realizar pruebas de detección específicas en muestras de campo y bancos de semillas para verificar la situación, no siendo obligatorio su análisis en semillas de tomate y pimiento importadas.

En este trabajo, se presentan los resultados de los análisis moleculares realizados a importaciones de semilla comercial de tomate y pimiento procedentes de países terceros a la UE y muestreadas en los puestos de control fronterizos españoles entre noviembre 2019 y noviembre 2023. Los resultados indicaron que el 0,7 % de estas importaciones estaban contaminadas con ToBRFV (procedentes de China, India, Israel, Tailandia, y Turquía). En cambio, en el 2,6 % de las analizadas entre noviembre 2019 y enero 2022 se detectó ToMMV (procedentes de China, EEUU e Israel). Además, se evaluó la presencia de otros tobamovirus en la semilla de pimiento importada durante estos 5 años con origen en China mediante análisis RT-PCR con cebadores degenerados del género *Tobamovirus* y Pósterior secuenciación. Los resultados revelaron que el 34,4 % de las importaciones de semilla comercial de pimiento procedentes de China, eran portadoras de ToBRFV, ToMMV, chilli pepper mild mottle virus (CPMMoV), pepper mild mottle virus (PMMoV) y tomato mosaic virus (ToMV), tanto en infecciones simples como mixtas. Se está trabajado a su vez en un protocolo de detección de todos los tobamovirus descritos mediante hibridación molecular no radiactiva.



Financiado por: Este trabajo ha sido financiado en parte por el Ministerio de Agricultura, Pesca y Alimentación (MAPA) y por el proyecto CIPROM/2022/31 del programa Prometeo de la Conselleria de Innovación, Universidades, Ciencia y Sociedad Digital de la GVA.



Área: Epidemiología

P.35. Evolución de la fusariosis vascular de la lechuga en la Región de Murcia. Determinación de razas.

Maria Del Mar Guerrero Díaz¹, Carmen M^a Lacasa Plasencia¹, Victoriano Martínez¹, Sandra Alcázar¹, Daniel Soler¹, M^a Carmen Martínez¹, Josep Armengol², Maela León², M^a Del Carmen Rodríguez Molina³

1 IMIDA

2 Instituto Agroforestal Mediterráneo, Universitat Politècnica de València, Camino de Vera S/N, 46022-Valencia

3 CICYTEX. Centro de Agricultura Ecológica y de Montaña (CAEM), Centro de Investigaciones Científicas y Tecnológicas de Extremadura (CICYTEX), Avda. España 43, 10600 Plasencia

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: Fusariosis, lechuga, raza, distribución

Resumen:

La propagación del hongo *Fusarium Oxysporum* f. sp. lactucae por la Región de Murcia, pone en peligro la producción de lechuga. En la Región de Murcia se producen 430.459 t (Estadística Agraria de la Región de Murcia 2021), siendo la lechuga la tercera hortaliza más exportada a Europa. La distribución del cultivo en la Región se establece en cuatro comarcas: Valle del Guadalentín, 6.257 ha; Campo de Cartagena, 4.164 ha; Altiplano, 1.216; Vega del Segura, 664 ha y Noroeste, 568 ha.

Para conocer la posible expansión del hongo, con las consiguientes pérdidas económicas se continuaron las proyecciones por las zonas de cultivo durante las campañas 2022-2023. El control se realizó en parcelas al azar 10 filas con 50 plantas/fila en cada zona. De cada fila se anotó el número de plantas que presentaba síntomas. Las plantas con síntomas se codificaron para analizar en el laboratorio de 20 a 50 plantas por parcela. Una vez allí se realizaron aislamientos de *Fusarium* en medio de cultivo Komada. En septiembre de 2023 se encontró la presencia del hongo en la comarca del campo de Cartagena. Los aislados obtenidos se enviaron para la determinación de la raza al laboratorio del IAM-UPV.

En la campaña 2022 las comarcas de la región con mayor número de parcelas afectadas por fusariosis fueron Valle del Guadalentín, Altiplano, y Noroeste. En esa campaña no se detectó la presencia de fusariosis en el Campo de Cartagena. En la segunda campaña fue el Valle del Guadalentín la más afectada, encontrándose por primera vez parcelas afectadas en el Campo de Cartagena. Hasta el momento todos los aislados en la Región de Murcia corresponden a raza 1.

Financiado por: RTA PID2021-123594OR-C22 FEDER 2021-2027 Desarrollo de modelos sostenibles de producción agrícola, ganadera y acuícola. Mantenimiento de la sostenibilidad del cultivo de lechuga en la Región de Murcia frente al patógeno de reciente introducción.



P.36 Estudio del ciclo de la septoriosis y la alternariosis en el cultivo del pistacho

Pablo García-Estringana¹, Noelia Ramírez Martín², Eduardo Fernández Suela¹, María Belén Álvarez Moral¹, J. Moral³, A. Rodríguez Cárdenas¹, Donato PLaza¹, Esther Cogolludo¹, Jesús Alegre¹

¹ IMIDRA, Finca El Encín, Autovía A2, Km. 38,2, Alcalá de Henares, Madrid

² Dirección General de Emergencias de la Comunidad de Madrid, CTRA. CORUÑA, KM. 22, Las Rozas, Madrid

³ Departamento de Agronomía (UCOLIVO), Universidad de Córdoba.

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: Septoria, Pistacho, Ciclo, Tratamientos

Resumen:

El cultivo del pistacho se está expandiendo rápidamente en España. En los últimos años, son numerosas las plantaciones que han reportado problemas asociados a severos ataques de septoriosis/alternariosis, llegando a defoliar los árboles antes de la recolección del fruto. La escasa información sobre la efectividad de los productos y de los períodos de tratamiento sobre la septoriosis nos llevaron a realizar un ensayo del ciclo de estas dos enfermedades en el cultivo del pistacho en la zona centro de la Península Ibérica. Para ello, se seleccionaron quince árboles, y en cada árbol siete brotes, que fueron tapados con bolsas de papel desde la brotación hasta la cosecha. Los brotes seleccionados se fueron destapando en períodos de tres semanas con el objetivo de evaluar el momento en el que se producían las infecciones primarias y secundarias. Estas fueron evaluadas por cuatro observadores independientes, que mediante la utilización de una plantilla, evaluaron el porcentaje de hoja afectado por septoriosis y por alternariosis. El ensayo se llevó a cabo durante la campaña de 2022, en el que apenas hubo incidencia ya que fue una campaña marcada por la escasez de las precipitaciones, mientras que en 2023 hubo un ataque severo, muy ligado a los dos períodos del ciclo con mayor pluviometría. Dada la alta variabilidad interanual e intranual de las precipitaciones en la cuenca Mediterránea, es necesario ajustar los tratamientos a la incidencia de las lluvias.

Financiado por: Proyecto FP-22 PISTADIAGNOSTICO, Estudio y control de las enfermedades criptogámicas del pistacho en la Comunidad de Madrid. IMIDRA (Comunidad de Madrid)



P.37 La importancia relativa de factores locales y globales sobre la variabilidad morfométrica y molecular de nematodos anillados (*Xenocriconemella* spp.) en sistemas forestales

Inmaculada Criado-Navarro¹, Carolina Cantalapiedra-Navarrete¹, Walter Peraza-Padilla¹, Jorge Martín-Barbarroja¹, Guillermo León-Ropero¹, Roger Bryan Lucas-Vasconez¹, Ilenia Clavero-Camacho¹, Juan E. Palomares-Rius¹, Pablo Castillo¹, Antonio Archidona-Yuste¹

¹ IAS-CSIC Instituto de Agricultura Sostenible-CSIC, Córdoba, Spain

² Laboratorio de Nematología, Escuela de Ciencias Agrarias. Universidad Nacional, Costa Rica

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: biogeografía, citocromo c oxidasa subunidad I, disparidad genética y morfológica

Resumen:

Los nematodos representan aproximadamente el 80% de todos los animales multicelulares del planeta, y desempeñan funciones importantes en ecosistemas agrícolas y silvestres. Los nematodos parásitos de plantas (PPNs) causan pérdidas importantes en el rendimiento de cultivos agrícolas y forestales. En los últimos años, la diversidad y distribución global de nematodos de suelo se ha convertido en un tema de especial atención en la comunidad científica. Además, la adaptación a la heterogeneidad ecológica de especies de PPNs mediante la diferenciación genética y/o la plasticidad morfológica de poblaciones (variación multidimensional) son cuestiones científicas aún inexploradas. En un contexto fitopatológico, y más allá de trazar mapas de distribución global, será esencial comprender los efectos directos e indirectos de los factores globales (edáficos y bioclimáticos) que impulsan la distribución multidimensional de especies de PPNs, lo cual nos permitirá avanzar sobre el conocimiento en el manejo fitopatológico de este grupo de patógenos en un planeta sometido a grandes cambios climáticos y de uso del suelo agrícola y forestal que interactúan entre sí. Sin embargo, son muy escasos los estudios centrados en determinar los factores que modulan la presencia de especies de PPNs. En consecuencia, dilucidar la importancia relativa de los factores ambientales que influyen en la distribución de especies de PPNs desde una perspectiva local (p.ej. fertilidad y/o edad del suelo, uso del suelo, tipo de vegetación, topografía, etc.) y global (p.ej. variabilidad climática, etc.) es una cuestión fundamental en el desarrollo científico y diseño de estrategias políticas eficaces y globales en el manejo fitopatológico de PPNs en sistemas agrícolas y forestales. Con objeto de responder a estas cuestiones inexploradas, este estudio se ha centrado en nematodos anillados del género *Xenocriconemella*, ampliamente distribuido a escala global y principalmente asociado a especies forestales del género *Quercus*. A partir de los datos obtenidos en sucesivos programas de muestreos extensivos, así como la información disponible en bases de datos públicas, en este estudio se determina la contribución relativa entre factores locales y globales sobre la variación multidimensional en la distribución de *Xenocriconemella* spp. a escala global en un contexto biogeográfico.

Financiado por: Proyecto RYC2021-031108-I y JDC2022-048855-I, ambos financiados por MCIN/AEI/10.13039/501100011033 y UE -Next Generation EU/PRTR.



P.38. Proteínas pequeñas codificadas por el genoma de tomato chlorosis virus: ¿involucradas en la transmisión?

Ana Isabel Cotilla-Martín¹, Jesús Navas-Castillo¹, Elvira Fiallo-Olivé¹

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

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: *Bemisia tabaci*, BiFC, *Closteroviridae*, crinivirus, moscas blancas, proteínas pequeñas, transmisión, tomato chlorosis virus, *Trialeurodes vaporariorum*

Resumen:

Tomato chlorosis virus (ToCV, género *Crinivirus*, familia *Closteroviridae*) es un típico virus emergente que se encuentra en alrededor de 40 países y territorios de todo el mundo donde afecta a una gran variedad de huéspedes pertenecientes a 28 familias botánicas. ToCV se transmite en la naturaleza de manera semipersistente por moscas blancas pertenecientes a dos géneros, *Bemisia tabaci* s. l., *Trialeurodes vaporariorum* y *T. abutilonea*. El genoma de ToCV consiste en dos moléculas de ARN de cadena sencilla y polaridad positiva. El ARN1 codifica proteínas asociadas con la replicación del virus y el ARN2 codifica proteínas asociadas con la encapsidación, el movimiento célula a célula y la transmisión por el insecto vector. Ambos ARN codifican proteínas con actividad supresora de silenciamiento génico. La función de la mayoría de las proteínas codificadas por el genoma de ToCV se infiere por similitud con proteínas codificadas por otros miembros de la familia *Closteroviridae*. Por otra parte, el genoma de ToCV contiene una serie de pequeños marcos de lectura abiertos que codificarían para proteínas de función desconocida: p6 en el ARN1 y p4, p7, p8 y p9 en el ARN2. El objetivo de este trabajo es analizar la posible función que estas proteínas pequeñas puedan tener en la infección viral, con un énfasis particular en su papel en la transmisión del virus por mosca blanca. Para ello se generaron clones infectivos en los que se había eliminado la expresión de cada una de estas proteínas mediante delección o mutagénesis dirigida. Estos clones se inocularon inicialmente en plantas de *Nicotiana benthamiana* mediante *Agrobacterium tumefaciens* y Posteriormente en tomate mediante injerto. Aquellos mutantes que resultaron infectivos se ensayaron para su transmisión entre plantas de tomate utilizando *B. tabaci* y *T. vaporariorum*. Por otra parte, se llevaron a cabo ensayos de complementación bimolecular de fluorescencia (BiFC) para determinar las interacciones proteína-proteína involucrando las proteínas pequeñas y las principales proteínas de la cápsida, CP y CPM. Se discutirán las implicaciones de los resultados obtenidos para determinar la función de algunas de las proteínas pequeñas codificadas por el genoma de ToCV, en particular en el contexto de la transmisión del virus.

Financiado por: Ministerio de Ciencia e Innovación / FEDER (PID2019-105734RB-I00/AEI/10.13039/501100011033 y PID2022-142547OB-I00/AEI/10.13039/501100011033).



P.39 Genética de poblaciones del hongo *Dactylonectria torresensis* en vid

Ester Abarquero¹, Emilia Diaz-Losada¹, Jose Luis Ramos Sáez de Ojer², Óscar González López³, Rebeca Bujanda⁴, Catarina Leal⁴, Mónica Berbegal⁵, David Gramaje⁴

1 Estación de Viticultura y Enología de Galicia (AGACAL-EVEGA), Ponte San Clodio s/n 32428, Leiro, Ourense, España

2 Protección de Cultivos. Gobierno de La Rioja, Finca La Grajera, Ctra. LO-20 Salida 13, 26071 Logroño, España

3 Departamento de Agricultura y Alimentación, Universidad de La Rioja, Complejo Científico Tecnológico, C/ Madre de Dios, 53, 26006, Logroño. España

4 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, 26071 Logroño, España

5 Instituto Agroforestal Mediterráneo, Universitat Politècnica de València, Camino de Vera S/N, Valencia, 46022, España

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: Estructura de poblaciones, infecciones asintomáticas, pie Negro, virulencia, Vitis Vinifera

Resumen:

La enfermedad del pie negro (PN) es una de las principales enfermedades causadas por hongos del suelo que afectan a la vid en todo el mundo. El PN tiene una gran incidencia en viveros y nuevas plantaciones, causando el síndrome denominado como decaimiento de vid joven. Varias especies de hongos han sido asociadas al PN, siendo *Dactylonectria torresensis* la especie más frecuente aislada de vides con síntomas de la enfermedad en Europa. Para un mejor manejo y control de las EMV, es necesario conocer la estructura, la historia y el potencial evolutivo de las poblaciones del agente causal. El objetivo de este estudio fue evaluar la diversidad genética de la especie fúngica *D. torresensis* aislada de plantas de vid asintomáticas en dos parcelas de vivero, ubicadas en O Barco de Valdeorras (Galicia) y Logroño (La Rioja), durante dos campañas. La diversidad genética se investigó mediante la búsqueda a gran escala de marcadores microsatélites (SSR) a partir de las secuencias completas del genoma de *D. torresensis*. En total, se obtuvieron 74 aislados de *D. torresensis* (Galicia = 34; La Rioja = 40). Se identificaron varios grupos genéticos en la población del patógeno. Los ensayos de patogenicidad con plántulas de vid no mostraron una correlación entre los genotipos moleculares y los fenotipos de virulencia.

Financiado por: Ministerio de Ciencia e Innovación. Proyecto PID2020-117681RB-I00



P.40 Caracterización de especies de *Cytospora* aisladas de heridas de poda en vid

Catarina Leal¹, Rebeca Bujanda¹, Milan Spetik², Ales Eichmeier², David Gramaje¹

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, 26071 Logroño, Spain

2 Mendel University in Brno, Faculty of Horticulture, Mendeleum - Institute of Genetics, Valticka 334, 69144 Lednice, Czech Republic

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: Diversidad fúngica, enfermedad de la madera, etiología, taxonomía, sistemática, *Vitis vinifera*

Resumen:

El chancro causado por especies del género fúngico *Cytospora* (*Cytospora* canker) es una enfermedad de la madera de la vid (EMV) que ha sido ampliamente caracterizada en los EE. UU., pero se desconoce su incidencia y diversidad en Europa. El objetivo de este estudio fue investigar el potencial de las especies de *Cytospora* para infectar las heridas de la poda de la vid y caracterizar molecularmente una amplia colección de aislados de este género. El ensayo se llevó a cabo en un viñedo comercial de 19 años de edad ubicado en Samaniego, en la región de Álava. En febrero de 2020, se podaron los sarmientos del año de 30 vides a tres yemas, coincidiendo con el momento de poda común en esta región. El experimento se repitió en las siguientes campañas (2021-22 y 2022-23), realizando la poda en la misma fecha. Doce meses después de la poda, se recolectaron los sarmientos de las vides por encima de la segunda yema (aproximadamente fragmentos de 10 cm de longitud) y se llevaron al laboratorio para realizar aislamiento fúngico en medio de cultivo. Las colonias que se asemejaban a *Cytospora* spp. se transfirieron a placas de PDA para su identificación basada en datos de secuencia de ADN de la región ITS y el gen tef. El análisis preliminar identificó un total de 347 aislados, representando 8 especies diferentes de *Cytospora*. Los aislados pertenecían a *C. viticola* (n=311), *C. cotini* (n=25), *C. ceratosperma* (n=2), *C. hippophaicola* (n=2), *C. salicacearum* (n=2) y *C. salicina* (n=1). Además, se identificaron cuatro aislados que potencialmente representan dos nuevas especies de *Cytospora*, lo que resalta la riqueza de la diversidad fúngica asociada a esta EMV. La identificación de múltiples especies de *Cytospora*, incluyendo posibles nuevos taxones, subraya la necesidad de continuar con la investigación para gestionar eficazmente esta enfermedad fúngica y asegurar la salud y productividad de la vid. Los esfuerzos en curso implican una mayor identificación de especies y análisis filogenéticos utilizando marcadores genómicos adicionales para mejorar la precisión filogenética.



P.41 Perfil de resistencia a fungicidas de una población de aislados de *Monilinia fructicola* y *M. laxa* en huertos comerciales de melocotón y nectarina del Valle del Ebro

Rosario Torres¹, Inmaculada Larena², María Gómez¹, Paloma Melgarejo², Neus Teixidó¹, Antonieta De Cal², Belen Guijarro²

1 IRTA, Programa Postcosecha, Edifici Fruitcentre, Parc Agrobiotech Lleida, Parc de Gardeny, 25003 Lleida.

2 INIA-CSIC, Departamento de Protección Vegetal, Ctra. de La Coruña Km. 7, 28040 Madrid

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: *Monilinia*, podredumbre parda, control químico, resistencia fungicidas

Resumen:

La podredumbre parda es una de las enfermedades más importantes del melocotón en el Valle del Ebro, siendo los principales agentes causales *Monilinia laxa* y *M. fructicola*, especies con riesgo medio de desarrollar resistencia a fungicidas.

El objetivo de este estudio es caracterizar la resistencia y/o susceptibilidad de las poblaciones de *M. fructicola* y *M. laxa* aisladas durante las campañas 2021 y 2023 en el Valle del Ebro, a cinco fungicidas utilizados actualmente (Cyprodinil (9/D1), Difenconazole (3/G1), Fenpirazamine (17/G3), Fludioxonil (12/E2), Fluopyram (7/C2) y Piraclostrobin (11/C3). Los aislados monospóricos de ambas especies se obtuvieron a partir de fruta de hueso (melocotón, nectarina y paraguayo) con síntomas visibles de podredumbre recogidas en el campo antes de la cosecha y en centrales. Se caracterizó y determinó la dosis efectiva 50 (DE50) (concentración a la cual se inhibe el 50% del crecimiento) para las poblaciones de ambos patógenos para cada sustancia activa. Se obtuvieron 77 aislados monospóricos de *M. fructicola* y 51 aislados de *M. laxa*, de los que se analizó su sensibilidad a los cinco fungicidas objeto de estudio.

Los resultados mostraron que el 75 % de la población de *M. fructicola* en el Valle del Ebro era sensible o muy sensible a todos los fungicidas, mientras que solo el 25 % mostró tolerancia o resistencia a fluopiram, piraclostrobin o ciprodinil. Únicamente se detectó un aislado resistente a ciprodinil, algunos aislados tolerantes o resistentes a fluopiram y piraclostrobin, y un aislado doble resistente a ambos fungicidas.

En cambio, los 51 aislados de *M. laxa* fueron sensibles a fluopiram, ciprodinil, piraclostrobina, fludioxonil, difenoconazol y fenpirazamina a EC50 muy inferiores a las dosis de campo. No se detectaron aislados resistentes a ninguna de las sustancias activas ensayadas contra aislados de *M. laxa*. Sin embargo, a excepción del ciprodinil, algunos de los aislados de esta especie evaluados en este estudio empiezan a mostrar cierta tolerancia a los otros fungicidas ensayados. Este estudio contribuye a racionalizar el uso de fungicidas en el Valle del Ebro mediante el diseño de nuevas estrategias de control de la podredumbre parda para prevenir la aparición de resistencia a los fungicidas.



Financiado por: Este estudio surge de la iniciativa de FRAC España y está financiado por éste a través de AEPLA mediante contratos de soporte tecnológico con el CSIC (CON21-189 y CON23-197) y el IRTA (nº12331 y 14760). Agradecemos el trabajo técnico realizado por Y. Herranz y a la Dra. P. Plaza y Dra. E. Costa del Servicio Técnico de Postcosecha (STP) del IRTA; y al trabajo de fin de máster realizado por José Enrique Cabrera en Biología Vegetal Aplicada de la Facultad de Ciencias Biológicas de la Universidad Complutense de Madrid.

P.42 Contribución del mírido *Nesidiocoris tenuis* (Reuter) en la transmisión del virus rugoso del tomate

Modesto del Pino¹, Carmen María Lacasa¹, Noelia Vallejos², Marta Rabadán², Carlos Ventura Padilla², Antonio Monserrat¹

1 Equipo de Protección de Cultivos, Instituto Murciano de Investigación y Desarrollo Agrario y Medioambiental (IMIDA)

2 Grupo de Control Sanitario de Virus Vegetales, Instituto Murciano de Investigación y Desarrollo Agrario y Medioambiental (IMIDA)

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: tomate, virosis, *Tomato brown rugose fruit virus*, ToBRFV, Tobamovirus, insecto vector

Resumen:

El virus rugoso del tomate (ToBRFV) es un Tobamovirus extremadamente infeccioso que está causando importantes pérdidas económicas en los cultivos de tomate (*Solanum lycopersicum* L.) a nivel mundial. Su transmisión se produce principalmente por contacto a través de herramientas contaminadas, manos, ropa, roce entre plantas y semillas. Además, existen evidencias de su posible transmisión y dispersión a través de insectos como el abejorro *Bombus terrestris* L. (Hymenoptera: Apidae) y la polilla del tomate *Tuta absoluta* (Meyrick) (Lepidoptera: Gelechiidae) debido a las lesiones que éstos ocasionan al polinizar y al alimentarse de las plantas. En este trabajo se ha investigado el papel potencial del depredador zoofitófago *Nesidiocoris tenuis* (Reuter) (Heteroptera: Miridae) en la adquisición y transmisión mecánica de ToBRFV al ser un insecto ampliamente utilizado como agente de control biológico en los cultivos de tomate del sureste español.

Para ello, se introdujeron en condiciones controladas (25±1 °C, 65±10% HR, y 16:8 h L:O) grupos de 25 adultos de *N. tenuis*, procedentes de una población libre de virus, en jaulones de malla donde se alimentaron durante 48 h de plantas de tomate (variedad Paipai) previamente inoculadas con un aislado de ToBRFV. A continuación, alrededor de cada planta inoculada se colocaron 6 plantas sanas de tomate evitando el contacto entre ellas, que se mantuvieron durante 48 h para favorecer el movimiento y la alimentación de los míridos. Tras recuperar y conservar los insectos, las plantas sanas se trasladaron a un invernadero experimental, realizándose un control de síntomas a los 21 días. Posteriormente, se realizó un test serológico (ELISA) y un análisis molecular por RT-qPCR para determinar la presencia de ToBRFV tanto en las plantas como en



los insectos vectores. La experiencia se repitió con grupos de adultos de *N. tenuis* procedentes de un cultivo de tomate con elevada incidencia de ToBRFV pero en este caso los insectos se liberaron directamente sobre plantas sanas.

Los resultados preliminares indican que *N. tenuis* fue capaz de adquirir y transmitir mecánicamente el ToBRFV al 20,83% de las plantas sanas, por lo que podría tener alguna influencia en la epidemiología de la enfermedad. Se están realizando estudios complementarios para determinar los tiempos de adquisición y retención de ToBRFV por *N. tenuis*, así como su contribución real en la transmisión y dispersión de esta virosis en los cultivos de tomate.

Financiado por: Financiado en un 60% por fondos FEDER y en un 40% por fondos propios de la CARM.

P.43. Vectores y huéspedes de *Xylella fastidiosa* en las Islas Baleares: captura de vectores, detección de subespecies e fuentes de inóculo en agroecosistemas representativos

Miquel Llompart Cifre², Jonatan Ortega Lázaro¹, Jordi Sabaté Rabella¹

1 Institut de Recerca i Tecnologia Agrolimentàries (IRTA). Programa de Protecció Vegetal Sostenible. Ctra de Cabriels Km 2. 08348 Barcelona

2 (2) Universitat de les Illes Balears (UIB). Departament d'Enginyeria Industrial i Construcció. Ctra. de Valldemossa, km 7,5. 07122 Palma de Mallorca.

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: *Xylella*, *Philaeus*, *Neophilaenus*, vid, almendro, transmisión, subespecies, huéspedes alternativos

Resumen:

Xylella fastidiosa (XF) es una bacteria Gramnegativa nativa de América causante de algunas de las enfermedades más graves de los cultivos leñosos mediterráneos. Su patogenicidad radica en el colapso de los vasos del xilema, en un rango de huéspedes silvestres y cultivados amplísimo. XF se transmite de forma natural mediante insectos vectores del orden Hemiptera con capacidad de succionar xilema. XF se detectó por primera vez en Europa en Italia en 2013, en Mallorca en 2016 y en Ibiza y Menorca en 2017. Actualmente hay otros focos activos en Alicante, Portugal, Francia e Italia. En Baleares se han identificado diferentes aislados de las tres subespecies, conviviendo las tres en la isla de Mallorca. Esta diversidad y la incidencia y severidad de la enfermedad en olivos, higueras, almendros y vides constituyen una seria amenaza para la agricultura y el paisaje de las islas. El objetivo de este trabajo es profundizar en el conocimiento de la dispersión de la bacteria a través del estudio de la dinámica y huéspedes de los vectores y la detección de las diversas subespecies en insectos y plantas. Entre los años 2019 y 2021 se muestrearon por aspiración y manguero los cultivos y la vegetación circundante. En Mallorca los insectos vectores se muestrearon quincenalmente de mayo a diciembre, mientras que en Menorca, Ibiza y Formentera bimestralmente. Se extrajo el ADN de plantas e insectos y se amplificó por



diversos métodos de QPCR (Harper et al., 2013; Francis et al., 2006; Li et al., 2013 y Dupas et al., 2019) para detectar XF y sus subespecies. Solo se capturaron dos especies citadas como vectoras: *Philaenus spumarius*(PS) y *Neophilaenus campestris* (NC), confirmándose la poca diversidad de afrofóridos en las Baleares y la presencia de las dos especies en las cuatro islas. PS fue claramente la especie dominante capturada principalmente en lentisco, acebuche, pino albar, algarrobo, sabinas y vegetación herbácea en otoño, con diferencias significativas entre huéspedes e islas. Las capturas directas en los cultivos de almendro, vid y olivo fueron pequeñas. El 11,42% de PS resultaron positivos a XF sólo el 2,02% de los pocos NC. Las diferencias en capturas y porcentajes de PS portadores entre islas y época del año fueron muy significativas, llegando esta heterogeneidad incluso a nivel de parcela. La subespecie mayoritaria en Mallorca fue la Multiplex, observándose una disminución de insectos portadores de Subsp. fastidiosa en viñedos donde conviven las dos subespecies, muy probablemente debido a la muerte de vides y almendros enfermos. Los datos indican que PS es el principal vector de XF en Baleares, su positividad es máxima en verano y otoño y se captura principalmente sobre huéspedes silvestres.

Financiado por: 4384/2018 Licitación Govern Illes Balears. E-RTA 2017-00004-C06-05 INIA-AEI

P.44 Resistencia de diferentes portainjertos de Pistacia a *Verticillium dahliae* en campos naturalmente infestados

Begoña I. Antón-Domínguez¹, Octavio Arquero², María Lovera², Antonio Trapero¹, Carlos Agustí-Brisach¹, Carlos Trapero¹

1 Departamento de Agronomía (Unidad de Excelencia “María de Maeztu” 2020-2024), ETSIAM, Universidad de Córdoba, Campus de Rabanales, Edificio Celestino Mutis, 14071 Córdoba, España

2 Departamento de Fruticultura Mediterránea, IFAPA, Alameda del Obispo, 14004 Córdoba, España

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: pistachero, Pistacia vera, resistencia genética, suelo infestado, variabilidad intraespecífica, Verticilosis

Resumen:

La Verticilosis del pistachero (*Pistacia vera* L.), causada por el hongo de suelo *Verticillium dahliae*, es una de las enfermedades más importantes de este cultivo. Hasta la fecha, el uso de portainjertos resistentes es la medida de control más eficaz y económica. El objetivo de este trabajo fue evaluar la resistencia de pistacheros injertados sobre diferentes portainjertos de Pistacia frente a la Verticilosis en condiciones de infección natural en campo. Para ello, se estableció un campo experimental de pistachero cv. Kerman injertados sobre *Pistacia atlantica*, *P. integerrima*, *P. terebinthus* y los híbridos Platinum y UCBI en Pinos Puente (Granada, España), en un suelo con una concentración de 14,9 microesclerocios (MS) de *V. dahliae* (patotipo no defoliante, ND) por g de suelo. Además, se realizó una monitorización de la enfermedad en un campo comercial ya establecido con pistachos injertados sobre *P. terebinthus* y “UCBI” en Alhama de Granada (Granada, España) en una parcela con diferentes concentraciones del



patógeno (patotipo ND; 0,4; 6,0 y 55,2 MS/g). La identidad genética de todos los portainjertos se confirmó mediante análisis de ADN. Se realizó el seguimiento de la enfermedad en los dos campos utilizando una escala de severidad y se estimó la incidencia de la enfermedad y la mortalidad de los árboles. En el campo experimental, los pistacheros injertados sobre *P. terebinthus* mostraron los valores de severidad más elevados, seguidos de los injertados sobre *P. integerrima*, cuatro años después de la plantación. A diferencia de investigaciones previas, en nuestro estudio *P. atlantica* resultó ser significativamente más resistente a la enfermedad que *P. integerrima*, lo que demuestra la gran variabilidad intraespecífica dentro de estas especies. Los pistacheros injertados sobre híbridos de *P. atlantica*, Platinum y UCBI mostraron una severidad de la enfermedad estadísticamente igual. En el campo comercial, de las plantas injertadas sobre UCBI solo el 8,0% se mostraron afectadas y/o muertas por la enfermedad en la zona de alta densidad al final del experimento en contraste con el 94,5% de las injertadas sobre *P. terebinthus*.

Financiado por: Junta de Andalucía (proyecto PP.TRA.TRA2019.002) y proyecto de consolidación CNS2022-135883, financiada conjuntamente por la Unión Europea NextGenerationEU/PRTR. BIAD es titular de una ayuda FPI (contrato PRE2020-096038). Agradecemos el apoyo financiero de la Agencia Estatal de Investigación a través del Programa Severo Ochoa y María de Maeztu para Centros y Unidades de Excelencia en I+D (Ref. CEX2019-000968-M).

P.45 Estrategias de Supervivencia de *Xanthomonas vesicatoria* y *Xanthomonas euvesicatoria*: influencia de los factores ambientales en la formación de biopelículas.

Cristina Redondo Casero¹, Jaime Cubero Dabrio¹

1 Laboratorio de Bacteriología. Dpto Protección Vegetal. INIA-CSIC. Madrid

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: biopelícula, pimiento, tomate, *Xanthomonas*, temperatura, luz

Resumen:

Xanthomonas vesicatoria y *Xanthomonas euvesicatoria* son bacterias fitopatógenas que causan enfermedades importantes en cultivos de tomate y pimiento. Estos patógenos pueden afectar la producción agrícola y representan un importante desafío para la agricultura en España. La comprensión de sus estrategias de supervivencia es fundamental para el desarrollo de métodos de control efectivos.

Además de la capacidad de adaptación genética y los mecanismos de evasión e infección presentes en ambas especies (especialmente los sistemas de secreción tipo III (T3SS) y sus efectores), la supervivencia de *X. vesicatoria* y *X. euvesicatoria* frente a condiciones adversas se debe a su capacidad para formar agregados tipo biopelícula, los cuales pueden ser elementos primordiales que jueguen un papel decisivo en los procesos de virulencia y colonización del



huésped.

La humedad, la temperatura y la exposición a la luz son factores críticos que influyen en la supervivencia de estas bacterias, y son muy relevantes en el caso de huéspedes como el pimiento o el tomate, cuyo cultivo mayoritario se realiza bajo plástico (invernadero y túnel) en las regiones de Murcia y Andalucía.

En este trabajo se presenta un estudio comparativo de cepas de *X. vesicatoria* y *X. euvesicatoria* en el que se muestra la variabilidad existente en la capacidad de las *Xanthomonas* de pimiento y tomate para formar biopelículas, así como las condiciones ambientales que favorecen la persistencia de las comunidades bacterianas en forma de agregados. Entender las biopelículas y sus mecanismos es crucial para desarrollar estrategias de prevención y tratamiento.

Financiado por: Proyecto PID2021-123600OR financiado por MICIU / AEI /10.13039/501100011033/ y por FEDER Una manera de hacer Europa

P.46. Efecto de los factores abióticos en el crecimiento de *Geotrichum candidum* y *Pichia kluyveri*

Júlia Borrás-Bisa¹, Neus Teixidó¹, Cristina Solsona¹, Rosario Torres¹, Carla Casals¹

¹ IRTA, Fruitcentre, Lleida

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: podredumbre ácida, temperatura, actividad de agua, in vitro, patología vegetal, postcosecha

Resumen:

La podredumbre ácida es una enfermedad emergente en el Valle del Ebro que afecta a melocotones y nectarinas en campo y, cuando la climatología es favorable, ocasiona importantes pérdidas en pre y postcosecha. El agente principal causante de la podredumbre ácida es *Geotrichum candidum*. Sin embargo, se conoce que otros microorganismos están asociados a esta enfermedad favoreciendo su desarrollo, siendo la levadura *Pichia kluyveri* uno de los principales identificados. Actualmente, no existen herramientas efectivas para controlar la podredumbre ácida en campo ni en postcosecha y se dispone de poca información de su epidemiología en fruta de hueso. Para desarrollar estrategias de control efectivas es importante conocer el comportamiento de la enfermedad en función de las condiciones abióticas a las que se expone. En el presente trabajo se ha caracterizado el crecimiento de *G. candidum* y *P. kluyveri* en función de la temperatura (9 condiciones entre 0 y 35 °C) y la actividad de agua (aw) (4 condiciones entre 0.94 y 0.998 para *G. candidum* y 7 entre 0.88 y 0.998 para *P. kluyveri*), en condiciones *in vitro*. Ambos patógenos se incubaron en medio PDB modificado con glicerol según la aw a evaluar y a la temperatura correspondiente. Periódicamente se realizaron lecturas de absorbancia (600 nm). Se observó que la temperatura óptima de crecimiento para ambos microorganismos está en el rango 25-30 °C, en el que se registró menor fase de latencia y mayor pendiente. En general, la



temperatura no afectó al crecimiento máximo alcanzado por los microorganismos. En cuanto a los resultados de aw, se observó que *G. candidum* es más sensible a la falta de agua disponible que *P. kluyveri*, dado que *G. candidum* no creció a valores de aw inferiores a 0.96, mientras que *P. kluyveri* creció a valores de hasta 0.94 aw cuando se evaluó a temperatura óptima. Además, la curva de crecimiento de *P. kluyveri* a 0.998 aw y a 0.98 aw fue prácticamente la misma en todas las temperaturas, mientras que para *G. candidum* mostró una fase de latencia mayor, una pendiente menor y, en general, un crecimiento máximo menor a 0.98 aw en comparación con 0.998 aw. Este estudio proporciona información detallada de las condiciones de temperatura y aw a las que *G. candidum* y *P. kluyveri* pueden crecer y, por consiguiente, causar la podredumbre ácida. Este conocimiento será aplicado para identificar y desarrollar posibles estrategias de control de la enfermedad, como por ejemplo el uso de modelos de predicción que indiquen riesgo de infección.

Financiado por: “Generalitat de Catalunya”: Programa CERCA; Grupo consolidado 2021 SGR-01477; Grupo operativo: 16.01.01.PDR2014-2022. Ministerio de Universidades: Contrato predoctoral FPU (FPU22/03902)

P.47. Sistema de alta eficiencia para la selección de genotipos de peral resistentes a enfermedades

Rubén Rufo Gómez¹, Ernesto Franco¹, Óscar Crespo Romo¹, Lúdia Lozano², Jordi Cabrefiga Olamendi³

1 IRTA Agrónomos, Lleida

2 IRTA Fruitcentre, Lleida

3 IRTA Mas Badia, Girona

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: Fuego bacteriano; mancha marrón; Pyrus; técnicas de inoculación; evaluación de resistencia; nivel de susceptibilidad; ensayo de patogenicidad

Resumen:

El fuego bacteriano, causado por la bacteria *Erwinia amylovora*, y la mancha marrón del peral, causada por *Stemphylium vesicarium*, son probablemente las enfermedades más relevantes en el peral, debido a su gran impacto económico y a su difícil control. En este contexto, el uso de variedades resistentes es una de las mejores opciones para gestionar su control de una manera más sostenible y asegurando la viabilidad económica del agricultor. Para la selección de resistencia se requiere de un método de inoculación eficiente y rápido que permita diferenciar los niveles de resistencia a estas enfermedades. La disponibilidad de una técnica de inoculación sobre material vegetal que permita evaluar de manera cuantitativa y estandarizada el grado de tolerancia de diferentes cultivares puede impulsar la selección de genotipos resistentes a estas dos enfermedades. En el presente trabajo se presentan los resultados obtenidos de la evaluación del nivel de susceptibilidad a fuego bacteriano y a la mancha marrón de algunas de las selecciones del programa Hot Climate Partnership. Los ensayos se llevaron a cabo en condiciones de ambiente



controlado utilizando inoculaciones artificiales en flores, hojas y frutos recogidos del árbol. La técnica de inoculación fue diferente según el tejido analizado, siendo directamente sobre la superficie de la flor, a través de pequeñas heridas en la hoja y en perforaciones en el caso del fruto. El nivel de susceptibilidad a cada enfermedad y en cada órgano se evaluó según una escala semicuantitativa de la gravedad de los síntomas. Estas técnicas permitieron observar lesiones necróticas pocos días después de la inoculación, mostrando resultados comparables a los observados en condiciones de campo. Los resultados de este estudio proporcionaron una fuente prometedora de información, remarcando la viabilidad de utilizar tejidos de plantas en ensayos de patogenicidad y destacando la inoculación artificial descrita como una técnica rápida y eficiente para seleccionar resistencia contra *E. amylovora* y *S. vesicarium* en condiciones ex vivo.

P.48. Moniliosis en almendros del Valle del Ebro: Sensibilidad varietal y fenológica

Erick Zúñiga¹, Rosario Torres¹, Xavier Miarnau ¹, Laura Torguet¹, Lidia Aparicio¹, Carla Casals¹

¹ IRTA Fruitcentre, Lleida

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: Susceptibilidad varietal, *Monilinia laxa*, Almendro, Fenología de floración

Resumen:

Una de las enfermedades que produce daños económicos en el almendro (*Prunus dulcis*) es la moniliosis causada por *Monilinia laxa*. El conocimiento sobre el ciclo de vida de *M. laxa*, así como la susceptibilidad varietal en almendro es escaso, sin embargo, se conoce que infecta diferentes órganos vegetales en la mayoría de las fases fenológicas del cultivo, siendo las etapas de floración las más sensibles, incidiendo directamente en la producción. En esta investigación se evaluaron la sensibilidad de flores en el estado F1 de 15 variedades comerciales de almendro, ubicadas en una finca experimental del IRTA, durante dos años consecutivos: Las flores se llevaron al laboratorio e inocularon artificialmente con *M. laxa* (cepa 90C). Posteriormente, se incubaron en fotoperiodo durante 6 días, evaluando la incidencia y severidad, basada en el porcentaje de flor afectada mediante la siguiente escala: 0) 0 %, 1) 75%, con el fin de evaluar el distinto grado de susceptibilidad a la enfermedad. Asimismo, se evaluó la susceptibilidad fenológica de la flor en tres variedades de almendro, una temprana, otra media y otra tardía en distintos estados de floración (D, E, F1 y F2) siguiendo la metodología anteriormente mencionada. Nuestros resultados muestran que existen distintos grados de susceptibilidad a la enfermedad entre las distintas variedades comerciales evaluadas, y que el perfil se repite en los dos años evaluados. Por último, se observó que los estados fenológicos de floración más sensibles fueron D y F1, en las tres variedades evaluadas, independientemente de si la variedad era, temprana, media o tardía. La metodología puesta a punto en este estudio permitirá evaluar en condiciones de laboratorio la susceptibilidad de las flores del almendro a infecciones de *M. laxa*. Este estudio revela que existe un abanico de susceptibilidad a la moniliosis en almendro en el



Valle del Ebro, además de que, dependiendo del estado fenológico de la flor, tendrá distinto grado de susceptibilidad, lo cual puede ser un soporte para el manejo integrado del cultivo.

Financiado por: Generalitat de Catalunya (Programa CERCA y ayuda 2021 SGR-01477); Grupo operativo “Estrategias para el control sostenible de *Monilinia* spp. en almendro: MonControl” (Proyecto financiado a través de la Operación 16.01.01 del Programa de Desarrollo Rural de Cataluña 2014-2020)

P.49. Espectroscopía y fluorescencia de clorofila para la caracterización racial de roya amarilla en trigo.

María Teresa García López¹, María Francisca Ruz Ruiz¹, Juan Rafael Porras Pérez², Josefina Carmen Sillero Sánchez de Puerta², José Antonio Jiménez Berni¹

¹ AgroPhenoLab, Instituto de Agricultura Sostenible - Centro Superior de Investigaciones Científicas (IAS-CSIC), Córdoba, España

² Área de Mejora y Biotecnología, Instituto Andaluz de Investigación y Formación Agraria (IFAPA). Centro Alameda del Obispo, Córdoba, España.

Tipo Comunicación: ORAL SEF

Palabras Clave: Trigo, roya amarilla, nuevas razas Pst, NILs, detección temprana, fluorescencia clorofila, espectroscopía.

Resumen:

La roya amarilla, también conocida como roya estriada o roya lineal (“yellow rust”, Yr), es una enfermedad fúngica conocida desde hace siglos que afecta principalmente al trigo, tanto duro como harinero, y es causada por *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* (Pst). Recientemente, nuevas razas asiáticas de Pst, probablemente introducidas por el viento a larga distancia, han causado pérdidas significativas en cultivos europeos, incluso en variedades previamente resistentes. Esta enfermedad es policíclica y su desarrollo epidémico depende de la rapidez con que avanza. Factores agronómicos y ambientales como la susceptibilidad del hospedante, la humedad y la temperatura, influyen en las epidemias. En la primavera de 2024, condiciones favorables propiciaron su propagación. Nuestro estudio se enfocó en caracterizar diferentes razas de roya amarilla en 52 líneas casi isogénicas (NILs) del cultivar Avocet, conocido por su susceptibilidad a Yr. Cada línea posee un gen único de resistencia a Yr. Además, evaluamos otras variedades de trigo harinero (*Triticum aestivum* L.) con genes conocidos de resistencia. A lo largo de la primavera, evaluamos visualmente las plantas cuatro veces, desde la fase de expansión de la hoja bandera hasta la maduración, utilizando la escala de severidad de Cobb (superficie de hoja afectada). Paralelamente, medimos la actividad fotosintética de la hoja bandera (4 repeticiones/NIL) y la reflectancia espectral de la micro-parcela (3 repeticiones/NIL) utilizando equipos portátiles como un fluorómetro PhotosynQ y un espectro-radiómetro SVC HR-1024i, respectivamente. Observamos diferencias visuales significativas en la severidad de la enfermedad entre las NILs. Algunas mostraron susceptibilidad al patógeno, otras presentaron una respuesta hipersensible con necrosis celular, y otras resultaron resistentes. Identificamos varios genotipos



con severidad media que permitieron correlacionar la evolución de los síntomas con los espectros y los cambios en parámetros fotosintéticos, mostrando una relación directa con los cambios visuales observados. El desarrollo de herramientas de fenómica para la detección temprana de nuevas razas de este patógeno virulento es crucial para implementar medidas que mitiguen su impacto en los cultivos de trigo, además de proporcionar evaluaciones objetivas que pueden ser usadas a gran escala y en estudios de identificación de genes de resistencia.

Financiado por: Este trabajo ha sido financiado por los proyectos PID2020-118650RR-C32 y PID2020-118650RR-C33 de investigación del MICIU/AEI/10.13039/501100011033. El contrato de M. T. García López es parte de la ayuda JDC2022-048362-I, del MICIU/AEI/10.13039/501100011033 y la Unión Europea NextGenerationEU/PRTR.

P.50. Modelización global del riesgo de *Fusarium Oxysporum* f. sp. cubense raza TR4 mediante imágenes satelitales

Valle Egea-Cobrero¹, Juan Moral², Rocío Calderón³

1 Instituto de Agricultura Sostenible, Consejo Superior de Investigaciones Científicas (IAS-CSIC). 14004 Córdoba, España.

2 Escuela Técnica Superior de Ingeniería Agronómica y de Montes (ETSIAM), Universidad de Córdoba. 14071 Córdoba, España.

3 School of Integrative Plant Sciences, Section of Plant Pathology & Plant-Microbe Biology, Cornell University. 14456 NY Geneva, EEUU.

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: *Fusarium Oxysporum*, TR4, plátano, modelización de distribución de especies, teledetección, machine learning

Resumen:

La *Fusariosis* del plátano o mal del Panamá, causada por el hongo del suelo *Fusarium Oxysporum* f. sp. *cubense* (FOC), representa la mayor amenaza para las plantaciones de plátano a escala global. La dispersión de la raza de FOC tropical 4 (TR4), detectada por primera vez en 1967 en Taiwán, está teniendo un impacto devastador en la variedad *Cavendish*, dominante a nivel mundial, y que fue seleccionada debido a su resistencia a otras razas previamente identificadas de FOC. Al no existir actualmente variedades resistentes o tratamientos efectivos para combatir a FOC TR4, se opta por realizar un manejo integrado de la enfermedad a través de su detección temprana, contención, y evaluación del riesgo de incidencia.

Esta investigación tiene por objetivo mapear el riesgo global de FOC TR4 e identificar los factores ambientales que determinan su incidencia y distribución potencial. Para ello, se han recopilado 437 registros de presencias de la enfermedad a partir de referencias bibliográficas. Posteriormente, se han utilizado modelos de distribución de especies basados en *machine learning* (Máxima Entropía, *Random Forest*, *Boosted Regression Tree* y *Artificial Neural Network*) junto con factores bioclimáticos, edáficos, topográficos y de vegetación, adquiridos a partir imágenes satelitales y modelos globales climáticos. Nuestros resultados indicaron que *Boosted Regression*



Tree es el modelo que mejor rendimiento obtuvo (AUC $0,9 \pm 0,032$, TSS $0,68 \pm 0,084$) e identificó la temperatura y humedad del suelo, la altitud y la presencia de tierras de cultivo como los principales factores que determinan el desarrollo de la Fusariosis causada por FOC TR4. Además, se estimaron regiones productoras de plátano libres de FOC con condiciones ambientales favorables para el desarrollo de la enfermedad en América (Caribe, México, Ecuador, Brasil, Bolivia, Paraguay y Argentina), África (Golfo de Guinea, República Democrática del Congo y Uganda), y Asia (Nepal, Bangladés, Camboya y Papúa Nueva Guinea). Este estudio permitirá mejorar la gestión del mal del Panamá al identificar los principales factores ambientales de riesgo y, de este modo, optimizar e intensificar los programas de vigilancia en las zonas más favorables para su desarrollo.

P.51 ¿Es posible que la sequía altere la interacción del vector del virus del mosaico del pepino y su planta huésped?

Miluska López¹, Jaime Jiménez¹, María Plaza¹, Aranzazu Moreno¹, Alberto Fereres¹

¹ Instituto de Ciencias Agrarias, Consejo Superior de Investigaciones Científicas, ICA-CSIC, Madrid, España

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: Cucumovirus, CMV, cambio climático, asentamiento, preferencia, transmisión viral, sequía

Resumen:

Algunos virus vegetales inducen cambios en sus plantas hospedadoras haciendo que sus insectos vectores prefieran asentarse en ellas y así facilitar su dispersión. Se ha descrito que pulgones vectores se sienten atraídos a plantas infectadas con virus y luego rechazan dichas plantas poco después de alimentarse, favoreciendo la dispersión de virus transmitidos de manera no persistente. Como consecuencia del cambio climático, las plantas están más expuestas a enfermedades virales y a fenómenos de estrés hídrico. Por ello, el objetivo de este trabajo es evaluar el efecto individual y combinado del estrés hídrico y la infección por el virus del mosaico del pepino (cucumber mosaic virus, CMV; *Cucumovirus*), transmitido de manera no persistente (NP), sobre la preferencia de su pulgón vector *Aphis gossypii* Glover (Hemiptera: Aphididae) en plantas de melón (*Cucumis melo* cv. Monique). Para ello, se realizaron experimentos de doble elección en condiciones de invernadero en los que se estudió la tasa de despegue y asentamiento de pulgones alados a diferentes tiempos tras la suelta (10, 30, 60, 120 y 180 min y 24h) en plantas sujetas a diferentes regímenes hídricos e infección viral: 1) planta infectada con CMV/80% de la capacidad de campo (CC) *versus* planta sana/80% CC; 2) planta infectada con CMV/30% CC *versus* planta sana/80% CC; 3) planta sana/80% CC *versus* planta sana/30% CC. Se realizaron comparaciones considerando la dispersión del vector en ambas direcciones. Los resultados obtenidos indican que los pulgones tienen preferencia a moverse hacia plantas bien regadas (80% CC) en ausencia de infección viral. En condiciones de estrés hídrico (30% CC) tanto en plantas sanas como en infectadas con CMV, no se obtuvieron diferencias significativas con respecto al control en



periodos cortos de evaluación. Sin embargo, tras 60 y 120 min desde la suelta, respectivamente, los pulgones se desplazaron preferentemente desde la planta infectada con CMV a la planta sana bien regada. Por otro lado, cuando la suelta se hizo en plantas infectadas con CMV al 80% CC, no se obtuvieron resultados significativos, aunque la tendencia de los pulgones fue migrar hacia plantas sanas al 80% CC. La modificación causada por CMV sobre las interacciones planta-vector que optimizan su transmisión y propagación se ve acentuada por la sequía, lo que tendría un efecto positivo en la dispersión de CMV en plantas cultivadas bajo estrés hídrico, ya que magnifica el desplazamiento del pulgón desde plantas infectadas bajo estrés hídrico hacia plantas bien regadas. Estos resultados pondrían de manifiesto la importancia e implicación del estrés hídrico en la dispersión de virus vegetales bajo las condiciones futuras de cambio climático.

Financiado por: Ministerio de Ciencia e Innovación (Proyecto: Multitrophic interactions between viruses, aphids and natural enemies in a changing climate; Referencia: PID2020-117074RB-I00)

P.52. Detección temprana de enfermedades vasculares en olivo y almendro con sensores proximales

Miguel Román-Écija¹, Guillermo León-Ropero¹, José Luis Trapero-Casas¹, Bárbara M. Quetglas-Calvo², Blanca B. Landa¹, Juan A. Navas-Córtes¹

¹ Instituto de Agricultura Sostenible (IAS), Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), 14004 Córdoba, España

² Grupo TRAGSA, 07009 Palma de Mallorca

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: *Xylella fastidiosa*, *Verticillium dahliae*, índices de vegetación, vigilancia epidemiológica

Resumen:

Las enfermedades causadas por patógenos vasculares como la bacteria *Xylella fastidiosa* (*Xf*) y el hongo *Verticillium dahliae* (*Vd*) representan una importante amenaza fitosanitaria para cultivos como el olivo y el almendro en el área Mediterránea. La detección temprana de plantas infectadas por estos patógenos, antes que muestren síntomas visibles, es clave para una adecuada vigilancia epidemiológica, manejo y control de las enfermedades que provocan. El objetivo de este trabajo ha sido caracterizar los rasgos espectrales fisiológicos y bioquímicos de las plantas que potencialmente pueden cambiar durante la infección por *Xf* y *Vd*. Para ello, se han utilizado cuatro sensores proximales que permiten adquirir, de forma continua y no destructiva, diferentes medidas directas de alta resolución en hoja de la reflectancia de las plantas, fluorescencia, termografía y estado hídrico.

Se evaluaron los síntomas en cuatro parcelas de regadío de almendro en la isla de Mallorca y cuatro de olivo en la provincia de Jaén en plantas infectadas naturalmente por *Xf* y *Vd*, respectivamente. En cada evaluación se tomaron medidas con cuatro sensores proximales:



Dualex, porómetro Licor y 2 Polypen que cubren el espectro visible y ultravioleta. Las medidas fueron tomadas en hojas de árboles no infectados y en árboles infectados tanto en ramas sanas como en ramas con síntomas de enfermedad. Además, se realizaron análisis mediante qPCR específicas para cada patógeno en muestras de peciolo y tallo para confirmar la infección de las plantas analizadas.

Los resultados obtenidos con los 78 índices de vegetación evaluados revelaron patrones diferenciados entre los árboles sanos no infectados de los sintomáticos para ambos patosistemas. También se observan diferencias, aunque más leves, de las hojas de árboles sanos de aquellas también asintomáticas medidas en árboles que están infectados y muestran síntomas. Por otro lado, el análisis discriminante permitió seleccionar entre 21 a 31 índices según la fecha de medida y patosistema con capacidad de discriminar entre los árboles en diferente estado fitosanitario. Se obtuvo una precisión en la clasificación del 63 al 76 % para Vd en olivar y del 74 al 87 % para Xf en almendro, con valores de kappa de Cohen superiores a 0.66 en todos los modelos evaluados. Asimismo, los índices de vegetación que tuvieron más peso en los modelos con capacidad de discriminar entre árboles infectados (incluso en ausencia de síntomas visibles) y sanos fueron aquellos relacionados con las antocianinas, carotenoides y xantofilas para Xf y algunos índices relacionados con la banda azul, carotenoides, la fluorescencia de clorofila y la conductancia estomática para Vd. El sistema de detección temprana desarrollado se puede implementar para sistemas de vigilancia epidemiológica así como de apoyo a programas de gestión integrada de enfermedades.

Financiado por: ITS2017-095(CAIB), KODA, BeXyl (Grant ID 101060593, EU-Horizon Europe), PIE202240E067-CSIC, PTI-SolXyl, QUAL21-023 IAS

P.53. Epidemiología de *Erwinia amylovora* en el norte de Argelia

Lina Talhi¹, Silvia Barbé², Inmaculada Navarro-Herrero², Mohammed Sebahia¹, Ester Marco-Noales²

1 Laboratorio de Biología Molecular, Genómica y Bioinformática, Departamento de Biología, Facultad de Ciencias de la Naturaleza y de la Vida, Universidad Hassiba Benbouali de Chlef, Chlef, Argelia.

2 Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias. Centro de Protección Vegetal y Biotecnología. Ctra CV-315, km 10-7 46113 Moncada, Valencia, España

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: CRISPRs, cinética de crecimiento, virulencia, perfil de ácidos grasos, plásmidos, VNTRs, MLSA, patogenicidad

Resumen:

El fuego bacteriano, causado por *Erwinia amylovora*, es la enfermedad más destructiva que afecta a las rosáceas, especialmente a frutales de pepita, causando importantes pérdidas económicas a nivel mundial. En Argelia, se detectó por primera vez en 2010, en plantaciones comerciales de peral en el norte, aunque se sospecha que la enfermedad podría haber estado presente antes y que las condiciones meteorológicas contribuyeron a su dispersión. Actualmente, se ha extendido por



todo el país, afectando a regiones productoras de manzana y pera, lo que se ha convertido en una gran amenaza para el sector.

En este estudio se analizó la epidemiología de la enfermedad en Argelia, mediante la caracterización fenotípica y genotípica de cepas aisladas de diferentes regiones del país entre 2016 y 2021. Estas cepas muestran diferencias fenotípicas, principalmente en cinética de crecimiento, virulencia y perfil de ácidos grasos, permitiendo distinguir cinco grupos probablemente relacionados con varios eventos de introducción. La caracterización genética revela que sólo una cepa no contiene el plásmido pEA29, que es la cepa de menor virulencia, y ninguna posee el pEI70, hasta ahora solo presente en cepas europeas. Un análisis filogenético utilizando las secuencias de los genes *recA*, *groEL*, *rpoS*, *ams* y *hrpN* agrupa las cepas en un mismo clado. Por último, mediante análisis CRISPRs se identifican tres genotipos: uno ya descrito (4-24-38/Aa?) y dos nuevos (4-29-38 /Ae? y NP-24-38/na?). Estos resultados permiten concluir que las cepas de Argelia podrían estar relacionadas con el primer brote de fuego bacteriano que afectó a Europa y se extendió a varios países, entre ellos Italia, principal proveedor de fruta de Argelia.

Financiado por: Este trabajo ha sido financiado por el Ministerio de Enseñanza Superior e Investigación Científica de Argelia y por el proyecto IVIA-GVA 52202D del Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias (proyecto susceptible de ser cofinanciado por la Unión Europea a través del Programa FEDER 2021-2027 Comunitat Valenciana).

P.54. Riesgo de introducción de bacterias de cuarentena a través de frontera: *Ralstonia solanacearum*

Silvia Barbé¹, Inma Navarro-Herrero¹, Adela Monterde¹, Raquel Bertí¹, Félix Morán¹, Carlos Sala-Sierra¹, Ester Marco-Noales¹

¹ Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias. Centro de Protección Vegetal y Biotecnología. Ctra CV-315, km 10-7 46113 Moncada, Valencia, España

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: *Ralstonia*, tubérculos, frontera, DNA Barcode, PCR, detección, identificación, filotipos, patogenicidad, cacahuetes, cúrcuma, jengibre, patatas

Resumen:

La globalización y el incremento del comercio han aumentado el riesgo de introducción de nuevas enfermedades, que tendrían consecuencias graves en la producción agrícola. En el Laboratorio Nacional de Referencia de Bacterias Fitopatógenas (LNRBF), entre otras funciones, realizamos el análisis de muestras de importación que, conforme a la legislación vigente, son enviadas por los inspectores de los Puntos de Control en Frontera.

Entre 2023 y la primera mitad de 2024, el LNRBF analizó más de 300 muestras para la detección de bacterias consideradas de cuarentena, de diferentes especies vegetales. En más del 91%, se solicitaba el análisis para el complejo de especies de *Ralstonia solanacearum* (RssC), de acuerdo



con el Reglamento de Ejecución (UE) 2022/1193, la Decisión de Ejecución 2011/787/UE y el Plan de muestreo para las detecciones de infecciones latentes del MAPA. Este complejo está formado por las especies *R. solanacearum* (Filotipo II), *Ralstonia pseudosolanacearum* (Filotipos I y III) y *Ralstonia syzygii* (Filotipo IV), todas ellas con efectos devastadores en numerosos cultivos estratégicos.

Las muestras se analizaron siguiendo los protocolos de diagnóstico EPPO PM 7/21 y 129, de acuerdo con la reglamentación. No obstante, estos protocolos solo contemplan el análisis de tubérculos de patata, por lo que se tuvo que poner a punto para otros hospedadores, como boniato, jengibre, cúrcuma y cacahuete. En el 2.4% de las muestras de tubérculos de patata, se identificó *R. solanacearum* (Filotipo II), en una de las once muestras de jengibre y en dos de las cuatro de cacahuete se detectó *R. pseudosolanacearum* (Filotipo I). En el 99% de todas estas muestras con detección positiva se consiguió el aislamiento de la bacteria. Se ha generado una colección de cepas de ambas especies, y se han evaluado sus principales características.

Estos resultados demuestran el riesgo de entrada de estas bacterias fitopatógenas a través de material vegetal.

Financiado por: El trabajo ha sido financiado parcialmente por el LNRBF (MAPA) y por el proyecto IVIA-GVA 52202D del IVIA (proyecto susceptible de ser cofinanciado por la Unión Europea a través del Programa FEDER 2021-2027 Comunitat Valenciana).

P.55. Vectores, huéspedes y cepas de Flavescencia Dorada en Girona: estudio de su dispersión y reemergencia para una erradicación efectiva.

Honorat Sabater Anticó¹, Jordi Mateu Pozuelo¹, Núria Real Tortosa², Jordi Sabaté Rabella²

1 Unitat de Sanitat Vegetal a Girona de la Generalitat de Catalunya El Cortalet. Ctra de St. Pere Pescador Km.13,6. Castelló Empúries. 17486. Girona.

2 Institut de Recerca i Tecnologia Agrolimentàries (IRTA). Programa de Protecció Vegetal Sostenible. Ctra de Cabrils Km 2. 08348 Barcelona.

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: Flavescencia dorada, vid, fitoplasmas, *Scaphoideus titanus*, epidemiología

Resumen:

La Flavescencia Dorada (FD) de la vid representa una de las amenazas más significativas para los cultivos de vid en Europa. Esta enfermedad la causa el fitoplasma “*Candidatus Phytoplasma vitis*”, ampliamente distribuido por Francia, Italia, los Balcanes, Centro-Europa y el norte de Portugal. En España hay está presente en las provincias de Pontevedra y en Girona con pequeños focos recurrentes erradicados desde los años noventa. La distribución de la enfermedad en España coincide a grandes rasgos con la distribución de su principal vector *Scaphoideus titanus* (ST). Esto hace que la lucha contra el vector sea clave para la erradicación de la enfermedad juntamente



con la prospección visual y por QPCR de vides infectadas. En 2021 se declaró el último foco de FD en el Gironès, que en 2022 se amplió a 5 en unos 10 km de diámetro. En 2023 sólo se detectó un nuevo foco, disminuyendo la incidencia drásticamente en los focos anteriores. Durante 2022 y 2023 se capturaron insectos por aspiraron en las vides y márgenes quincenalmente de mayo a noviembre. También se analizaron por QPCR, aleatoriamente y por síntomas, plantas leñosas de los bordes de los viñedos afectados. Se detectó la presencia de fitoplasmas mediante una sonda general de Christensen y específicas para FD de Hren, y Angelini multiplexada con detección simultánea de otros fitoplasmas de vid como Bois Noir y Aster Yellows. No se capturaron adultos de ST en ninguna de las 3 parcelas estudiadas, hecho que demuestra la efectividad de los tratamientos, siendo una de las claves del éxito en la erradicación. En los márgenes se capturaron principalmente *Euscelis* sp. y entre los vectores de FD reportados *Dyctiophara* sp., y un individuo de *Phlogotettix cyclops*. Solo se detectó FD en porcentajes muy bajos en *Euscelis* sp. y en un individuo de *Dyctiophara* sp. Las capturas fueron muy bajas en general, probablemente por la sequía extrema. Entre las plantas salvajes, solo se detectó FD en algunos individuos de *Clematis flammula*. En paralelo se detectaron “Ca. P. rhamni” (16SrX-E) y PEY phytoplasma (16SrIX-C), ambos en *Rhamnus alaternus*. El análisis MLST de secuencias (Mahlembic-Maher et al., 2020) de 10 vides y 9 C. flammula reveló la no coincidencia de cepas entre los dos huéspedes, siendo en vid M54 y en clematis M12. M54 es la cepa más común y virulenta, distribuida por toda Europa, mientras que M12 está ampliamente distribuida en clematis en toda Europa y se ha detectado muy pocas veces en vid. Con los resultados hasta el momento, todo parece indicar que los focos en los viñedos no proceden de la vegetación salvaje circundante, hecho clave en la erradicación y contención REFS: Malembic-Maher, 2020.

Financiado por: Generalitat de Catalunya. Departament Acció Climàtica, Alimentació i Agenda Rural

P.56. Distribución geográfica de las razas de *Fusarium Oxysporum* f. sp. lactucae en lechuga de España

Moisés de León¹, Daniel Palmero¹, Laura Gálvez¹

1 Laboratorio de Protección Vegetal, Producción Agraria, Escuela Técnica Superior de Ingeniería Agronómica, Alimentaria y de Biosistemas (ETSIAAB), Universidad Politécnica de Madrid (UPM).

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: fusariosis, necrosis vascular, raza 4, FOLac

Resumen:

España es el cuarto mayor productor de lechuga a nivel mundial y líder en Europa. La producción se orienta principalmente a la exportación, con un valor de 790 millones de euros. El hongo *Fusarium oxysporum* f. sp. *lactucae* (FOLac) es uno de los principales patógenos que afectan al cultivo de la lechuga. La raza 4 de este patógeno vascular ha sido detectada recientemente en la provincia de Albacete (España). La presencia de esta nueva raza fisiológica del patógeno en los



campos españoles está repercutiendo gravemente en la producción. No se conoce hasta la fecha la distribución geográfica de la raza de este patógeno o si está presente en el resto de las zonas productoras de lechuga españolas. En este estudio se pretende muestrear suelos y lechugas sintomáticas con necrosis vascular para identificar la raza de FOLac. Durante 2023 y 2024, se muestrearon diversas parcelas comerciales de lechuga de diferentes zonas geográficas: Galicia, Navarra, Albacete, Granada y Murcia. El aislamiento de *F. oxysporum* se realizó utilizando diferentes medios de cultivos. Posteriormente, a partir de los cultivos monospóricos se realizaron diferentes ensayos de PCR con cebadores específicos para identificar la raza 1 y raza 4 de FOLac.

Los suelos fueron tamizados y analizados microbiológicamente en medio de cultivo selectivo para *Fusarium* para conocer la diversidad fusárica y la densidad de inóculo de *F. oxysporum*. Los resultados de este trabajo permitirán conocer la evolución geográfica y temporal de este patógeno en España y establecer así la mejor estrategia de manejo de la enfermedad.

Financiado por: Este trabajo está financiado por Plan Estatal de Investigación Científica, Técnica y de Innovación 2021-2023 and Proyectos de Generación de Conocimiento, Convocatoria 2021 (PID2021-125545OR-C22).

P.57. Detección de infecciones latentes para validar un modelo de predicción de Repilo en olivo.

Lorenzo Chiapparoli¹, Andrés Felipe Pascagaza¹, Maela León¹, Catarina Leal², Rebeca Bujanda², Elisa González-Domínguez³, Mónica Berbegal¹

1 Instituto Agroforestal Mediterráneo, Universitat Politècnica de València, Camino de Vera s/n, 46022, Valencia.

2 Instituto de Ciencias de la Vid y del Vino (ICVV), CSIC, Ctra. de Burgos Km. 6, 26007, Logroño.

3 Horta srl., Via Egidio Gorra 55, 29122 Piacenza, Italia.

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: Detección, infecciones latentes, qPCR, olivo, repilo, *Venturia oleaginea*

Resumen:

El repilo causado por el hongo *Venturia oleaginea* es una enfermedad muy extendida en las zonas productoras de olivo que puede provocar graves pérdidas de rendimiento. En los últimos años ha aumentado el conocimiento sobre la biología y epidemiología del patógeno, y se han desarrollado diversos modelos matemáticos para predecir los riesgos de infección. Sin embargo, la validación de estos modelos se ve limitada por unos periodos de latencia variables y prolongados. El objetivo de este estudio fue la puesta a punto de una metodología basada en qPCR para la detección de las infecciones latentes que permita mejorar el conocimiento de la enfermedad y validar los modelos epidemiológicos previamente desarrollados. En primer lugar, se optimizaron las condiciones de reacción, se obtuvo la curva estándar, y se evaluó el protocolo en laboratorio utilizando suspensiones con diferentes concentraciones de esporas. Además, se tomaron quincenalmente (de marzo a junio de 2024) muestras de hojas de olivo con y sin síntomas de repilo en parcelas



localizadas en Enguera (Valencia) y Logroño (La Rioja). En las muestras se cuantificó la esporulación y se evaluó la severidad de los síntomas antes y después de un tratamiento con hidróxido sódico para identificar las infecciones latentes. Una vez lavadas las hojas se procedió a la extracción y cuantificación del ADN del patógeno mediante qPCR. Respecto a la evaluación de la metodología en el laboratorio se observó una correlación significativa entre la concentración de esporas y la de ADN del hongo. Tanto el tratamiento con hidróxido sódico como el análisis mediante qPCR permitieron detectar las infecciones latentes en las muestras de hojas asintomáticas. La metodología se podrá utilizar para validar modelos de predicción de la infección de repilo en olivo.

Financiado por: Erasmus Mundus Master's Degree in Plant Health in Sustainable Cropping Systems.



Área: Gestión de Enfermedades

P.58. Tras la búsqueda de nuevos aliados y sinergias: selección de nuevas cepas de *Bacillus* y confirmación de la eficacia de productos *in vitro*

M. Mercedes Maldonado González¹, María Sánchez García¹, Laura Martínez Pozuelo¹, María Pérez Guirao¹, Jorge Malo López-Román¹, Antonio Bernal Soro¹

¹ PROBELTE SAU Murcia

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: Caracterización, *Bacillus*, metabolitos secundarios, enzimas hidrolíticas, sideróforos, motilidad, endofitismo, antagonismo, COVs

Resumen:

Es consabido que los microorganismos que actúan como agentes de control biológico (ACB) son capaces de desplegar numerosos mecanismos para frenar la proliferación de microorganismos fitopatógenos. Estos mecanismos incluyen, entre otros, la producción de metabolitos secundarios, tales como sideróforos, biosurfactantes, enzimas hidrolíticas (amilasas, -glucosidasas, catalasas, celulasas, pectinasas, proteasas y quitinasas); además de la motilidad bacteriana (swimming, swarming y twitching) y el endofitismo. Por otro lado, ensayos *in vitro* como el cultivo dual, en el que se produce un enfrentamiento directo entre ACB y patógeno; la difusión en agar, que testa la capacidad inhibitoria de los compuestos extracelulares; y el ensayo de placa de Petri doble, que muestra la producción de aquellos COVs (compuestos orgánicos volátiles), permiten filtrar de una manera rápida a aquellos microorganismos con mayores capacidades potencialmente antagonistas, relacionadas pues, con el control biológico de fitopatógenos.

Tras un escrutinio previo del cepario de Probelte, comprendido por 38 cepas de diferentes géneros, en el que se testaron algunas de estas características asociadas a biocontrol, 6 cepas de *Bacillus* destacaron de manera notable, 4 de las cuales forman parte de productos ya comercializados por la empresa. Posteriormente, se procedió a una caracterización más en profundidad de las mencionadas cepas y a testar su capacidad endofítica en plántulas de tomate y pimiento *in vitro* tras ser inoculadas en semilla. Finalmente, se analizó la inhibición *in vitro* causada por 3 productos comercializados de Probelte, basados en algunos de los *Bacillus* seleccionados.

Los resultados verificaron la idoneidad de las cepas seleccionadas en cuanto a su uso como ACB, remarcando que todas ellas fueron capaces de colonizar endofíticamente los tejidos de los dos cultivos bajo estudio *in vitro*. Asimismo, en cuanto al análisis de los productos éstos mostraron que, incluso tras la formulación de las bacterias fermentadas, se conservó la actividad antagonista sobre los hongos fitopatógenos testados. Estos ensayos abren la puerta a la creación de nuevos productos basados en sinergias entre los 6 microorganismos seleccionados.



Financiado por: Financiado por las Ayudas Torres Quevedo dentro del Plan Estatal de Investigación y Técnica y de Innovación 2021.

P.59. Estrategias para el control de la mancha ocre del almendro basadas en la reducción del inóculo primario de *Polystigma amygdalinum*

**Gemma Pons-Solé¹, Elisenda Castellet-Godall¹, Lidia Aparicio-Durán², Laura Torguet²,
Xavier Miarnau², Jordi Luque¹**

1 IRTA, Programa de Protección Vegetal Sostenible, Ctra. de Cabrils km 2, 08348 Cabrils
2 IRTA, Programa de Fruticultura, Fruitcentre, PCiTAL, Parc de Gardeny, 25003 Lleida

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: inóculo primario, mancha ocre, manejo, *Polystigma amygdalinum*, *Prunus amygdalus*

Resumen:

La mancha ocre del almendro, causada por el ascomiceto *Polystigma amygdalinum*, es una enfermedad foliar grave en áreas del Mediterráneo y Oriente Medio. El control de esta enfermedad se basa principalmente en la aplicación preventiva de fungicidas. También se han explorado otras prácticas de control adicionales, basadas principalmente en el manejo del cultivo, para reducir el inóculo primario del patógeno en la hojarasca. En este estudio evaluamos el efecto de cuatro productos químicos sobre la biomasa de *P. amygdalinum* y la producción de ascosporas en hojas tratadas con dichos productos. Además, también evaluamos el efecto de dos prácticas habitualmente recomendadas (el tratamiento con urea y la eliminación de hojarasca) sobre la dinámica del inóculo en el aire y la incidencia de la mancha ocre en condiciones reales de cultivo. La urea y el polisulfuro cálcico redujeron significativamente la producción de ascosporas de *P. amygdalinum*, en comparación con el control, en un 99% y 94% respectivamente. La urea fue además el único producto que redujo significativamente la biomasa fúngica. En condiciones de campo, tan sólo la eliminación de la hojarasca redujo significativamente las ascosporas de *P. amygdalinum* en el aire (60% con respecto al control), pero ello no se reflejó en reducciones significativas en la incidencia y la severidad de la enfermedad. Por otro lado, la urea redujo un 45% la presencia de ascosporas de *P. amygdalinum* en el aire y presentó un ligero descenso (4%), aunque significativo, en la incidencia de la enfermedad.

Financiado por: Proyectos RTA2017-00009-C04-01, financiado por INIA, y PID2020-114468RR-C31, financiado por MICIU/AEI (10.13039/501100011033)



P.60. Análisis de QTLs sobre la susceptibilidad a la mancha ocre del almendro

Alejandro Calle¹, Gemma Pons-Solé², Núria Real², Laura Torguet¹, Xavier Miarnau¹, Iban Eduardo³, Ignasi Batlle⁴, Jordi Luque²

1 IRTA, Programa de Fruticultura, Fruitcentre, PCiTAL, Parc de Gardeny, 25003 Lleida

2 IRTA, Programa de Protección Vegetal Sostenible, Ctra. de Cabrils km 2, 08348 Cabrils

3 IRTA, Centre de Recerca en Agrigenòmica (CRAG), CSIC-IRTA-UAB-UB. 08193 Cerdanyola del Vallès

4 IRTA, Programa de Fruticultura, Mas Bové, Ctra. Reus-El Morell km 3,8, 43120 Constantí

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: haplotipos, mancha ocre, *Polystigma amygdalinum*, *Prunus amygdalus*, QTLs, tolerancia

Resumen:

La mancha ocre del almendro (*Prunus amygdalus*), causada por el hongo ascomiceto *Polystigma amygdalinum*, se caracteriza por la aparición de lesiones anaranjadas de diferentes formas y tamaños en las hojas. Su incidencia, en algunos casos, puede resultar en defoliaciones severas del árbol y en potenciales pérdidas de cosecha. Con el objetivo de avanzar en el conocimiento de la base genética de esta enfermedad, se han fenotipado 90 individuos procedentes del cruzamiento F1 entre “Tarraco” (muy susceptible) × “Vairo” (ligeramente susceptible) para determinar la susceptibilidad a la mancha ocre. En cada individuo, así como en los respectivos parentales, se evaluó durante cuatro años la incidencia y la severidad de la enfermedad mediante observación visual en campo de los síntomas. Del mismo modo, todos los individuos de la población se genotiparon con marcadores moleculares usando el chip de Axiom 60K SNP para almendro. Posteriormente, se construyeron los mapas genéticos para “Tarraco”, “Vairo” y el mapa consenso (T×V). Estos tres mapas, junto con los datos fenotípicos recogidos, se usaron como base para la realización de análisis de locus de caracteres cuantitativos (QTLs) usando el software MapQTL. Se identificó un QTL mayor en ambos parentales y en T×V en el grupo de ligamiento (GL) 3, tanto para la incidencia como para la severidad, explicando entre el 18 y 31% de la varianza fenotípica. También se identificaron algunos QTLs menores en años específicos y en algunos de los parentales únicamente, localizados en los GLs 1, 7 y 8. El análisis de haplotipos del QTL principal en el GL3 reveló la existencia de un alelo presente en ambos parentales relacionado con la reducción de la incidencia y la severidad de la enfermedad en un 10% cuando se encuentra en homocigosis en los individuos de la población.

Financiado por: Proyectos RTA2017-00084-00-00, financiado por INIA, y PID2020-114648RR-C31 y PID2020-118612RR-100, financiados por MICIU/AEI (10.13039/501100011033)



P.61 Enmienda del suelo con compost para reducir a *V. dahliae* introducido mediante el riego

Dolores Rodríguez-Jurado¹, Juan Carlos Hidalgo-Moya¹, Javier Hidalgo-Moya¹, Victorino Vega-Macías¹

¹ IFAPA Centro Alameda del Obispo, Córdoba.

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: Verticilosis, defoliante, control, materia orgánica, alperujo, olivo

Resumen:

Los materiales biodegradables procedentes del sector del olivar se incorporan al suelo compostados para mejorar, en general, su fertilidad y salud. El impacto de esta práctica sobre hongos de suelo como *Verticillium dahliae* podría variar con el origen y la cantidad de compost. Se determinó *in vitro* la fitotoxicidad y fungitoxicidad frente a *V. dahliae* de compost de autoconsumo de distinto origen a diferentes dosis y se valoró en ambiente natural su eficacia para reducir el establecimiento del patógeno en el suelo y el desarrollo de Verticilosis en olivo cuando se riega con agua infestada. Se utilizaron dos compost (A y B) procedentes de diferentes fuentes compuestos por alperujo y hojas de olivo adicionados con estiércol de ave (compost A) o con abono inorgánico (compost B). Suelo de campo libre de *V. dahliae* (control) y cinco dosis de cada compost (sustrato con 20-100% de compost en suelo de campo), autoclavados o no, se utilizaron para determinar el índice de germinación de semillas incubadas sobre los sustratos. El suelo y los sustratos se infestaron con *V. dahliae* e incubaron para estimar la fungitoxicidad sobre medio de cultivo. Cada tratamiento se repitió tres veces y los bioensayos se duplicaron. En el ensayo al aire libre, el compost se aplicó al suelo de campo anterior en el que crecieron plantones de 3 años de edad en macetas. La aplicación se realizó 2,5 meses antes del riego por goteo sin (controles) o con inóculo defoliante de *V. dahliae*. Los compost A y B se colocaron sin autoclavar sobre el suelo a la dosis habitual en campo, la mitad y el doble de ella, y a esta última, autoclavados o no, bajo el suelo. Los tratamientos se dispusieron en cuatro bloques al azar con dos árboles (uno por maceta) en cada bloque. Se realizó un seguimiento del patógeno en el suelo y de la Verticilosis en el árbol. El compost A fue altamente fitotóxico a todas las concentraciones *in vitro*. La dosis y la esterilización afectaron a la fitotoxicidad del compost B principalmente, e influyeron más que el origen del compost sobre la fungitoxicidad *in vitro*. En general, ambos parámetros fueron menores en sustratos no estériles que estériles y aumentaron al aumentar la dosis de compost en mayor magnitud en sustratos estériles. Se estimó 50% de reducción de viabilidad del hongo a dosis de 18 y 20 ó 10 y 14% de A y B, no estéril o estéril respectivamente, las cuales no fueron fitotóxicas en el caso de B. Seis meses después de la aplicación de compost en el ensayo al aire libre, la densidad de inóculo de *V. dahliae* fue reducida por el compost A aplicado sobre el suelo a dosis por encima de la de campo, la cual no causó enfermedad cuando el compost se aplicó bajo el suelo.

Financiado por: Financiado por el proyecto TRA2023.03 del IFAPA cofinanciado al 85% por fondos FEDER de Andalucía 2023-2027.



P.62. Productos comercializados como mejoradores de la nutrición afectan a la Verticilosis del olivo

Dolores Rodríguez-Jurado¹

¹ IFAPA Centro Alameda del Obispo, Córdoba.

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: Manejo de enfermedades, resiliencia, *V. dahliae*, bioestimulantes, biofertilizantes

Resumen:

Existe en el mercado una amplia gama de productos fertilizantes mejoradores indirectos de los procesos de nutrición de las plantas conocidos como bioestimulantes o biofertilizantes (en adelante bios). Su aplicación a los cultivos aumenta sin considerar que podrían interferir con enfermedades que varían con la nutrición como las Verticilosis. Se planteó conocer el efecto de la aplicación de productos comercializados como bios sobre la Verticilosis, la densidad de *Verticilium dahliae* en el suelo y el crecimiento del olivo. Se valoraron productos formulados principalmente con extracto de alga, extracto húmico, *Pseudomonas* sp. o microorganismos del suelo no patógenos. Estos productos se comercializan como mejoradores de estreses abióticos o de la captación de nutrientes por la planta según el caso. Plantas de olivo del cultivar Picual se trasplantaron a macetas y regaron con cada uno de los cuatro productos durante tres meses antes o después de infestar el suelo (pre- o post-infestación, respectivamente) con conidias del patotipo defoliante de *V. dahliae*. Los bios se aplicaron a la dosis y con la periodicidad recomendadas para cada producto. Se incluyeron plantas en suelo no tratado con los productos e infestado como controles y plantas en suelo tratado no infestado para determinar el efecto de los bios sobre el crecimiento del olivo. El experimento en cámara de cultivo se repitió excepto porque el producto a base de extracto húmico se sustituyó por otro compuesto de aminoácidos de origen vegetal. Cada tratamiento experimental constó de 16 a 28 plantas según el destino de las mismas. Los bios variaron en su efecto sobre los parámetros estudiados. El producto con extracto húmico fue fitotóxico a olivo a la concentración y periodicidad ensayada. Los restantes bios aplicados en pre-infestación redujeron breve pero significativamente al hongo en el suelo en los experimentos. Esta reducción no resultó siempre en disminución de enfermedad. El producto a base de extracto de alga contribuyó consistentemente al manejo de la enfermedad por reducir, casi siempre significativamente, el área bajo la curva de progreso de la Verticilosis en el 20-64% y la incidencia de plantas muertas en el 61-87% según que se aplicara en pre- o post-infestación en ambos experimentos. El tratamiento en pre-infestación compensó la reducción del crecimiento del olivo causada por la inoculación también en ambos experimentos. El bio formulado con *Pseudomonas* sp. se caracterizó por incrementar repetidamente la biomasa del olivo tres meses después del trasplante. Otros tratamientos no tuvieron efecto significativo sobre la enfermedad o el crecimiento, o si lo tuvieron no se repitió.

Financiado por: Financiado por el proyecto AVA2019.031 del IFAPA cofinanciado al 80% por el fondo FEDER de Andalucía 2014-2020.



P.63. Bioprotección de la antracnosis del olivo causada por *Colletotrichum spp.* mediante extractos de granada y algarrobo

Begoña I. Antón-Domínguez¹, Luiza Sánchez-Pereira¹, Paula Baptista²³, Carlos Agustí-Brisach¹

1 Departamento de Agronomía (Unidad de Excelencia “María de Maeztu”2020-2024), ETSIAM, Universidad de Córdoba, Campus de Rabanales, Edificio Celestino Mutis, 14071 Córdoba, España

2 Centro de Investigação de Montanha (CIMO), Instituto Politécnico de Bragança, Campus de Santa Apolónia, 5300-253 Bragança, Portugal;

3 Laboratório Associado para a Sustentabilidade e Tecnologia em Regiões de Montanha (SusTEC), Instituto Politécnico de Bragança, Campus de Santa Apolónia, 5300-253 Bragança, Portugal

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: *Ceratonía siliqua*, *Colletotrichum spp.*, estrés oxidativo, *Olea europaea*, peróxido de hidrógeno, *Punica granatum*

Resumen:

La antracnosis del olivo (*Olea europaea*; AO), causada por especies del género *Colletotrichum*, es una de las enfermedades que más pérdidas económicas ocasiona en este cultivo. Su control se basa en el uso de fungicidas cúpricos, pero su impacto ambiental unido a las reducciones en su uso previstas, requieren de búsqueda de alternativas sostenibles como la bioprotección. El objetivo de este trabajo fue evaluar el efecto de extractos de piel de granada (*Punica granatum*) y hoja de algarrobo (*Ceratonía siliqua*) frente a la AO, y determinar sus mecanismos de acción. Se empleó sulfato de cobre (Cu) como tratamiento comparativo. Los extractos se evaluaron *in vitro* sobre el crecimiento micelial, producción y germinación de conidios y, formación de apresorios de *C. godetiae* y *C. nymphaeae*. Se llevaron a cabo bioensayos en aceitunas separadas y en plántones de olivo cv. Arbequina tratadas a la máxima dosis efectiva *in vitro* (3 y 2 g/l para los extractos y Cu, respetivamente) e inoculadas con ambos aislados. Ninguno de los extractos inhibió el crecimiento micelial significativamente. A la máxima dosis, ambos extractos y el Cu inhibieron al 100% la formación de apresorios de las dos especies de *Colletotrichum*. El extracto de granada redujo la germinación de conidios de *C. nymphaeae* (89,4% respecto al control), no difiriendo estadísticamente del Cu. Ambos extractos mostraron un efecto similar al Cu inhibiendo la producción de conidios de *C. godetiae* por encima del 90% respecto al control. El extracto de granada redujo en más de un 90% la producción de conidios de *C. nymphaeae*. Ambos extractos redujeron en más de un 33% la enfermedad en aceitunas cuando se realizó un tratamiento curativo.

El extracto de algarrobo redujo el progreso de la incidencia de la enfermedad en planta en un 34,9% respecto al control. El efecto inductor de resistencia de ambos extractos y el Cu se evaluó mediante cuantificación de H₂O₂ y producción de enzimas de estrés oxidativo en hojas de olivo recogidas a las 0, 3, 7 y 24 horas tras la inoculación de las plantas con *C. godetiae*. Ambos extractos incrementaron la producción de H₂O₂ en plantas inoculadas en más de un 35% con respecto al control sin tratar y sin inocular y, en más de un 14% con respecto al control sin tratar inoculado.



Financiado por: Ministerio de Ciencia e Innovación (PID2021-123645OA-I00 BIOLIVE), cofinanciada por Fondos FEDER de la UE. Plan de Recuperación y Resiliencia (PRR), proyecto «Bio4Med-implementación de estrategias innovadoras para aumentar la sostenibilidad en cultivos perennes mediterráneos» (PRR-C05-i03-I-000083). BIAD disfruta de una ayuda FPI (PRE2020-096038). Agencia Estatal de Investigación, Programa Severo Ochoa y María de Maeztu para Centros y Unidades de Excelencia en I+D (CEX2019-000968-M).

P.64. Selección de microorganismos beneficiosos como potenciales agentes de control biológico frente a la Verticilosis del olivo

Ola Muhammed-Ahmed¹, Ana López-Moral¹, María C. Raya¹, Francisco Javier López-Escudero¹, Antonio Trapero¹, Carlos Agustí-Brisach¹

¹ Departamento de Agronomía (Unidad de Excelencia “María de Maeztu”2020-2024), ETSIAM, Universidad de Córdoba, Campus de Rabanales, Edificio Celestino Mutis, 14071 Córdoba, España

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: biocontrol, *Olea europaea*, screening, *Verticillium dahliae*

Resumen:

Uno de los retos más importantes de la olivicultura es el control de la Verticilosis causada por el hongo de suelo *Verticillium dahliae*. La ausencia de productos químicos eficaces, entre otros factores propios de la biología del patógeno, hace que su control sea complicado, siendo necesaria la búsqueda de alternativas de manejo integrado. En este contexto, el control biológico se presenta como una estrategia potencialmente eficaz y sostenible y que, además, puede complementar otros métodos de control dentro de una estrategia de gestión integrada. En este sentido, el objetivo del presente trabajo ha sido determinar el efecto de 29 microorganismos beneficiosos (agentes de control biológico; ACBs), 23 hongos y 6 bacterias aislados de diferentes orígenes vegetales, sobre el crecimiento micelial de *Verticillium dahliae* (aislados V-180, V-323) y la viabilidad de los microesclerocios del patógeno en dos suelos naturalmente infestados. Asimismo, se ha evaluado la eficacia de estos microorganismos sobre el desarrollo de la Verticilosis en plantones de olivo cv. Picual en condiciones controladas empleando un sustrato infestado artificialmente con *V. dahliae*. De entre los 29 ACBs evaluados, sólo *Fusarium Oxysporum* PV-339, PV-353 y PV-1030, y *Neocosmospora rubicola* PV-826 inhibieron en más del 50% el crecimiento micelial de *V. dahliae*, independientemente del aislado del patógeno empleado. Por su parte, únicamente *Fusarium Oxysporum* PV-353 y PV-1030 inhibieron en más del 50% la viabilidad de microesclerocios de *V. dahliae* en los dos suelos estudiados. Los bioensayos en plantones de olivo mostraron que los hongos *Aureobasidium* sp. PV-380, *Fusarium Oxysporum* PV-339 y PV-353, *Trichoderma* sp. PV-346; y la bacteria *Bacillus amyloliquefaciens* PV-700 redujeron significativamente la severidad y el progreso de la enfermedad en planta en comparación con el control inoculado sin tratar. Para los ACBs que mostraron una eficacia alta en el control de la enfermedad en planta, pero una baja eficacia directa contra el patógeno, los resultados sugieren un posible efecto inductor de resistencia en la planta. Estos resultados demuestran la dificultad



que supone encontrar ACBs eficaces en la naturaleza, observándose gran variabilidad en su efecto frente a la enfermedad entre los ACBs estudiados, incluso entre aislados dentro de un mismo género o especie, así como en la diversidad de modos de acción.

Financiado por: Ministerio de Ciencia e Innovación (PDC2021-121765-I00 “VERTOLEA”; PID2021-123645OA-I00 “BIOLIVE”), cofinanciada por Fondos FEDER de la UE. OMA disfruta de una beca predoctoral financiada por el Ministerio de Educación Superior de Egipto. Agencia Estatal de Investigación, Programa Severo Ochoa y María de Maeztu para Centros y Unidades de Excelencia en I+D (CEX2019-000968-M).

P.65 Efecto de la refrigeración de los trasplante de fresa sobre su colapso por *Neopestalotiopsis* spp.

Manuel Avilés¹, Patricia López¹, Ana María Pastrana¹, Celia Borrero¹

¹ Dpto. Agronomía, ETSIA, Universidad de Sevilla

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: fresa, *Neopestalotiopsis* spp., Podredumbre de raíz y corona, fuentes de inóculo, susceptibilidad cultivar, incidencia, control físico, refrigeración

Resumen:

Hasta hace poco tiempo, *Neopestalotiopsis* spp. se ha considerado un patógeno secundario, débil y oportunista en fresa, casi siempre aislado de las coronas y raíces junto con otros hongos más agresivos. No obstante, desde que se reportara el primer caso de Podredumbre de corona y raíz en la provincia de Huelva (Chamorro y col., 2016), se ha observado como la incidencia de esta enfermedad ha ido creciendo. Actualmente es uno de los principales problemas fitosanitarios del sector fresero español. Se ha sugerido que la principal fuente de inóculo primario de la enfermedad son las plantas para el trasplante, procedentes de los viveros (Rebollar-Alviter y col., 2020). También se ha asociado con una mayor incidencia un arranque temprano de las plantas para el trasplante y un escaso tiempo de almacenamiento refrigerado antes de la plantación en los campos de producción de fruta. El objetivo de este trabajo es evaluar el efecto del tiempo de almacenaje refrigerado antes de plantación en la incidencia de la enfermedad. Para ello, se eligieron dos cultivares de fresa que diferían en su susceptibilidad a la enfermedad: “Leticia” y “Cleopatra”. Un centenar de plantas para el trasplante de cada cultivar se inocularon mediante baño de raíces en una suspensión de $5 \cdot 10^5$ conidias/ml durante 30 minutos, del aislado Pe_13_1 de la micoteca del Laboratorio de Patología Vegetal de la Universidad de Sevilla, procedente de planta de fresa enferma. La mitad de las plantas de cada cultivar se almacenó durante 10 días a una temperatura de 5 ± 2 °C antes de su plantación y la otra mitad se plantó al día siguiente. La plantación se realizó en macetas de 1 litro con sustrato de turba) (Kekkilä Professional, Projar, S.L., Quart de Poblet, Valencia, España) y arena 1:1 v/v, abonado con 4 g/L de Osmocote (ICL Specialty Fertilizers Iberia, S. L., Murcia, España), y a razón de una planta por maceta. Las macetas se dispusieron al azar sobre dos bancadas en invernadero. El diseño experimental fue de



bloques al azar con dos repeticiones, con 25 macetas por variedad x almacenamiento en frío o no x bloque. Se regó diariamente según necesidades hídricas. A los 69 días de la inoculación se evaluó la incidencia, considerando la planta no viable para el productor como planta enferma. Así, se observó como el almacenamiento refrigerado durante 10 días redujo en el cultivar más susceptible un 33% la incidencia y en el cultivar menos susceptible se alcanzó a reducir la incidencia un 93%. En definitiva, el almacenamiento refrigerado prolongado por al menos 10 días reduce la incidencia de la Podredumbre de raíz y corona por *Neopestalotiopsis* en plantas inoculadas.

Financiado por: Contrato 68/83, Referencia: 4628/0037. Entidad financiadora: Masía Ciscar, S.A.

P.66. Selección de agentes de control biológico potenciales frente a *Colletotrichum godetiae*, agente causal de la antracnosis del olivo.

Luiza Sánchez-Pereira¹, Begoña I. Antón-Domínguez¹, Andrea Caneo¹², Antonio Trapero¹, Carlos Agustí-Brisach¹

1 Departamento de Agronomía, Universidad de Córdoba, Campus de Rabanales, Edif. C4, 14071 Córdoba

2 Dipartimento di Scienze Agrarie Alimentari e Agro-ambientali dell Università di Pisa, Via del Borghetto 80, 56124 Pisa, Italia

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: aceituna jabonosa, antracnosis, biocontrol, *Colletotrichum godetiae*, microorganismos beneficiosos, *Olea europaea*

Resumen:

El uso de microorganismos beneficiosos como agentes de control biológico (ACBs) se plantea como alternativa de control frente a *Colletotrichum godetiae*, principal agente causal de la antracnosis del olivo en España. En este trabajo, se evaluó el efecto antagonista de 22 ACBs frente a *C. godetiae* mediante cultivos duales *in vitro* y bioensayos en aceitunas (Arbequina) separadas. Se incluyeron dos productos comerciales (sulfato de cobre, 2 g/l; Serenade®, *Bacillus subtilis*, 8 ml/L) con fines comparativos. Para ello, en placas Petri con PDA inoculadas con el ACB o ajustadas a la dosis indicada para cada producto, se sembraron discos de agar con micelio de *C. godetiae*. Placas con PDA se sembraron sólo con el patógeno como control positivo. Se midió el radio de avance de *C. godetiae* para cada tratamiento y se estimó la inhibición del crecimiento micelial (ICM; %) y de la producción de conidios (IPC; %) del patógeno. Para los bioensayos, las aceitunas fueron desinfectadas superficialmente, y tratadas con los ACBs o los productos 96 y 24 h antes de la inoculación, que se llevó a cabo pulverizando una suspensión de conidios ajustada a 10⁶ conidios/ml. Las aceitunas se mantuvieron a 100% de humedad relativa durante 20 días, evaluando periódicamente la evolución de síntomas mediante una escala de severidad, y se calculó el área relativa bajo la curva de progreso de la enfermedad (rABCPE) y la severidad final relativa. Los productos sulfato de cobre y Serenade® fueron los más efectivos *in vitro*, mostrando un 100% de ICM e IPC. De entre los ACBs, los más efectivos frente al crecimiento micelial



fueron *Bacillus* sp. PV-1361 (ICM = 45,4%) y *Neocosmospora rubicola* PV-826 (ICM = 40,0%). Por su parte, 17 de los 22 ACBs evaluados mostraron valores de IPC superiores al 50%, incluyendo los dos más efectivos en la ICM. En los bioensayos en aceitunas, los ACBs más efectivos fueron *Myrothecium inundatum* PV-329 y *Bacillus* sp. PV-1394, con unos valores de severidad final relativa de 36,2 y 66,0%, respectivamente, además del sulfato de cobre que resultó ser el más efectivo con una severidad de 15,5%, todos ellos significativamente inferiores al control sin tratar. Los resultados de este trabajo permitirán seleccionar potenciales ACBs para su evaluación en planta frente al desarrollo de la enfermedad, y determinar sus mecanismos de acción.

Financiado por: Ministerio de Ciencia e Innovación (PID2021-123645OA-I00 BIOLIVE), cofinanciado por los Fondos FEDER de la UE. LSP y BIAD disfrutaron de una ayuda FPI (PRE2022-101542 y PRE2020-096038, respectivamente). AC disfruta de una ayuda del Programa Erasmus+ 2022-2023. Agencia Estatal de Investigación, Programa Severo Ochoa y María de Maeztu para Centros y Unidades de Excelencia en I+D (CEX2019-000968-M).

P.67. Adquisición y transmisión de bacteriófagos por insectos vectores de *Xylella fastidiosa*

Miriam Simó-Esquivel¹, Saul Bernat-Ponce², Rosalía García-García², Paloma Mancebo², Francisco Beitia², Juan Pedro Bouvet³, Maria Luisa Domingo-Calap², Pilar Domingo-Calap⁴, Ester Marco-Noales²

1 Tragsa, Empresa de Transformación Agraria, Delegación de Valencia, España

2 Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias. Centro de Protección Vegetal y Biotecnología. Ctra CV-315, km 10-7 46113 Moncada, Valencia, España

3 Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), EEA Concordia, Grupo de Protección Vegetal. Est. Yuquerí, CC 34, 3200 Concordia, Entre Ríos, Argentina

4 Instituto de Biología Integrativa de Sistemas, I2SysBio, Universitat de València-CSIC. España

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: *Xylella fastidiosa*, bacteriófagos, biocontrol, adquisición, transmisión, *Philaenus spumarius*, *Neophilaenus campestris*

Resumen:

Xylella fastidiosa (*Xf*) es una bacteria que habita en el xilema de la planta hospedadora y que se transmite de forma natural de unas plantas a otras por medio de insectos vectores, los cuales mantienen la bacteria en el tracto digestivo anterior. En Europa, las dos especies de vectores más importantes son *Philaenus spumarius* y *Neophilaenus campestris* (Hemiptera, Aphrophoridae). Aunque actualmente el control de esta bacteria consiste en la erradicación de plantas infectadas y el manejo de las poblaciones de los insectos vectores, se están estudiando otros enfoques de gestión que sean eco-sostenibles, como la utilización de virus bacteriófagos con actividad lítica específica frente a *Xf*. Por ello, el objetivo de este trabajo es determinar la capacidad de los insectos vectores para adquirir bacteriófagos específicos de *Xf* y transmitirlos a otras plantas, de



manera que los vectores puedan convertirse en una herramienta auxiliar dentro de esta estrategia de biocontrol. Se han realizado ensayos con vectores adultos de *P. spumarius* y *N. campestris* de la cría en condiciones naturales que se mantiene en el IVIA, utilizando alfalfa y grama, respectivamente, como plantas modelo, y un fago aislado de aguas residuales que presenta actividad frente a *Xf* subsp. *fastidiosa*. Como una primera aproximación, los ensayos se han hecho sin presencia de la bacteria. Tanto *P. spumarius* como *N. campestris* han sido capaces de adquirir el fago al alimentarse de plantas a las que se les había suministrado el fago. En cuanto a la capacidad de transmisión, los primeros datos revelan la eficacia variable entre ambas especies para inocular el fago en nuevas plantas al alimentarse de su savia. Todavía se están ajustando los tiempos de adquisición y de transmisión para maximizar la probabilidad de que el fago pueda llegar de una planta a otra a través del vector, pero los resultados parecen prometedores y abren la puerta a la posibilidad de integrar un sistema basado en fagos en un plan de gestión de prevención y control de las enfermedades causadas por *Xf*.

Financiado por: El proyecto europeo HORIZON-CL6-2021-FARM2FORK-01 BeXyl (Grant ID No 101060593), el proyecto TED2021-130110B-C42, financiado por CIN/AEI/10.13039/501100011033 y por la Unión Europea NextGenerationEU /PRTR, y el proyecto IVIA-GVA 52202 -SOSTENIBLE- del Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias (Proyecto susceptible de ser cofinanciado por la Unión Europea a través del programa operativo FEDER Comunitat Valenciana 2021-2027).

P.68. Metabolitos producidos por cepas de *Pseudomonas fluorescens* y *Bacillus velezensis* contra *Xylella fastidiosa*

Núria Daranas¹, Gemma Roselló¹, Emek Aslan², Esther Badosa¹, Emilio Montesinos¹, Anna Bonaterra¹

¹ Laboratorio de Patología Vegetal-CIDSAV, Instituto de Tecnología Agroalimentaria, Universitat de Girona, Girona

² Department of Agricultural Biotechnology, Ondokuz Mayıs University, Samsun (Turquía)

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: *Xylella fastidiosa*, *Pseudomonas fluorescens*, *Bacillus velezensis*, metabolitos de origen microbiano, antagonismo, actividad bactericida, actividad antibacteriana.

Resumen:

Los metabolitos de origen microbiano son de interés para el desarrollo de nuevos productos bioplaguicidas aptos para el manejo sostenible de enfermedades emergentes como las causadas por *Xylella fastidiosa* y otras bacterias fitopatógenas. Cepas de los géneros *Bacillus* y *Pseudomonas* producen una amplia diversidad de compuestos antibacterianos, entre ellos los de naturaleza peptídica, como los ciclolipopéptidos, ciclodepsipéptidos, y bacteriocinas. Estos compuestos pueden ser alternativas a los productos convencionales ya que algunos presentan un amplio espectro de actividad antimicrobiana, baja toxicidad y elevada biodegradabilidad [1].



En el presente trabajo, se estudiaron las bacterias *Bacillus velezensis* A17 y *Pseudomonas fluorescens* EPS894 como productoras de metabolitos con actividad antibacteriana frente a *X. fastidiosa*. A partir del sobrenadante de cultivos, libre de células, se optimizó el procedimiento de extracción y fraccionamiento de metabolitos con actividad antibacteriana. Para ello, las fracciones obtenidas se cribaron mediante un ensayo de inhibición de crecimiento *in vitro* con el equipo Bioscreen C frente a *Xanthomonas campestris* pv. *campestris* (cepa 1609), utilizada como bacteria indicadora de la familia Xanthomonadaceae con elevados niveles de similitud genómica con *X. fastidiosa*. Se seleccionaron las fracciones activas de A17 y EPS894 y se determinó su actividad antagonista frente a *X. fastidiosa* subsp. *fastidiosa* (cepa IVIA5387.2) y *X. fastidiosa* subsp. *multiplex* (cepa M12) utilizando un ensayo de inhibición de crecimiento (actividad antibacteriana) y una prueba de contacto acoplada a recuento de viables cultivables (actividad bactericida). También se caracterizaron las fracciones activas mediante cromatografía líquida de alta resolución y espectrometría de masas (HPLC-MS), con el objetivo de identificar los metabolitos responsables de la actividad. Actualmente se están realizando ensayos en condiciones de invernadero con las fracciones activas de A17 y EPS894 para determinar la capacidad de biocontrol de infecciones por *X. fastidiosa* subsp. *fastidiosa* IVIA 5387.2 en plantas de *Nicotiana benthamiana*. [1] Montesinos, E. 2023. Functional peptides for plant disease control. Annu. Rev. Phytopathol. 61:301-24.

Financiado por: Este trabajo ha sido financiado por el proyecto BioStop-Xf del Ministerio de Ciencia e Innovación (TED2021-130110B-C43).

P.69. New development of low-risk microbial biopesticides

Belén Guijarro¹, José Luis Alonso Prados¹, Antonis Chatzinotas², Stéphane Declerc³, Monica Cristina Garces Ruiz³, Angela Sessitsch⁴, Günter Brader⁴, Papadopoulou Kalliope⁵, Dimitrios karpouzias⁵

1 Departament of Plant Protection, Centro Nacional Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria (INIA-CSIC), Ctra. de La Coruña Km. 7, 28040 Madrid.

2 Helmholtz Centre for Environmental Research - UFZ, Department of Applied Microbial Ecology, Leipzig, Germany.

3 Laboratory of mycology, Earth and Life Institute, Université catholique de Louvain. Croix du Sud 2, L7.05.06, B-1348, Louvain-la-Neuve, Belgium.

4 Center for Health & Bioresources, AIT Austrian Institute of Technology GmbH, Konrad Lorenz Strasse 24, Vienna, Austria.

5 Department of Biochemistry and Biotechnology, University of Thessaly, Biopolis, 41500, Larissa, Greece

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: Microbiome, Microbial Pesticides, risk assessment.

Resumen:

Most microbial products for plant disease control are based on single microbial strains. However, the efficacy of this first-generation biological control agents (BCAs) is often highly variable depending on the conditions of the host environment (e.g., physicochemical properties,



competition with local microbiota), plant genotype, agricultural practices, BCA formulation, and method of application. A common limiting factor is poor establishment of BCAs in the soil or plant environment, which substantially reduces efficacy under field conditions. In addition, recent research has revealed changes within soil microbial communities, even if the inoculum was not well established.

Biopesticides of microbial origin are at the forefront of phytosanitary innovation and are the most advanced group of biopesticides, both in discovery and risk assessment. Still, steps in risk assessment need to be taken to unlock their full potential. Plant protection products of microbial origin are currently based on bacterial, fungal and viral components, but new microbial solutions based on bacteriophages, microbial consortia and protists are on the EU's doorstep. Despite advances in this field, the efficacy and risk assessment of new microbial solutions still lags behind. We describe the current landscape of microbial pesticide risk assessment and highlight the unique characteristics of new microbial solutions that should be considered for urgent adaptation of efficacy and risk assessment of these innovative products.

Financiado por: This studio has been financed by the Project HORIZON-CL6-2022-FARM2FORK-01-01 Risk AssessmentT InnOvation for low-risk pesticides

P.70. Potenciación del antagonismo de *Trichoderma* sp. con el uso de pentacloronitrobenceno

Juan Antonio Martínez López¹, Carlos Navarro Marín¹

1 Universidad Politécnica de Cartagena, Murcia

Código: 78

Área: AREA TIPO 1

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: control biológico, fungicida, tasa de crecimiento, conidiogénesis, PCNB, MAPYS, *Sclerotinia sclerotiorum*

Resumen:

Diversas especies de *Trichoderma* están siendo ampliamente investigadas y comercializadas para control biológico de enfermedades de plantas. Esta investigación gana valor en la actualidad debido a la restricción de plaguicidas decretada por la Unión Europea.

Uno de los problemas más importantes a la hora de incorporar estrategias de control biológico en el tratamiento de enfermedades vegetales reside en la dificultad de obtener resultados análogos al uso de fitosanitarios. Es por ello, que la investigación destinada a potenciar el poder patógeno o antagonista en general de los microorganismos que presentan propiedades benéficas en la lucha contra los fitopatógenos es una estrategia que merece la pena ser explorada.



El pentacloronitrobenceno o quintoceno (PCNB) es un fungicida que afecta al metabolismo lipídico modificando la integridad de las membranas. Es utilizado para suprimir el crecimiento de varios hongos en cultivos como el algodón, arroz y semillas de cereales, aunque no está aprobado actualmente por la UE para estos usos.

Se obtuvo un aislado de *Trichoderma* de suelos agrícolas del sureste español que primeramente se catalogó y almacenó en la colección de microorganismos MAPYS de la UPCT para preservarlo. Esto se hizo tras comprobar su acción antagonista contra el hongo fitopatógeno *Sclerotinia sclerotiorum*. Adicionalmente se estudió el papel del efecto *in vitro* del PCNB sobre *Trichoderma* sp. en su acción antagonista.

Los resultados pusieron de manifiesto que una concentración de 0,5 g/L de PCNB promovió significativamente la conidiogénesis de *Trichoderma* sp., modificando su fenotipo y potenciando su poder antagonista contra *S. sclerotiorum*. Además, este fungicida no afectó la tasa de crecimiento de ninguna de las dos especies fúngicas.

Los aislados de *Trichoderma* tratados con 0,5 g/L de PCNB aumentaron entre 2 y 3 veces el número de conidios formados, agrupándose sobre conidióforos compactos que se traducían en áreas densas de color verde sobre la colonia del hongo. Adicionalmente, el antagonismo contra *S. sclerotiorum* se vio visiblemente aumentado provocando un aumento significativo de su parasitismo.

Financiado por: Este estudio forma parte del Programa AGROALNEXT que ha sido financiado por MCIU con fondos NextGenerationEU (PRTR-C17.I1) y por la Fundación Séneca con fondos de la Comunidad Autónoma de la Región de Murcia (CARM).

P.71. Péptidos dirigidos a lipopolisacáridos contra *Xylella fastidiosa*.

Pau Caravaca-Fuentes¹, Marta Planas², Lidia Feliu², Emilio Montesinos¹

1 Laboratorio de Patología Vegetal (CIDSAB), Instituto de Tecnología Agroalimentaria, Universidad de Girona, 17003 Girona

2 LIPPSO, Departamento de Química, Universidad de Girona, 17003 Girona

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: Actividad bactericida, Interacción LPS-péptido, Lipopolisacáridos, Péptidos funcionales, Síntesis en fase sólida, *Xylella fastidiosa*

Resumen:

Xylella fastidiosa, es una bacteria fitopatógena gramnegativa que coloniza el xilema y causa varias enfermedades de importancia económica. Se necesitan estrategias efectivas para el control de la enfermedad en las plantas afectadas, ya que las únicas opciones actuales son la erradicación del material infectado y el control del vector (Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura 2019).



Los péptidos funcionales son candidatos prometedores debido a que muchos presentan actividad bactericida o inhibición de la formación de biofilm contra *X. fastidiosa* (Moll et al. 2021). Además, existen péptidos que pueden neutralizar los lipopolisacáridos (LPS) presentes en bacterias gramnegativas, un factor clave en la virulencia de *X. fastidiosa* (Skovbakke y Franzyk 2017).

Este estudio se centra en el desarrollo de un método para identificar péptidos de unión a LPS de *X. fastidiosa*, y confirmar la relación entre su neutralización y la actividad bactericida. Los péptidos se sintetizaron en fase sólida (estrategia Fmoc/tBu), se purificaron, y se analizaron por HPLC y caracterizaron por ESI-MS. Los LPS se extrajeron de *X. fastidiosa* y se purificaron mediante electroforesis en gel de Tricina. Los ensayos de neutralización LPS-péptido se realizaron con el kit comercial Pierce Chromogenic Endotoxin Quant kit. La actividad bactericida de los péptidos se evaluó mediante un test de contacto acoplado a v-qPCR. También se determinó la hemólisis y su efecto en hojas de tabaco.

En los ensayos de neutralización LPS-péptido se obtuvieron resultados similares con LPS de *E. coli* y *X. fastidiosa*, por lo que se ha desarrollado un método para cribar péptidos de unión a LPS de *X. fastidiosa*. Tras confirmar la actividad bactericida de dichos péptidos, se realizó un ensayo de dosis-respuesta contra *X. fastidiosa*, y se observó una correlación lineal entre la actividad bactericida y el grado de interacción con LPS. Food and Agriculture Organization of the United Nations. *Food Agric. Organ.* United Nations 2019; Moll, L., Badosa, E., Planas, M., Feliu, L., et al., *Front. Microbiol.* 2021, 12, 753874; Skovbakke, S.L., Franzyk, H., *Methods Mol. Biol.* 2017, 1548, 369-383.

Financiado por: Pau Caravaca-Fuentes es beneficiario de un contrato predoctoral FPU2020 Esta investigación está financiada por:EMCIU/GCON, UE con el número TED2021-130110B-C43

EMCIU/GCON, UE con el número PID2022-140040OB-C21 UDRE/UEH_II, UE, con el número 101060593.

P.72 Efectos de la desinfestación de suelos sobre la red trófica edáfica durante un ciclo de cultivo en hortícolas bajo abrigo

Miguel Talavera Rubia¹, María Dolores Vela Delgado²

1 Centro IFAPA Alameda del Obispo. Avd. Menéndez Pidal s/n. Córdoba

2 Centro IFAPA Rancho de la Merced. Ctra. CA-3102, Km. 3, 11590 Jerez de la Frontera, Cádiz

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: *Meloidogyne*, desinfestación, suelo, hortícolas, nematicidas, sostenibilidad

Resumen:

Tradicionalmente, el control de nematodos fitoparásitos se ha realizado mediante fumigantes del suelo, al ser los más eficaces en la reducción de sus poblaciones. Sin embargo, no sólo la eficacia en la supresión de enfermedades es importante en la evaluación de un producto fitosanitario, sino



que además debe considerarse la protección de la biodiversidad edáfica y sus funciones ecológicas, que garanticen la sostenibilidad del producto. El objetivo de este trabajo fue determinar los efectos diferenciales de varios tratamientos nematicidas sobre el estado de salud del suelo en suelos hortícolas a través del análisis de la comunidad de nematodos. El estudio se llevó a cabo en un invernadero protegido bajo plásticos, localizado en el centro IFAPA Chipiona (Cádiz) en el que se cultivó pepino siguiendo las prácticas agronómicas de la zona. Los tratamientos ensayados fueron: i) control no tratado, ii) nematicida fumigante, iii) nematicida no fumigante y iv) biosolarización. Se realizaron muestreos de suelo, antes de los tratamientos (P0) en el momento de la siembra (Pi), y al finalizar el cultivo (Pf). Se extrajeron, identificaron y cuantificaron los morfotipos de nematodos y se calcularon índices de biodiversidad, estructura trófica y madurez, según las proporciones de los distintos grupos tróficos y funcionales de nematodos del suelo. El tratamiento con nematicida fumigante fue el que redujo en mayor proporción el total de la población de nematodos (fitoparásitos y de vida libre) de P0 a Pi. Los índices de biodiversidad de Shannon y Simpson aumentaron de P0 a PI en todos los tratamientos de suelo, pero luego disminuyeron en la cosecha (PF). Todos los tratamientos nematicidas redujeron los índices de madurez más que el control no tratado. Además, las reducciones de P0 a PI en los índices de madurez fueron mayores en el tratamiento con nematicida fumigante que en el resto de los tratamientos. En general los distintos tratamientos de desinfestación de suelo cambiaron los índices ecológicos diferencialmente de P0 a Pi, en el sentido de un mayor enriquecimiento y una red menos estructurada. No obstante, la mayoría de los índices recuperaron un valor semejante a los de P0 después de la cosecha (Pf).

Financiado por: Este trabajo ha sido financiado por proyecto el MCI: PID2019-105373RB-I00

P.73. Quienes usan control biológico y cómo afecta a su desempeño: el caso de los invernaderos de tomate en Andalucía.

Edoardo Baldoni¹

1 JRC Joint Research Centre, Comisión Europea, Sevilla

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: Control biológico, tomate, impacto económico, adopción de tecnología

Resumen:

Quienes usan control biológico y cómo afecta a su desempeño: el caso de los invernaderos de tomate en Andalucía.

Edoardo Baldoni, Jesus Barreiro-Hurle, Manuel Gomez-Barbero, Kevin Schneider, Pascal Tillie, Emilio Rodriguez-Cerezo Joint Research Centre, European Commission, Seville

A lo largo de las dos últimas décadas el control biológico de plagas y enfermedades en cultivos protegidos de tomate se ha ido extendido en Andalucía. En esta comunicación aspiramos a entender su penetración actual y los factores que llevan al agricultor a la decisión de adoptarlas.



Se realizó en 2022 una encuesta a 260 agricultores de tomate de invernadero en el sureste andaluz (Málaga, Almería, Granada, n=133) y en Sevilla y Cádiz (n=127). Estas dos zonas capturan dos estados de desarrollo de la tecnología diferenciados. En el sureste, la tecnología es mayoritaria mientras que en el área de Sevilla/Cádiz la tecnología es aún incipiente.

En el trabajo se discuten las variables que explican las diferencias de adopción de las prácticas. Se incluyen tanto variables económicas de la explotación como características del titular de la explotación. Así mismo se analiza el impacto de la adopción de biocontrol en el uso de materias activas y en el rendimiento tanto en cantidad como en valor.

Los resultados muestran que existen relaciones significativas entre el tamaño de la explotación (invernadero), la edad y la experiencia del agricultor y la adopción o no de esta estrategia de protección de cultivos. Por el contrario, el nivel de educación del titular, la composición de su hogar familiar y el estado civil no parecen ser determinantes significativos de esta decisión. Tampoco lo son la opinión respecto a las políticas de la UE.

Respecto a sus creencias sobre la gestión de la explotación y el uso de fitosanitarios tanto los adoptantes como los no adoptantes comparten la opinión de que los pesticidas conllevan riesgos, que se pueden lograr altos rendimientos sin pesticidas químicos y que existen alternativas tecnológicas para sustituir el uso de pesticidas de síntesis. Sin embargo, los dos grupos tienen visiones diferentes respecto a la sostenibilidad a largo plazo de la agricultura convencional. En la zona de menor adopción, se encontró una correlación entre la adopción y el conocimiento de sus posibles efectos en el desempeño económico de la explotación.

En la presentación se discutirán las diferencias en rendimientos y uso de fitosanitarios que se observan entre adoptantes del control biológico y no adoptantes, para las dos zonas diferenciadas (SE donde la tecnología es mayoritaria y zona de Sevilla y Cádiz donde es aún minoritaria).

Financiado por: JRC Comisión Europea

P.74. Estudio transcriptómico del mecanismo de la proteína antifúngica PeAfpA frente a *Penicillium digitatum*

Carolina Ropero-Pérez¹, Moisés Giner-Llorca¹, Mónica Gandía², Sandra Garrigues¹, Paloma Manzanares¹, Jose F. Marcos¹

¹ Instituto de Agroquímica y Tecnología de Alimentos IATA-CSIC

² Facultad de Farmacia y Ciencias de la Alimentación, Universidad de Valencia

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: Proteínas antifúngicas (AFPs), *Penicillium digitatum*, RNA-seq, transcriptoma, modo de acción antifúngico, CRISPR/Cas9



Resumen:

Las proteínas antifúngicas (AFPs) de hongos se encuentran fundamentalmente en los géneros *Penicillium* y *Aspergillus* y son una alternativa prometedora para controlar las infecciones causadas por hongos filamentosos. El conocimiento de su mecanismo de acción antifúngico es necesario para su potencial aplicación comercial pero también porque podría identificar nuevas dianas antifúngicas. El hongo *Penicillium digitatum* causante de la podredumbre verde en frutos cítricos codifica en su genoma la proteína PdAfpB, la cual hemos conseguido producir biotecnológicamente. Por otra parte, la proteína PeAfpA se produce de forma natural por el patógeno de frutos de pepita *Penicillium expansum* y es para la que se ha demostrado la actividad antifúngica más potente de todas las estudiadas. Ambas proteínas presentan divergencias de secuencia y pertenecen a dos clases filogenéticas separadas, pero son activas frente a *P. digitatum* y por tanto permiten caracterizar de forma comparada su mecanismo de acción en este importante patógeno postcosecha. Previamente habíamos estudiado los cambios en el transcriptoma de *P. digitatum* tratado con su proteína PdAfpB, del mutante nulo *´afpB* y de una cepa sobreproductora de PdAfpB. En el presente estudio, nuestro objetivo es obtener información sobre el modo de acción de PeAfpA y realizar un análisis comparado con los resultados previos mediante análisis de expresión génica global. Para ello, comparamos la respuesta transcriptómica de *P. digitatum* tratado con concentraciones subinhibitorias y crecientes de PeAfpA (0,1, 0,25 y 1 µg/mL). A la mayor concentración de PeAfpA (1 µg/mL), se identificaron 1.333 genes (16 % del total analizados) diferencialmente expresados (DEGs), de los cuales 627 estaban sobreexpresados y 706 reprimidos. Aproximadamente la mitad de estos DEGs (613, 46 %) tienen un patrón de expresión común entre PeAfpA y PdAfpB que identificaría mecanismos comunes entre ambas, mientras que 243 (19 %) tienen un patrón reverso que apuntaría mecanismos divergentes. Seguidamente, se analizó el enriquecimiento funcional por ontología génica (GO) y rutas KEGG de los DEGs. Este análisis sugirió que PeAfpA podría tener un modo de acción mediado por múltiples dianas, involucrando determinadas rutas de metabolismo secundario, apoptosis, y biogénesis y remodelación de la pared celular. Finalmente, los resultados transcriptómicos nos han permitido seleccionar genes candidatos para generar mutantes nulos utilizando la metodología reciclable de edición genética CRISPR/Cas9 que hemos puesto a punto en nuestro laboratorio. El análisis de los mutantes generados proporcionará nuevos datos sobre el mecanismo de acción y la respuesta del hongo *P. digitatum* frente a la proteína antifúngica PeAfpA.

Financiado por: Proyecto PID2021-125858OB-100 a PM y JFM, Programa de Excelencia Severo Ochoa CEX2021-001189-S, Proyecto de Incorporación Juan de la Cierva IJC2020-042749-I a SG y contrato predoctoral FPU19/02066 a MG-L, financiados por el MICINN (Gobierno de España); contrato predoctoral ACIF 2021/364 a CR-P financiado por la Conselleria d'Educació (Generalitat Valenciana).



P.75. Escalado de la producción de la proteína antifúngica PeAfpA utilizando hongos filamentosos como biofactorías

Stefani de Ovalle¹, Sandra Garrigues¹, Antonio abad-Fuentes¹, Josep V. Mercader¹, Jose F. Marcos¹, Paloma Manzanares¹

¹ Instituto de Agroquímica y Tecnología de Alimentos IATA-CSIC. Paterna.

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: Hongos filamentosos, hongos fitopatógenos, proteínas antifúngicas (AFPs), biofungicidas, biofactorías fúngicas, ELISA, biorreactor

Resumen:

En la actualidad, el uso de fungicidas químicos es el principal método empleado para proteger los cultivos frente a las infecciones causadas por hongos. Los péptidos antimicrobianos (AMPs) se consideran una alternativa prometedora para la protección de los cultivos y la conservación postcosecha de productos vegetales. Entre los AMPs naturales se encuentran las proteínas antifúngicas (AFPs), pequeñas proteínas catiónicas y ricas en cisteína secretadas por hongos. Los hongos filamentosos codifican un gran repertorio de AFPs, pero solo unos pocos consiguen producirlas en grandes cantidades de forma natural. Sin embargo, la producción eficiente de AFPs es clave para su posible aplicación como biofungicidas sostenibles en agricultura. La proteína PeAfpA producida por el hongo fitopatógeno *Penicillium expansum* ha demostrado su actividad antifúngica *in vivo* en distintos patosistemas, como por ejemplo durante la infección de *Penicillium digitatum* sobre frutos cítricos, o la infección de *Botrytis cinerea* sobre plantas y frutos de tomate. Sin embargo, su aplicación a gran escala está limitada por varios factores, como es el carácter micotoxigénico de la cepa productora, así como su producción actual optimizada a escala de laboratorio.

En este trabajo presentamos (i) la optimización de la producción de la proteína PeAfpA por parte de la cepa segura *Penicillium chrysogenum* PDMG0052 a escala semi-piloto, así como (ii) el desarrollo de un sistema ELISA competitivo optimizado para la cuantificación rápida y específica de esta proteína sin necesidad de su purificación. Tras varias combinaciones testadas en biorreactores de 0.5 L, se determinó que las condiciones óptimas para la producción de PeAfpA fueron: crecimiento en 250 mL de medio de cultivo mínimo PcMM a 25 °C, pH 8, 300 rpm de agitación, 20% de oxígeno disuelto, y un pre-inóculo 10 % v/v de 1000000 esporas/mL inoculado en el biorreactor tras 48 h de incubación (25 °C, 180 rpm) en el mismo medio. Con estas condiciones, se consiguió aumentar el rendimiento de producción de PeAfpA desde los 5 mg/L inicialmente reportados en matraces Erlenmeyer, hasta 60 mg/L tras 7 días de crecimiento. Estos resultados suponen un avance significativo en la producción eficiente de la proteína PeAfpA, lo cual repercute directamente en su potencial aplicación a nivel industrial.

Financiado por: Programa de Excelencia Severo Ochoa CEX2021-001189-S, proyecto Prueba de Concepto PDC2022-133894-I00, Programa Juan de la Cierva Incorporación IJC2020-042749-I (MCIN/AEI/ 10.13039/501100011033; “ERDF A way of making Europe”;



“NextGenerationEU”/PRTR), contrato predoctoral ACIF/2021/364 (Conselleria d’Educació, Generalitat Valenciana).

P.76. Nueva cepa no fitopatógena de *Botrytis cinerea* como agente de biocontrol

Cristina Pinedo¹, Eliane Oliveira², Virginia Casado³, Ernesto Pérez Benito³, Josefina Aleu¹, Isidro G. Collado¹

1 Facultad de Ciencias. Universidad de Cádiz. Avda. República Saharaui, s/n. 11510 Puerto Real, Cádiz (España)

2 Instituto de Química, Universidad Federal de Bahía, Salvador 40170-115, Bahía (Brasil)

3 Instituto de Investigación en Agrobiotecnología (CIALE), Universidad de Salamanca, Salamanca (España)

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: *Botrytis cinerea*, *Seimatosporium vitis-viniferae*, biocontrol

Resumen:

La vid es uno de los cultivos más importantes a nivel mundial, debido a los beneficios que aporta en la producción de vino y otros licores, así como por su consumo como fruta de mesa. En España, la superficie total dedicada al cultivo de la vid es de aproximadamente 957,573 hectáreas, de las cuales unas 34,300 hectáreas se encuentran en Andalucía.

Uno de los mayores desafíos para este cultivo son las enfermedades de la madera [1]. Estas enfermedades, causadas por un conjunto de hongos fitopatógenos, se caracterizan por desarrollarse en el interior del tronco de la planta [2]. La incidencia de estas enfermedades ha aumentado desde 2003, cuando la Unión Europea prohibió el uso de arsenito sódico, el único compuesto conocido que era eficaz contra la yesca.

Una de las estrategias que ha cobrado mayor relevancia en los últimos años para el control de estas enfermedades es el biocontrol. Esta técnica consiste en el uso de microorganismos que no dañan la planta pero que compiten con los hongos fitopatógenos, inhibiendo así su crecimiento. Entre los microorganismos empleados tradicionalmente para el biocontrol se encuentran fundamentalmente especies del género *Trichoderma* [3,4].

En este trabajo, sin embargo, se propone el uso de la cepa de *Botrytis cinerea* B234, aislada de viñedos de la región de Castilla y León, la cual produce esporas y esclerocios pero no es patógena de uvas, como posible agente de biocontrol contra el hongo fitopatógeno causante de enfermedades de la madera en la vid, *Seimatosporium vitis-viniferae* [5]. A través de la técnica del co-cultivo en medio sólido y el análisis de los cambios observados en el metabolismo de ambos hongos mediante la técnica de Espectrometría de Masas Desorption Electrospray Ionization (DESI), se pretende identificar los posibles metabolitos responsables de la inhibición fúngica directamente en los co-cultivos.



Bibliografía

1. Kovács, C.; Sándor, E. The increasing importance of grapevine trunk diseases. *Int. J. Hortic. Sci.* 2016, 22, 21-30, doi:10.31421/ijhs/22/3-4./1188.
2. Fontaine, F.; Gramaje, D.; Armengol, J.; Smart, R.; Nagy, Z.A.; Borgo, M.; Rego, C.; Corio-Costet, M.-F. Grapevine Trunk Diseases. A review. *Int. Organ. Vine Wine* 2016, 25.
3. Azzollini, A.; Boggia, L.; Bocard, J.; Sgorbini, B.; Lecoultré, N.; Allard, P.-M.; Rubiolo, P.; Rudaz, S.; Gindro, K.; Bicchi, C.; et al. Evaluation of biocontrol agents for grapevine pruning wound protection against trunk pathogen infection. *Phytopathol. Mediterr.* 2011, 50, S176-S190, doi:10.1071/AP06092.
4. Kiriga, A.W.; Haukeland, S.; Kariuki, G.M.; Coyne, D.L.; Beek, N. V. Effect of *Trichoderma* spp. and *Purpureocillium lilacinum* on *Meloidogyne javanica* in commercial pineapple production in Kenya. *Biol. Control* 2018, 119, 27-32, doi:10.1016/j.biocontrol.2018.01.005.
5. Raimondo, M.L.; Carlucci, A.; Ciccarone, C.; Sadallah, A.; Lops, F. Identification and pathogenicity of lignicolous fungi associated with grapevine trunk diseases in southern Italy. *Phytopathol. Mediterr.* 2019, 58, 639-662, doi:10.14601/Phyto-10742.

Financiado por: Proyecto PID2021-122899OB-C21 financiado por MCIN/AEI/10.13039/501100011033 y por FEDER/UE.

P.77. Resistencia a cobre de cepas españolas de *Xanthomonas* spp.

Isabel María Berruete Rodríguez¹, José Luis Palomo², Jorge Iribarren², Jaime Cubero³, Ana Palacio Bielsa¹

1, Centro de Investigación y Tecnología Agroalimentaria de Aragón, Instituto Agroalimentario de Aragón-IA2 (CITA-Universidad de Zaragoza), Zaragoza

2 Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria (INIA), Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), Madrid

3 Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria (INIA), Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), Madrid

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: resistencia, cobre, *Xanthomonas*, leñosas, herbáceas, in vitro, genes

Resumen:

El control de las bacteriosis de plantas se basa fundamentalmente en la aplicación de compuestos cúpricos. Sin embargo, es habitual la aparición de cepas resistentes a cobre en diversas especies de bacterias fitopatógenas.

En España no se han realizado hasta la fecha estudios de resistencia a cobre de algunas bacteriosis responsables de importantes daños en cultivos de plantas leñosas y hortícolas de gran relevancia económica para nuestra agricultura, como son *Xanthomonas arboricola* pv. *pruni*, agente causal



de la mancha bacterias de *Prunus* spp.; *X. arboricola* pv. *juglandis*, responsable de la mancha negra del nogal; y *Xanthomonas* spp., causantes de la sarna de tomate y pimiento. Por ello, el objetivo de nuestro trabajo es la evaluación de la resistencia a cobre de una amplia colección de cepas españolas aisladas en distintos años y procedentes de diversos orígenes geográficos. Para abordar este objetivo, se está poniendo a punto la metodología para la evaluación *in vitro* de la resistencia a cobre, considerando variables determinantes para el ensayo, como el efecto de un paso previo de preinducción para la expresión de posibles genes de resistencia, o la concentración óptima de las suspensiones de las cepas bacterianas.

Paralelamente a la identificación de cepas resistentes a cobre, se estudia la presencia de determinantes genéticos de la misma, teniendo en cuenta que esta se ha descrito principalmente asociada a plásmidos, cuya transferencia horizontal puede contribuir a la selección de poblaciones resistentes frente a tratamientos cúpricos continuados en el tiempo. La identificación de los genes responsables de la resistencia se hace tanto por PCR como a partir de los genomas completos obtenidos por nuestro grupo a partir de una colección de cepas españolas.

Nuestros estudios forman parte de un proyecto dirigido a conocer aspectos del funcionamiento de diferentes modelos de patosistemas de *Xanthomonas* en leñosas y en tomate y pimiento, que o bien reúnen a especies de *Xanthomonas* estrechamente relacionadas y que, tras un proceso de evolución divergente afectan a diversos huéspedes, o bien a especies de *Xanthomonas* distintas que se han especializado en un único huésped tras una evolución convergente. Un mejor conocimiento y comprensión de los mecanismos de resistencia a cobre y su evolución contribuirá a diseñar programas de control de enfermedades más sostenible medioambientalmente a través de una aplicación del cobre más racional y eficiente.

Financiado por: Proyecto I+D+i PID2021-123600OR-C44, financiado por MICIU/AEI/10.13039/501100011033 y por “FEDER, una manera de hacer Europa”

P.78. Optimización de la desinfestación anaeróbica de suelo para controlar la Verticilosis en fresa

Celia Borrero¹, Paloma Hernández-Muñiz¹, Javier Ordóñez¹, Manuel Avilés¹

¹ Dpto. Agronomía, ETSIA Universidad de Sevilla

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: *Verticillium dahliae*, *Fragaria x ananassa*, salvado de arroz, extrusionado de fresa, enmienda

Resumen:

El estudio explora la desinfección anaeróbica del suelo (DAS) como alternativa a los fumigantes de suelo para el control de la Verticilosis de la fresa. Para ello, se ensayaron dos residuos industriales próximos a las zonas freseras de la provincia de Huelva como potenciales enmiendas para su uso en DAS: salvado de arroz y residuo del extrusionado de fresa. Además, se evaluaron



dos dosis de aplicación: 13,50 y 20,00 t/ha para el salvado de arroz y 16,89 y 25,02 t/ha para el extrusionado de fresa. Los suelos enmendados y desinfectados anaeróbicamente se compararon con un suelo no enmendado en condiciones anaeróbicas, un suelo tratado con el fungicida químico metam sodio y un suelo no tratado. Una semana antes del inicio del tratamiento de desinfección, estos suelos se inocularon artificialmente con 250 microesclerocios/g de suelo seco de *Verticillium dahliae*. Tras la desinfestación, se cuantificó la densidad de patógeno en el suelo y se cultivaron sobre ellos plantas de fresa en una cámara de cultivo para evaluar la severidad de la Verticilosis en cada tratamiento. Se realizaron mediciones redox y de pH. Este ensayo se repitió. El tratamiento con salvado de arroz a 20 t/ha registró la menor densidad de población de *V. dahliae*. Asimismo, se consiguió reducir la severidad de la enfermedad foliar en todos los tratamientos enmendados en porcentajes similares a los obtenidos por el tratamiento químico. Los tratamientos enmendados mostraron más horas en anaerobiosis y una subida de pH respecto al tratamiento no enmendado y con condiciones de anaerobiosis. Estos resultados sugieren una potencial aplicación de esta técnica para el control de la Verticilosis en la zona fresera de Huelva, pudiendo reducir el uso de fumigantes químicos.

Financiado por:

Plan Estatal 2017-2020 Retos - Proyectos I+D+i. Optimización del Proceso y Elucidación de los Mecanismos en la Desinfestación Anaeróbica del Suelo frente a Enfermedades de la Fresa (RTI2018-094537-B-I00). Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades.

P.79. Efecto de diversas técnicas de cultivo sobre la capacidad de biocontrol de nematodos fitoparásitos del suelo en clima mediterráneo

Ana García Velázquez¹, Ilenia Clavero Camacho¹, Rosana Salazar García¹, Carolina Cantalapiedra Navarrete¹, Antonio Archidona Yuste¹, Pablo Castillo Castillo¹, Juan Emilio Palomares Rius¹

¹ Instituto de Agricultura Sostenible

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: diversidad, biocontrol, manejo agrícola, *Meloidogyne incognita*

Resumen:

Las enfermedades causadas por nematodos fitoparásitos ocasionan grandes pérdidas en el sector de la agricultura. Estas pérdidas se deben, en cierto modo, a la aplicación de prácticas agrícolas ineficientes. Es por ello, que, el estudio de los factores con mayor influencia en la diversidad y capacidad de biocontrol de los suelos agrícolas, puede contribuir a la determinación de qué prácticas son las más apropiadas para su manejo. De esta forma, el presente trabajo tiene como objetivo principal el estudio de la diversidad y capacidad de biocontrol del suelo en distintas prácticas agrícolas, teniendo en cuenta la capacidad restrictiva de cada suelo estudiado en función de la presencia de agentes de biocontrol propios que puedan alterar la infectividad de los



nematodos. Para ello se comparan distintas parcelas, las cuales presentan diferentes sistemas de producción (convencional, orgánico y regenerativo) y manejo del suelo (fertilización, laboreo, no laboreo, riego, etc.) diferentes. De cada parcela se tomaron seis muestras de suelo a una profundidad comprendida entre los 0-15 cm. Adicionalmente, se incluyeron muestras de ambientes naturales inalterados o poco alterados cercanos con el fin de conocer la capacidad de biocontrol y biodiversidad potencial determinada por clima y suelo, sin incluir las prácticas agrícolas. A partir de dichas muestras, se realizaron tres bioensayos diferentes que tienen como base el nematodo nodulador de la raíz *Meloidogyne incognita*: i) Bioensayo de supervivencia: se inocularon 50 cm³ de suelo con 2.000 juveniles de segundo estadio de *M. incognita*; 5 días después de la inoculación, se estimó la mortalidad en comparación con suelos defaunados (1 h a 65 °C); ii) Bioensayo de reproducción: se plantaron e inocularon plantas de tomate con 10.000 huevos de *M. incognita*/ planta; 45 días después de la infección se evaluó el número de huevos y el índice de nodulación radical; iii) Bioensayo de infección de huevos de *M. incognita*: se depositó suelo proveniente de las diferentes parcelas en placas de agar-agua, con el fin de determinar la capacidad de parasitación de dichos huevos por agentes de biocontrol fúngicos; se aislaron los agentes de biocontrol y se identificaron mediante técnicas moleculares.

Financiado por: Financiación: Proyecto PID2022-140592OB-I00, financiado por MCIN/AEI/10.13039/501100011033 y por FEDER, UE.

P.80. Revestimientos nano y micrométricos combinados con agentes de biocontrol para aplicaciones postcosecha en frutas

Marcela Miranda¹, Carla Casals¹, Cristina Solsona¹, Rosario Torres¹, Célia Sánchez¹, Neus Teixidó¹

¹ IRTA, Fruitcentre, Lleida

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: recubrimientos, coating, pérdida de alimentos, nanomaterial, maduración, enfermedades fúngicas

Resumen:

Los recubrimientos comestibles representan una técnica en creciente demanda para la conservación en postcosecha de frutas. Estas películas ultradelgadas establecen una barrera física alrededor del fruto, alterando los intercambios de gases y agua, lo que puede modular la atmósfera interna, retardar la maduración y reducir la pérdida de calidad. Formuladas a partir de biopolímeros, estas soluciones filmogénicas, cuando carecen de actividad antimicrobiana, suelen ser enriquecidas con aditivos como aceites esenciales y extractos naturales, para el control de fitopatógenos responsables de enfermedades postcosecha. Sin embargo, este enfoque presenta varias limitaciones, como sabores residuales, baja efectividad *in vivo* y alta volatilidad. Como alternativa a estos aditivos, tenemos los agentes de biocontrol, microorganismos ampliamente investigados en cuanto a su efectividad, producción, formulación y mecanismos de acción para



controlar estos patógenos postcosecha. No obstante, las limitaciones para su registro y los desafíos en la implementación bajo condiciones prácticas han obstaculizado su adopción a nivel comercial en Europa. El objetivo de esta investigación fue desarrollar un recubrimiento multifuncional empleando biopolímeros a escala nano y micrométrica combinados con agentes de biocontrol. Su multifuncionalidad consiste en controlar las podredumbres, retrasar la maduración y mejorar la calidad, con el fin de extender la vida útil de las frutas. Los resultados indicaron que las frutas recubiertas presentaron una ralentización en la maduración y en el desarrollo del color. Además, exhibieron una reducción de la tasa de respiración y conservaron la firmeza de la pulpa en comparación con las frutas no recubiertas. Por otro lado, se observó una reducción en la incidencia y severidad de enfermedades fúngicas en las frutas tratadas con los recubrimientos que contenían agentes de biocontrol. De esta manera, este innovador producto/recubrimiento multifuncional, ya sea de base nano o micrométrica, no solo controlaría los patógenos y preservaría la calidad de la fruta, sino que también contribuiría a reducir las pérdidas postcosecha tanto cualitativa como cuantitativamente durante su almacenamiento, lo que lo convierte en un prometedor producto para la postcosecha.

Financiado por: Generalitat de Catalunya (SGR:2021SGR01477, Programa CERCA)

P.81. *Macrolophus pygmaeus* (Heteroptera: Miridae) induce resistencia sistémica en tomate frente *Meloidogyne* spp.

Alejandro Expósito¹, Pablo Urbaneja-Bernat², Sara Boncompte¹, Aida Magdalena Fullana¹, Ariadna Giné¹, Francisco Javier Sorribas¹, Jordi Riudavets²

1 Departamento de Ingeniería Agroalimentaria y Biotecnología (DEAB), Escuela de Ingeniería Agroalimentaria y Biosistemas de Barcelona (EEAB), Universitat Politècnica de Catalunya, Barcelona-Tech (UPC),

2 Protección Vegetal Sostenible, IRTA, Ctra. Cabrils km2, 08348 Cabrils, Barcelona, Spain

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: *Macrolophus*, *Meloidogyne*, Resistencia inducida, Tomate,

Resumen:

Se evaluó el potencial efecto del mirido zoofitófago *Macrolophus pygmaeus* de inducir resistencia sistémica en tomate frente *Meloidogyne* en condiciones controladas. El tomate susceptible cv. Roma y el tomate resistente cv. Caramba, portador del gen Mi1.2, se trasplantaron en contenedores de 200 cm³ conteniendo arena estéril de río y se mantuvieron en una cámara climática. Posteriormente, las plantas se introdujeron en bolsas entomológicas y se liberaron 15 ninfas del insecto por planta, sin alimento suplementario para favorecer la fitofagia, y se incluyeron plantas sin exposición al insecto como control. Al cabo de 48 h, se retiraron los insectos y las plantas se inocularon con 200 J2 de una población de *M. incognita* o con 600 J2 de una comunidad mixta formada por *M. arenaria*, *M. hapla* y *M. javanica*. Al finalizar una generación del nematodo, las raíces se lavaron y se sumergieron en una solución de Erioglaucina al 0.01% para teñir y contar las masas de huevo para estimar la infectividad. Posteriormente se



extrajeron los huevos de las raíces por maceración en lejía comercial al 10%. Además, se evaluó la preferencia de hembras del insecto por plantas susceptibles o resistentes inoculadas o no inoculadas con 600 J2 de la población y comunidad de *Meloidogyne* utilizadas anteriormente. 14 días después de la inoculación (DANI), las plantas inoculadas y no inoculadas se confrontaron en un olfactómetro de tubo y en experimentos en jaulas donde se liberaron 10 hembras de *M. pygmaeus* por jaula. Después de 1, 2, 4, 24, 48 y 72h de soltar los insectos en las jaulas, se contó el número de *M. pygmaeus* por planta y después de 72h la parte aérea de la planta se cortó e introdujo en recipientes individuales y se evaluó la descendencia después de 14 días. La exposición de las plantas a *M. pygmaeus* redujo la infectividad y la reproducción del nematodo en el tomate susceptible en un 37 y 53% respectivamente cuando las plantas se inocularon con *M. incognita* y en un 52 y 37% cuando se inocularon con la comunidad de *Meloidogyne*, pero no en el tomate resistente. La preferencia del insecto, así como la descendencia del mismo no se vio afectada por la infección del nematodo independientemente del cultivar de tomate o el inoculo del nematodo utilizado.

Financiado por: Proyecto R+D+i PID2021-129001OB-100, financiado por MCIN y FEDER, FSE por la beca predoctoral PRE2018-084265, Aïda M. Fullana. Actividad financiada por la Unión Europea-NextGenerationEU, Ministerio de Universidades y Plan de Recuperación, Transformación y Resiliencia, mediante convocatoria de la Universidad Politècnica de Catalunya (2022UPC-MS-93765).

P.82. Evaluación del efecto del compost añadido a un suelo agrícola en condiciones naturales sobre *Orobanche cumana*

Ana Domínguez Carmona¹, José Alfonso Gómez Calero¹, Leire Molinero Ruiz¹

¹ Instituto de Agricultura Sostenible, Córdoba

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: Viabilidad, infectividad, jopo, girasol, suelo degradado, enmienda orgánica.

Resumen:

Orobanche cumana (jopo) es una planta holoparásita de raíces de girasol que limita la producción de aceite. La germinación del jopo es inducida por metabolitos liberados por el sistema radicular del hospedante. El objetivo de este trabajo es evaluar el efecto que tienen las enmiendas con compost añadidas a un suelo agrícola natural muy degradado sobre la infección del girasol por *O. cumana*.

Se ha establecido un experimento de campo con un diseño factorial con tres repeticiones y dos factores con diferentes niveles: 1- compost en tres dosis: C0 (nada), C1 (10 t/ha) y C2 (30 t/ha) y dos periodicidades de enmienda diferentes: P1 (una sola vez) y P2 (anual); 2- cubierta vegetal: T1 (una mezcla de *Bromus*, *Brachypodium* y *Anthemis*) y T0 (suelo desnudo). En cada parcela experimental se enterraron, en diciembre de 2022, dos bolsas con semillas de *O. cumana*. Las



bolsas se extrajeron 12 (diciembre 2023, E1) y 16 (abril 2024, E2) meses después y se evaluó la viabilidad e infectividad de las semillas del patógeno que contenían.

Para estudiar la viabilidad in vitro seguimos la metodología utilizada en trabajos previos de nuestro grupo [1]. Las semillas de jopo se pusieron en contacto con una semilla susceptible de girasol de la variedad B117 pregerminada y GR24 (análogo de estrigolactona que induce la germinación del jopo) a 0.01 ppm durante 21 días a 23 °C. Posteriormente se evaluó al microscopio la germinación de las semillas de *O. cumana* de las bolsas de la primera extracción (experimento 1). Actualmente se están analizando las de la segunda extracción (experimento 2). Para los resultados del experimento 1, hemos observado un ligero incremento en la viabilidad de las semillas de jopo para casi todos los tratamientos (en ausencia de evaluación estadística).

La infectividad de *O. cumana* se determinó en dos experimentos en macetas en invernadero a 20-25 °C y fotoperiodo de 12-14 h (día/noche), de 12 semanas de duración cada uno. En cada experimento se establecieron seis repeticiones (plantas en macetas individuales). Se sembraron semillas pregerminadas de B117 en suelo previamente infestado con semillas de *O. cumana* extraídas del campo en los tiempos E1 y E2. Al final del experimento 1, la infectividad se evaluó como el número de nódulos adheridos a las raíces. El experimento 2 está actualmente en curso. Aunque todavía los datos no se han podido analizar estadísticamente, en el experimento 1 hemos observado que la infectividad es mayor para todos los tratamientos.

Financiado por: This work was supported by Consejería de Universidad, Investigación e Innovación- Junta de Andalucía, Qualifica Project [QUAL21_023 IAS]

Observaciones: [1] Domínguez Carmona, A., et al. (Septiembre, 2023). Uso de compost para la mejora de la salud del suelo. Estudio preliminar sobre su efecto en la germinación de *Orobancha cumana* [Comunicación]. 4ª Reunión del Grupo Especializado en Control Químico de Enfermedades y Desarrollo de Resistencias a Productos Fitosanitarios (FITORES), Alcalá del Río, Sevilla.

P.83. Búsqueda y estudio de hongos entomopatógenos eficaces para el control de *Leptoglossus occidentalis* Heidemann (Heteroptera: Coreidae)

Rodrigo Pérez García¹, Sergio Díez Hermano¹, Alfredo Benavente Martínez¹, Julio Javier Díez Casero¹

¹ Universidad de Valladolid, campus Palencia, Av. de Madrid, 44, 34004 Palencia

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: Leptoglossus, plagas emergentes, Pinus, entomopatógenos



Resumen:

Leptoglossus occidentalis Heidemann (Heteroptera: Coreidae) es una especie originaria de América del Norte, donde representa un grave problema para los huertos semilleros. Desde su introducción en Europa, su notable capacidad de expansión ha permitido que se establezca en todo el continente en pocos años. En la región mediterránea, su presencia ha causado una disminución significativa en la producción de piñones de *Pinus pinea*, resultando en importantes pérdidas económicas.

Para abordar este problema y desarrollar estrategias de control ambientalmente sostenibles, se han realizado ensayos de supervivencia utilizando hongos hipocreales endófitos de vegetación mediterránea de los géneros *Beauveria* y *Lecanicillium*. Los ensayos comenzaron con la recolección de individuos de *L. occidentalis* en campo para formar una colonia en condiciones de laboratorio.

Se evaluó la efectividad de estos hongos aplicándolos mediante dos técnicas diferentes: contacto directo entre el hongo y el huésped, e inoculación mediante aerosol con una concentración de 10^9 conidios/ml. Los resultados mostraron que todos los aislados fúngicos eran patógenos contra *L. occidentalis* a través del contacto directo, logrando una mortalidad mínima del 30%. *Beauveria bassiana* alcanzó una mortalidad del 100% con un tiempo letal medio (TL50) de 7 días. *Beauveria pseudobassiana* y *Lecanicillium* CDS-E1020 demostraron tener una virulencia similar, con una mortalidad del 50% y un TL50 de 15 y 18 días, respectivamente.

En la técnica de inoculación por aerosol, *Beauveria bassiana* resultó ser patógena con una mortalidad del 60% y un TL50 de 19 días, mientras que *Lecanicillium* CDS-E2010 no mostró actividad contra *L. occidentalis*. El conocimiento sobre la capacidad entomopatógena de hongos endófitos de la vegetación mediterránea puede ser crucial para enfrentar la amenaza que representa *L. occidentalis* para la industria del piñón, presentándose como una alternativa sostenible para el manejo de plagas forestales.

Financiado por: Universidad de Valladolid

P.84. Aislamiento y evaluación de endófitos como bioestimulantes y/o agentes de control biológico en lechuga y olivo

Antonio Vicente Sanz Ros¹, Verónica Alacid García¹, Raquel Valdés Illán¹, Pedro Palazón¹

¹ IDEAGRO S.L.

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: Endófitos olivo lechuga Bioestimulación control biológico hongos bacterias



Resumen:

Se realizó un análisis de endófitos de lechuga y olivo para evaluar si poseen la capacidad bioestimular el crecimiento vegetal y/o disminuir el daño causado por agentes patógenos de olivo, como *Verticillium dahliae*, y de lechuga, como *Botrytis cinerea*, *Sclerotinia sclerotiorum* y *Bremia lactucae*. Para ello, fueron aislados e identificados por métodos moleculares 28 microorganismos de lechugas y olivos sanos, 22 de lechuga (15 bacterias y 7 hongos) y 7 de olivo (todos hongos). Del mismo modo fueron aisladas e identificadas molecularmente diferentes cepas de los citados patógenos. Después fueron realizados enfrentamientos duales in vitro, mostrando que algunos endófitos reducían tanto el crecimiento de *Verticillium dahliae* (por competencia y antibiosis), como la germinación de esporangios de *Bremia lactucae*. Aunque ninguno redujo el crecimiento de *Botrytis cinerea* o *Sclerotinia sclerotiorum*, sí mostraron antibiosis frente a ellos. En ensayos con lechuga en cámara climática se comprobó una notable capacidad bioestimulante del crecimiento de la mayoría de endófitos (aumentos en altura, peso fresco y seco de parte aérea y de raíz), así como su capacidad de reducción de síntomas (clorosis y necrosis) causados por *Bremia lactucae* (mildiu). En ensayos bajo cubierta de olivo en macetas, se comprobó la capacidad de algunos de ellos en la reducción de la incidencia de Verticilosis y el AUDPC, así como una ligera bioestimulación. En lechuga iceberg en ensayos de campo se vio que todos los endófitos testados redujeron la incidencia de daños por *Botrytis*, algunos hasta en un 95%. Además, algunos aumentaron la producción, mejoraron la eficiencia de uso del agua, a la vez que produjeron lechugas con más proporción cogollo y menos de hoja sobrante. Se demostró de esta forma el potencial que tienen diferentes endófitos (hongos y bacterias) como bioestimulantes y/o agentes de control biológico. Este estudio se llevó a cabo dentro del marco de un Proyecto Torres Quevedo (PTQ2018-010007) del Ministerio de Ciencia e Innovación.

Financiado por: IDEAGRO S.L y Ministerio de Ciencia e Innovación.

P.85. Persistencia y concentración de *Trichoderma harzianum* T22 en raíz de tomate sobre diferentes sustratos

Francisco Marín Andrés¹, Alicia Ruiz Rodríguez¹, Elisabeth Hernández Torres¹, Jonathan Romero Masegosa¹, Jose Eduardo Belda Suárez¹

¹ Centro Experimental Koppert España, Vúcar, Almería

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: *Trichoderma harzianum* T22, turba, fibra de coco, lana de roca, fibra de madera, suelo franco, tomate.

Resumen:

Trichoderma harzianum T22 es un eficaz agente de control biológico, capaz de colonizar la rizosfera y el sistema radical de las plantas, llegando a penetrar hasta el cortex de la raíz. Los diferentes formulados preparados a base de este agente de biocontrol (Trianum) son utilizados



como biofungicidas para el control de las principales enfermedades de origen edáfico de los cultivos, causadas por hongos fitopatógenos de los géneros *Pythium*, *Rhizoctonia*, *Sclerotinia* y *Fusarium* entre otros. La gran capacidad de adaptación de la cepa T22 a diferentes factores abióticos (temperatura, pH, CE) permite su aplicación en un amplio rango de suelos y sustratos. No obstante, tradicionalmente se ha asociado una alta capacidad colonizadora de *Trichoderma* spp. y de la cepa T22 a suelos o sustratos con un alto contenido en materia orgánica, en contraposición a otros sustratos de origen inorgánico comúnmente utilizados en la horticultura. El objetivo planteado fue determinar la habilidad de T22 para colonizar diferentes sustratos de cultivo orgánicos e inorgánicos, así como el periodo de tiempo en el que ésta puede persistir en ellos tras la aplicación del formulado comercial. Para ello, se analizó el sistema radical de plantas de tomate cultivadas en sustratos a base de turba, fibra de coco, lana de roca, fibra de madera y suelo (textura franca) en condiciones de invernadero 30, 60 y 90 días después de la aplicación. Se compararon los resultados con controles no tratados con el formulado comercial en un Diseño en Bloques Completos al Azar para cada momento de muestreo, llevando a cabo análisis destructivos de los sistemas radicales de las plantas. Los resultados mostraron que *Trichoderma* spp. permaneció presente y detectable en las plantas de tomate tratadas y cultivadas en todos los sustratos. La concentración en los sustratos a base de turba, fibra de coco y suelo fue alta y constante a lo largo de los 90 días, mientras que en lana de roca y fibra de madera se alcanzaron niveles iniciales muy altos que fueron disminuyendo progresivamente hasta el final del ensayo.

P.86. Efecto de la desinfección del suelo sobre la persistencia de ToBRFV en restos vegetales

Carmen María Lacasa Martínez¹, M. Carmen Martínez¹, Victoriano Martínez¹, Inmaculada Fernández¹, Sandra Alcázar¹, Noelia Vallejos², Marta Rabadán², Carlos Ventura Padilla², Modesto Del Pino¹, Antonio Monserrat¹

1 Equipo de Protección de Cultivos, Instituto Murciano de Investigación y Desarrollo Agrario y Medioambiental (IMIDA)

2 Grupo de Control Sanitario de Virus Vegetales, Instituto Murciano de Investigación y Desarrollo Agrario y Medioambiental (IMIDA)

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: tomate, virosis, Tobamovirus, solarización, biosolarización

Resumen:

El virus del rugoso del tomate (*Tomato brown rugose fruit virus*, ToBRFV) está afectando preocupantemente a los cultivos de tomate en el sureste español. Este tobamovirus se transmite principalmente por contacto y es muy persistente, sobre todo en los restos vegetales. En este trabajo se ha evaluado el efecto de diferentes métodos de desinfección del suelo sobre la persistencia del virus en los restos de plantas de tomate, y su capacidad infectiva. Para ello se confeccionaron bolsas de malla en las que se introdujeron restos de plantas de tomate (hojas, tallos y raíces) infectadas por ToBRFV que se enterraron en los diferentes tratamientos.



Los ensayos se llevaron a cabo en dos parcelas: un invernadero de tomate de 5 ha en Mazarrón y una parcela al aire libre (1500 m²) en el Campo de Cartagena.

En el invernadero, los tratamientos de desinfección fueron: solarización, solarización + Metam-Na (600kg/ha), solarización en la zona de las bandas, sin desinfectar, sin desinfectar en un sector con las mallas levantadas. Se realizaron desde finales de Mayo hasta mediados de Agosto. Al aire libre se evaluó el efecto de la biosolarización con estiércol semicompostado de oveja (ESO) a 3,5 kg/m² y a 2,5 kg/m² mezclado con cascarilla de arroz a 0,5 kg/m², comparándolo con un tratamiento de solarización y un control sin desinfectar. La desinfección comenzó el 12 de julio y se retiraron los plásticos el 23 de agosto.

Las sondas vegetales se colocaron en la superficie del suelo a 15 y 30 cm de profundidad en el invernadero (4 repeticiones por tratamiento) y a 15 cm en el ensayo al aire libre (3 repeticiones). Se colocaron sondas de temperatura en una repetición de cada tratamiento y profundidad. Tras la desinfección, una porción del material vegetal se analizó mediante ELISA para detectar ToBRFV y se inocularon plantas de tomate (var. Paipai) y *Nicotiana benthamiana* que se mantuvieron en condiciones controladas durante tres semanas, momento en el que se realizó una evaluación de síntomas y un análisis ELISA de las plantas.

Los resultados muestran que el virus persiste, en mayor o menor medida, en los restos vegetales independientemente del tratamiento de desinfección empleado, siendo variable su capacidad infectiva.

Financiado por: Financiado en un 60% por fondos FEDER y en un 40% por fondos propios de la CARM

P.87. Control del mildiu de la vid en área productora de Txakoli con reducción de fitosanitarios

Ana Maria Diez Navajas¹, Mónica Hernández¹

¹ Departamento de Producción y Protección Vegetal. NEIKER-Instituto Vasco de Investigación y Desarrollo Agrario, Basque Research and Technology Alliance (BRTA). Campus Agroalimentario de Arkaute. 01192

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: viticultura, sanidad, enfermedad, *Plasmopara viticola*, bajos insumos, reducción

Resumen:

El control sanitario del mildiu de la vid, causado por el patógeno *Plasmopara viticola* (Berk. & Curtis) Berl. & de Toni, lleva asociado la aplicación reiterada de fungicidas a lo largo del ciclo de cultivo en áreas de elevada humedad ambiental. Pero el empleo reiterado de estos productos provoca (i) resistencias en el patógeno, lo que hace disminuir su eficacia, (ii) contaminaciones del



ecosistema, lo que deriva en un desequilibrio de la microfauna, y (iii) alteraciones en el arranque de las fermentaciones en bodega, lo que dificulta la vinificación. Esto, unido a una mayor concienciación medioambiental de la sociedad, está conduciendo a que el mercado del vino esté viendo incrementado el consumo de vino procedente de uva con bajos insumos o de producción ecológica. Pero la disminución del número de aplicaciones fungicidas conduce a pérdidas de rendimiento y calidad de la uva, lo que hace inasumible un producto final de calidad inferior y de escaso rendimiento. Por ello, con el objetivo de disminuir las aplicaciones fungicidas, pero no el control de la enfermedad, durante la campaña 2023 se sustituyeron en el esquema de control sanitario de un viñedo de la DO Bizkaiko Txakolina, el 20 y 40% de las aplicaciones de fungicidas, por productos de bajo impacto ambiental, basados en formulados con *Equisetum arvense*, lecitinas y *Bacillus subtilis*. Las evaluaciones de incidencia y gravedad de enfermedad se compararon con el esquema del 100% de aplicaciones de fungicidas. Los resultados mostraron que la reducción del 20% se aproxima al control fitosanitario basado en la aplicación de 100% de productos fungicidas en los tratamientos a lo largo del ciclo del cultivo. El rendimiento de uva en ambos casos distaba de la producción obtenida en la aplicación de reducción del 40%. Los registros de rendimiento también mostraron resultados optimistas en el esquema de reducción del 20% de fungicidas en el control del mildiu en áreas de producción con elevada humedad relativa.

Financiado por: SEIPASA, S.A.

P.88. Sensibilidad a los fungicidas QiI y QioSI en poblaciones de *Plasmopara viticola* procedentes de viñedos de Txakoli y Rioja Alavesa

Helene Sánchez-Zelaia¹, Ana M. Díez-Navajas¹, Mónica Hernández¹

¹ NEIKER Instituto Vasco de Investigaciones Agrarias, Basque Research and Technology Alliance (BRTA), Campus Agroalimentario de Arkaute, 01192, Arkaute, España

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: Resistencia a fungicidas, bioensayos, mildiu de la vid, QiI (Inhibidores internos de la Quinona), QioSI (Inhibidores internos y externos de la Quinona, unión tipo estigmatelina), materias activas.

Resumen:

La resistencia a fungicidas es la adaptación natural y heredable de los patógenos para sobrevivir a un tratamiento con un producto fitosanitario que normalmente proporcionaría un control efectivo. *Plasmopara viticola* (Berk. & Curtis) Berl. & de Toni, el mildiu de la vid, es un patógeno que requiere aplicaciones frecuentes de fungicidas cada campaña para mantener la correcta sanidad del viñedo, por lo que tiene un elevado riesgo de desarrollar resistencia a fungicidas. Los fungicidas inhibidores del complejo III de la respiración son ampliamente utilizados en el control del mildiu. Los Inhibidores externos de la Quinona (QoI) son uno de los grupos de fungicidas con este modo de acción, sin embargo, se utilizan cada vez menos ya que su resistencia está muy extendida. Los inhibidores internos de la Quinona (QiI) y los inhibidores internos y externos de



la Quinona, unión tipo estigmatelina (QioSI) son otros dos grupos con el mismo modo de acción, pero recientemente se han reportado resistencias en *P. viticola* (Fontaine et al., 2019; Cherrad et al., 2023). En este trabajo se analizó el comportamiento de poblaciones de mildiu provenientes de viñedos comerciales de Rioja Alavesa y Txakoli de la campaña 2023 frente a las materias activas que componen los grupos de fungicidas QioSI y QiI. Con ese propósito, se testó la sensibilidad de las muestras a los fungicidas ametotradin (QioSI), ciazofamida (QiI) y amisulbrom (QiI) mediante bioensayos en discos de hoja. No se encontraron poblaciones resistentes a la ciazofamida ni al amisulbrom, aunque sí se encontraron poblaciones que mostraban una menor sensibilidad al ametotradin. El conocimiento sobre la aparición de poblaciones resistentes a los diferentes grupos de fungicidas podría mejorar las estrategias actuales en el control del mildiu de la vid para minimizar el riesgo de propagación de poblaciones resistentes y aumentar la eficacia en el control de la enfermedad.

Financiado por: Este estudio se ha realizado como parte del contrato predoctoral de Helene Sanchez-Zelaia, financiado por el Programa Ikertalent 2021 del Departamento de Desarrollo Económico, Sostenibilidad y Medio Ambiente del Gobierno Vasco.

P.89. Natural compounds as sustainable control of *Neofusicoccum parvum*, the causal agent of *Botryosphaeria dieback*

Nieves Capote Maínez¹, Tarita Furlan², Brittany Oswald², Mark Sosnowski²

1 IFAPA Centro Las Torres, Alcalá del Río, Sevilla

2 South Australian Research and Development Institute-SARDI, Adelaide, SA, Australia

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: Mycelial growth inhibition, sustainability, Botryosphaeriaceae, wood diseases, almond, grapevine

Resumen:

The fungus *Neofusicoccum parvum* is one of the most aggressive species within *Botryosphaeriaceae* family. It is one of the causal agents of the *Botryosphaeria dieback*, a wood disease affecting economically important crops such as almond and grapevine. Symptoms consist on trunk and branch cankers, extensive gummosis, discoloration and necrosis of internal tissues, plant dieback and, eventually, plant death. This fungus can produce latent infections that become pathogenic when the host is under biotic or abiotic stress. Control of the disease commonly relies on cultural methods and the application of chemical fungicides to pruning wounds, the most common infection site. However, the banning of most active substances by European regulation due to human, animal and environmental damage has prompted the use of more sustainable control strategies. In this study we tested natural compounds such as basil oil, boric acid, cinnamon bark oil, citric acid, clove oil and Timorex® (*Melaleuca alternifolia* extract). Different doses were mixed into potato dextrose agar to evaluate their effect on the inhibition of mycelial growth and sporulation of *N. parvum* isolates from diseased almond and grapevine plants. All treatments inhibited the mycelial growth of both *N. parvum* isolates. Timorex at 2% and cinnamon



bark oil at 0.05% completely inhibited the mycelial growth of both *N. parvum* isolates, and basil oil at 0.5% inhibited more than 98% the growth of the grapevine isolate. *In vivo* assays in detached almond twigs and grapevine canes are being conducted.

Financiado por: Este trabajo ha sido financiado por el proyecto PR.AVA23.INV2023.007, cofinanciado al 80% con fondos FEDER.

P.90. Evaluación de la eficacia de *Bacillus velezensis* UMAF6639 para el control del oídio de las cucurbitáceas (*Podosphaera xanthii*) en pepino (*Cucumis sativus*)

Jonathan Romero Masegosa¹, Elisabeth Hernández Torres¹, Alicia Ruiz Rodríguez¹, Jose Eduardo Belda Suárez¹, Francisco Marín Andrés¹

¹ Centro Experimental Koppert España, Vícar, Almería

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: *Bacillus velezensis* UMAF6639, *Podosphaera xanthii*, pepino, eficacia

Resumen:

El oídio de las cucurbitáceas es una de las principales enfermedades aéreas que afectan a estos cultivos, responsable de cuantiosas pérdidas económicas en todo el mundo. Este grupo incluye diferentes especies de biótrofos obligados consideradas de alto riesgo, con alta capacidad de desarrollar resistencias a las diferentes materias activas de síntesis utilizadas para su control. *Podosphaera xanthii* es una de las especies más importantes causantes de esta enfermedad en los cultivos protegidos de pepino (*Cucumis sativus*), llegando a considerarse un factor limitante para su producción en determinadas áreas y ciclos de cultivo. El desarrollo de productos biofungicidas basados en agentes de control biológicos con eficacia contrastada frente a *P. xanthii* y su incorporación en los programas de manejo integrado de esta enfermedad, es de vital importancia para el mantenimiento de la sostenibilidad de los cultivos protegidos del sureste español. *Bacillus velezensis* UMAF6639 presenta una gran capacidad de biocontrol en plantas pertenecientes a la familia de las cucurbitáceas, debida principalmente de la producción de lipopéptidos. El objetivo de este trabajo fue comprobar la eficacia de un prototipo formulado a base de *B. velezensis* UMAF6639 comparándola con algunos productos químicos y biológicos de referencia para el control de *P. xanthii* en cultivos de pepino protegido. Para ello, se llevaron a cabo dos ensayos en dos años consecutivos donde se evaluaron diferentes dosis del prototipo frente a *P. xanthii* en cultivos en ciclo de otoño y primavera. Se llevó a cabo una inoculación artificial de *P. xanthii* obtenida a partir de un banco de inóculo y se realizaron 3 aplicaciones del formulado y los productos de referencia, con una frecuencia semanal, coincidiendo la primera aplicación con la aparición de los primeros síntomas. Los resultados se compararon con los controles no tratados, tratados con agua, producto químico y biológico de referencia, en un Diseño en Bloques Completos al Azar. El área bajo la curva de presión de la enfermedad mostró que el prototipo formulado redujo significativamente la gravedad de la enfermedad en comparación con las plantas



del testigo no tratado. La eficacia del químico y el biológico de referencia fueron, sin embargo, variables en los dos ensayos llevados a cabo. No se observaron síntomas de fitotoxicidad ni residuos sobre las plantas.

P.91. Support To Urgent Authorizations On Plant Health And Pesticides

Maria Villarino¹, José Luis Alonso-Prados¹, Filitsa Karamaouna², Per Kudsk³, Evangelos Karanasios²

¹ INIA-CSIC

² Benaki Phytopathological Institute

³ Aarhus University

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: agriculture, pest, pathogen, pesticide, control

Resumen:

The Farm to Fork strategy of the European Commission intends to accelerate the transition to a sustainable food system that should have a neutral or positive environmental impact, help to mitigate climate change and adapt to its impacts, reverse the loss of biodiversity, ensure food security, nutrition and public health, making sure that everyone has access to sufficient, safe, nutritious, sustainable food preserve affordability of food while generating fairer economic returns, fostering competitiveness of the EU supply sector and promoting fair trade.

Objective: Support to urgent authorizations on Plant Health and Pesticides Restricted to the list of competent organizations established by the Authority's Management Board in application of article 2 the Commission Regulation (EC) No 2230/2004 laying down detailed rules for the implementation of European Parliament and Council Regulation (EC) No 178/2002 with regard to the network of organizations operating in the fields within the Authority's remit. To achieve this objective, protocols will be developed for the evaluation of emergency authorizations of pesticides (insecticides and acaricides; fungicides and bactericides; soil fumigants, herbicides and nematicides) granted under Article 53 of Regulation (EU) 1107/2009.

Prior to the elaboration of the protocols, an analysis of all emergency authorizations in the EU Member States granted in the last 10 years will be carried out, alternative methods will be sought and criteria will be developed to evaluate these alternatives to control arthropods, nematodes, fungi, phytopathogenic bacteria, viruses and weeds.

Subsequently, a public consultation for each of the protocols will be carried out, including a workshop to which interested parties will be invited to give their opinion on the draft protocols. Finally, training will be provided to Member States and EFSA staff on how to implement the protocols.

Financiado por: Project "Support to urgent authorizations on Plant Health and Pesticides"



P.92. Explorando el potencial de los bacteriófagos en la lucha contra *Xanthomonas arboricola* pv. *pruni*

Elena G. Biosca¹, Félix Morán¹, Nerea García¹, Rosa Vázquez¹, Ana Palacio-Bielsa², Sergi Maicas¹, Belén Álvarez^{1,3}

1 Departamento de Microbiología y Ecología, Universitat de València, Valencia

2 Centro de Investigación y Tecnología Agroalimentaria de Aragón, Zaragoza

3 Área de Investigación Aplicada y Extensión Agraria, Instituto Madrileño de Investigación y Desarrollo Rural, Agrario y Alimentario, Madrid.

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: mancha bacteriana, bacteria fitopatógena, prevención, biocontrol, fago, actividad lítica, gestión integrada

Resumen:

Xanthomonas arboricola pv. *pruni* (Xap) es el agente etiológico de la mancha bacteriana de los frutales de hueso y del almendro, una grave amenaza para la producción de estos cultivos que reduce la calidad y la comerciabilidad de sus frutos. La gestión de la mancha bacteriana es muy compleja debido a la falta de productos agroquímicos eficaces, lo que junto a su creciente limitación en las políticas verdes de la Unión Europea ha estimulado el interés por los métodos de control biológico. El uso de virus bacteriófagos (fagos) específicos, efectivos y seguros puede ser una solución ecológica y sostenible para los agrosistemas.

El objetivo de este estudio ha sido aislar y caracterizar una colección de fagos con actividad lítica frente a cepas españolas de Xap, que puedan constituir potenciales agentes de control biológico efectivos en planta en nuestras condiciones. La caracterización de los fagos se ha iniciado determinando su rango de huéspedes, su especificidad y su capacidad para controlar el patógeno *in vitro*. Los resultados han permitido la selección de fagos específicos capaces de infectar y lisar distintas cepas españolas de Xap, reduciendo significativamente las poblaciones del patógeno *in vitro*. Con los fagos seleccionados se ha iniciado su caracterización morfológica y genómica, así como la evaluación de su capacidad para el control biológico en material vegetal. Los resultados iniciales indican la identificación de nuevos fagos que tras su caracterización completa podrían convertirse en nuevos agentes de biocontrol para mejorar las estrategias de prevención y control de la mancha bacteriana de los frutales de hueso dentro de los programas de gestión integrada de plantas leñosas.

Financiado por: Este resultado es parte del proyecto de I+D+i PID2021-123600OR-C44, financiado por MICIU/AEI/10.13039/501100011033/ y por FEDER Una manera de hacer Europa, FEDER/UE.



P.93. Caracterización de bacteriófagos líticos de *Xanthomonas vesicatoria* con potencial de biocontrol.

Elena G. Biosca¹, Isabel Salas¹, Rosa Vázquez¹, Ana Palacio-Bielsa², Belén Álvarez^{1,3}, Sergi Maicas¹

1 Departamento de Microbiología y Ecología, Universitat de València, Valencia

2 Centro de Investigación y Tecnología Agroalimentaria de Aragón, Zaragoza

3 Área de Investigación Aplicada y Extensión Agraria, Instituto Madrileño de Investigación y Desarrollo Rural, Agrario y Alimentario, Madrid.

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: mancha bacteriana, bacteria fitopatógena, prevención, biocontrol, fago, actividad lítica, tomate, gestión integrada

Resumen:

Xanthomonas vesicatoria es uno de los agentes causales de la mancha bacteriana del tomate y pimiento, una de las enfermedades que puede afectar gravemente a estos cultivos básicos para la alimentación humana. Los métodos de control de este patógeno con productos agroquímicos no son eficaces ni sostenibles, y suponen un impacto negativo para el medio ambiente y la salud global. Esto hace necesario la búsqueda de alternativas eficaces y ecosostenibles como las basadas en el uso de virus bacteriófagos (fagos), una estrategia innovadora para el control de bacterias fitopatógenas con sus predadores naturales.

En este trabajo se presentan los resultados de una caracterización biológica y morfológica inicial de una colección de fagos de *X. vesicatoria* con el objetivo de obtener candidatos a agentes de control biológico de este patógeno en condiciones españolas. Los resultados de ensayos de rango de huéspedes y especificidad han mostrado que varios de los fagos son específicos y capaces de infectar distintas cepas del patógeno. El análisis de la morfología de las calvas en placa y de las partículas víricas por microscopía electrónica de transmisión de los fagos seleccionados, junto con los ensayos de actividad biológica *in vitro*, concuerda con fagos con un estilo de vida lítico. Los ensayos de actividad en medio de cultivo nutritivo y en un medio que simula el ambiente vegetal han demostrado la capacidad de los fagos para reducir las poblaciones de *X. vesicatoria* en ambos medios y durante periodos prolongados. Posteriormente, los ensayos iniciales de actividad *ex vivo*, en hojas de tomate de una variedad susceptible, sugieren que la aplicación preventiva de algunos de estos fagos podría retrasar la aparición de los síntomas de la mancha bacteriana. Estos resultados indican que estos serían los primeros fagos españoles frente a *X. vesicatoria* con actividad en material vegetal.

Financiado por: Este resultado es parte del proyecto de I+D+i PID2021-123600OR-C44, financiado por MICIU/AEI/10.13039/501100011033/ y por FEDER Una manera de hacer Europa, FEDER/UE



P.94. Biocontrol de Enfermedades fúngicas del Lúpulo: Eficacia de cepas de *Streptomyces* spp. contra Fusariosis y Verticilosis

Rebeca Cobos¹, Seyedehtannaz Ghoreshizadeh¹, Carla Calvo-Peña¹, Marina Ruiz-Muñoz¹, Rebeca Otero-Suárez¹, Juan José R. Coque¹

¹ Universidad de León. Dpto Biología Molecular

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: biocontrol, *Fusarium sambucinum*, *Humulus lupulus*, lúpulo, *Streptomyces*, *Verticillium dahliae*

Resumen:

El lúpulo (*Humulus lupulus*) es una planta trepadora perteneciente a la familia de las cannabáceas. La utilidad principal de su cultivo es la recolección de los conos florales femeninos que se utilizan en la fabricación de cerveza. Los conos aportan alpha-ácidos, compuestos responsables del típico amargor de la cerveza, y aceites esenciales que aportan distintos compuestos aromáticos. El 94% de la producción nacional de lúpulo se concentra en Castilla y León, mayoritariamente en la zona alta de la vega del río Órbigo (León), siendo uno de los principales motores socioeconómicos para esa comarca eminentemente agrícola.

Dos de las enfermedades fúngicas que provocan el marchitamiento de la planta de lúpulo son la Fusariosis producida principalmente por *F. sambucinum* y la Verticilosis producida por *Verticillium* spp. (*V. dahliae* y *V. nonalfalfae*).

El género *Streptomyces* es conocido por su producción de metabolitos secundarios con capacidad antibiótica y han sido utilizados como agentes de biocontrol en cultivos como la vid, el olivo o el tomate entre otros. El objetivo de este trabajo fue la búsqueda y selección de cepas de *Streptomyces* capaces de inhibir el crecimiento de *Fusarium sambucinum* y *Verticillium dahliae*. Para ello se aislaron de la rizosfera de plantas de lúpulo 100 cepas de *Streptomyces* y se evaluó su capacidad de inhibición del crecimiento de *F. sambucinum* y *V. dahliae* mediante la producción de compuestos difusibles y compuestos volátiles. Del total de cepas aisladas se seleccionaron las que mayor porcentaje de inhibición del crecimiento mostraron y se comprobó su efectividad tanto en placa como en suelo. Los resultados obtenidos permitieron seleccionar 3 aislados de *Streptomyces* cuya aplicación en ensayos in vitro utilizando suelo como sustrato, inhibió significativamente el crecimiento de los patógenos a estudio.

Financiado por: Este trabajo ha sido financiado por el proyecto europeo SUSTEMICROP (PCI2022-132966) que ha sido financiado por el Ministerio de Ciencia e innovación, la Agencia Estatal de Investigación y la Unión Europea NextGenerationEU en el marco del programa Partnership for Research and Innovation in the Mediterranean Area (PRIMA 2021-Section 2).



P.95. Determinación in vitro del efecto de fitoquímicos purificados frente al crecimiento micelial de *Phytophthora cinnamomi*

Rosa López García¹, Rafael Nocete García¹, María Socorro Serrano Moral¹

1 Grupo de Recursos genéticos, mejora y protección del olivo y otros cultivos leñosos (UCOLIVO), Departamento de Agronomía, Universidad de Córdoba

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: Bioeconomía, Compuestos fenólicos, Espárrago, Dátil, Olivo, Oleuropeína, Pirogalol, Rutina

Resumen:

Los residuos agrícolas son una fuente significativa de compuestos fitoquímicos, mayoritariamente compuestos fenólicos, con importantes actividades biológicas, entre las que destaca su capacidad fungicida y/o biocida. El principal objetivo de este trabajo fue evaluar el efecto in vitro de 3 compuestos fenólicos componentes mayoritarios de los siguientes residuos agrícolas: tallos de espárrago (rutina), restos de poda de olivar (oleuropeína) y semillas de dátil (pirogalol), sobre el crecimiento micelial de *Phytophthora cinnamomi*, principal agente biótico causante de la podredumbre radical que afecta severamente a encinas y alcornoques en los bosques y dehesas de la Península Ibérica. Para ello, se transfirieron discos de agar de 5 mm de diámetro con micelio del aislado PE2203 o P7S (procedentes de España e Italia, respectivamente) a placas de CMA (Corn Meal Agar) tratado con el correspondiente compuesto fenólico purificado (rutina, oleuropeína, pirogalol) de forma individual, combinado dos a dos y los tres juntos, a dos dosis diferentes (0,002 y 0,004%). Se realizaron cuatro replicas por compuesto fenólico ensayado y dosis con sus correspondientes testigos sin tratar. Todas las placas se incubaron durante 5 días en oscuridad a 24°C. El experimento completo se repitió a tres tiempos distintos. Diariamente se midió el crecimiento diametral de las colonias. Los datos obtenidos se analizaron mediante un test no paramétrico Kruskal-Wallis y los valores medios se compararon entre sí mediante el test de Dunn para P

Financiado por: Trabajo financiado por el Programa Emergia de la Junta de Andalucía (conv. 2021) y por el proyecto CNS2022-135668 (MICINN).

P.96. Efecto de la biosolarización en invernadero con cultivos alternativos sobre nematodos, hongos y bacterias del suelo.

José Ignacio Marín-Guirao¹, David Arrescurrenaga¹, Felipe Peiró¹, Miguel de Cara¹

1 IFAPA - Centro La Mojonera

Tipo Comunicación: PÓSTER



Palabras Clave: *Brassica carinata*, *Crotalaria juncea*, *Fusarium Oxysporum* f. sp. *radicis-cucumerinum*, *Meloidogyne incognita*, microbiota edáfica, *Raphanus sativus*, *Sorghum sudanense* x *S. bicolor*.

Resumen:

La biosolarización se ha mostrado como una alternativa eficaz al uso de fumigantes químicos en los cultivos protegidos de hortalizas en el sur de España. El uso de especies vegetales con propiedades biofumigantes como enmienda orgánica puede mejorar su eficacia en suelos de invernadero. Este estudio se llevó a cabo durante el verano de 2023 en un invernadero de Almería. Se utilizaron contenedores de poliestireno de treinta litros (unidad experimental) y 0,13 m² de superficie, que contenían suelo de invernadero. Todos ellos fueron inoculados por riego con propágulos de *Fusarium Oxysporum* f. sp. *radicis-cucumerinum* (FORC) a una densidad de inóculo superior a 1x10⁶ UFC/g de suelo, y con *Meloidogyne incognita* a partir de fragmentos de raíces de tomate infestadas por el nematodo (ca. 500 J2/100 mL suelo). Se evaluaron cuatro tratamientos de biosolarización con diferentes especies vegetales (*Brassica carinata*, *Raphanus sativus*, *Crotalaria juncea* y *Sorghum sudanense* x *S. bicolor*), un tratamiento sin enmienda orgánica pero solarizado, y un tratamiento control sin solarizar que no recibió ninguna enmienda orgánica. Las especies vegetales se cultivaron durante 45 días en los mismos suelos en que Posteriormente fueron incorporadas a razón de 6 kg/m². El ensayo tuvo un diseño en bloques al azar con cuatro repeticiones. Se tomaron muestras de suelo antes y después de los tratamientos. Todos los tratamientos solarizados alcanzaron temperaturas superiores a los 48 °C a 15 cm de profundidad. El promedio diario de las temperaturas máximas, medias y mínimas fueron superiores en los tratamientos solarizados, que en todos los casos estuvieron por encima de los 43, 36 y 30 °C, respectivamente. Tanto la biosolarización como la solarización fueron letales para FORC y *M. incognita*, no siendo detectados en los análisis después de los tratamientos. Así mismo, todos los tratamientos biosolarizados provocaron un descenso de nematodos no fitoparásitos, así como descensos de las poblaciones de bacterias y hongos cultivables, sin diferencias entre las especies vegetales usadas. Aunque las comunidades de hongos estuvieron condicionadas por la especie vegetal, los índices de diversidad de hongos (Margalef y Shannon) no fueron modificados (*p*-valor > 0,05). Tanto la biosolarización con cultivos alternativos como la solarización, en época estival, fueron prácticas eficaces para el control de FORC y *M. incognita*, presentando un efecto depresivo sobre las poblaciones de nematodos, hongos y bacterias nativas del suelo. Experiencias previas muestran que la microbiota nativa de suelos biosolarizados tiende a reconstituirse durante el cultivo consecutivo a los tratamientos.

Financiado por: Proyecto OPTIMSOIL (PID2021-125545OR-C21) cofinanciado por MCIN/AEI/10.13039/501100011033/ y FEDER.



P.97. Cianobacterias nativas de biocostras de suelos antagonistas de hongos fitopatógenos de origen edáfico.

Pilar Águila-Carricondo¹, José Ignacio Marín-Guirao², Raúl Román³, Yolanda Cantón³, Miguel de Cara¹

1 Grupo de Ingeniería Química y Ambiental, Universidad Rey Juan Carlos, Madrid.

2 IFAPA - Centro La Mojonera, Camino San Nicolás nº1, 04745, La Mojonera (Almería).

3 Department of Ecosystem Science and Management, The Pennsylvania State University, State College, Pennsylvania, USA.

4 Centro de Investigación de Colecciones Científicas de la Universidad de Almería (CECOUAL), Universidad de Almería.

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: *Phytophthora capsici*, *Pythium aphanidermatum* y *Fusarium Oxysporum* f. sp. *radicis-cucumerinum*, inhibición, *Nostoc commune*.

Resumen:

Los productos basados en cianobacterias pueden proporcionar servicios en muchos campos, como la restauración de suelos, la industria o la agricultura. En este trabajo, se estudió el potencial de tres cianobacterias nativas procedentes de costras biológicas del suelo, pertenecientes a las especies *Nostoc commune*, *Scytonema hyalinum* y *Tolypothrix distorta*, mediante ensayos in vitro de inhibición del crecimiento micelial (ICM) para evaluar el efecto inhibitor de dieciocho productos basados en dichas cianobacterias sobre *Phytophthora capsici*, *Pythium aphanidermatum* y *Fusarium Oxysporum* f. sp. *radicis-cucumerinum* (FORC). Se realizó un ensayo multifactorial considerando tres variantes de producto basado en cultivos de cianobacteria: i) cepa de cianobacteria, ii) fase de crecimiento del cultivo de cianobacteria y iii) tratamientos post-cultivo: cultivos crudos, filtrados de cianobacterias y extractos de cianobacterias. Los resultados mostraron que los cultivos, extractos y filtrados obtenidos a partir de cultivos de cianobacteria en fase de crecimiento logarítmica, tuvieron en general un efecto fungistático inferior (9% ICM) y más errático que cuando se obtenían en fase de crecimiento estacionaria (28% ICM). Para esta fase de crecimiento, el patógeno que fue inhibido con mayor eficacia fue *P. capsici*, salvo en el caso del extracto de *S. hyalinum*, que no mostró aptitud inhibitoria para ninguno de los hongos. De las tres especies de cianobacteria estudiadas, *N. commune* fue la única que mostró cierto grado de inhibición frente a *P. aphanidermatum*, con valores superiores al 30% ICM (para el cultivo crudo en fase estacionaria). Los ICM mayores para FORC fueron obtenidos en fase estacionaria para los extractos y filtrados de *N. commune* (41,8% y 40,8% ICM, respectivamente), seguidos por el filtrado de *S. hyalinum* (31,5% ICM). También *N. commune* fue la cianobacteria con mayor efecto inhibitor sobre *P. capsici*, con ICM de 77,8%, 71,1% y 69,1% para los extractos, cultivo crudo y filtrados, respectivamente, en fase estacionaria, y con un ICM del 52,3% para el cultivo crudo en fase logarítmica, destacando también una ICM del 38,9% para el cultivo crudo de *T. distorta* en fase logarítmica. Estas observaciones ponen de manifiesto la diversidad que se encuentra en cuanto a las variables estudiadas, destacando la eficacia de los cultivos crudos de cianobacteria, que podrían ser utilizados sin necesidad de



procesos filtrantes/extractivos tediosos, ahorrando así tiempo, y evitando el uso de productos químicos típicamente empleados en los procedimientos de extracción.

Financiado por: Proyectos: TED2021-132332B-C21 (FEDER y “NextGenerationEU”/PRTR (AEI/10.13039/501100011033)) y PID2021-125545OR-C21 (FEDER, MCIN/AEI/10.13039/501100011033/).

P.98. Biosolarización de suelos y sustratos con plantas infectadas con el virus rugoso del tomate

Dirk Janssen¹, José Ignacio Marín Guirao¹, Miguel de Cara¹

¹ IFAPA, Centro La Mojonera

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: tobamovirus, tomate, desinfección, biosolarización, qRT-PCR

Resumen:

El virus rugoso del tomate (*Tomato brown rugose fruit virus*, ToBRFV) es un tobamovirus, se detectó por primera vez en cultivos protegidos de tomate (*Solanum lycopersicum* L.) en Medio Oriente en 2014, pero desde entonces ha extendido por todo el mundo. Los síntomas en tomate incluyen mosaico foliar, estrechamiento de las hojas y frutos moteados con manchas arrugadas de color amarillo o marrón. La enfermedad ha causado pérdidas de cosechas, comprendidas entre el 10 y el 15%. ToBRFV es muy estable, se transmite mecánicamente y por las semillas. También se conserva y es viable durante meses, tanto en el suelo como en restos de poda de plantas. Además, partículas de virus adsorbidas en la arcilla permanecen infecciosas durante más de un año. El suelo contaminado constituye una fuente primaria de propagación viral durante los sucesivos ciclos de crecimiento. La biosolarización del suelo combina la biofumigación o adición de materia orgánica fresca al suelo seguida de un riego próximo a saturación, junto con la solarización del suelo con un plástico transparente durante varias semanas en los meses más calurosos de verano. Se ha evaluado la eficacia de la biosolarización para reducir la transmisión secundaria de ToBRFV en suelo procedente de invernadero, y en sustratos de perlita, turba y coco, empleando como material biofumigante brotes frescos de plantas de tomate infectadas experimentalmente con ToBRFV, a razón de 20 g de tomate/L de suelo o sustrato. El suelo y los sustratos contaminados se saturaron con agua, se colocaron en recipientes sellados con un film de plástico, y se introdujeron en una estufa de incubación que fue programada con ciclos térmicos que reproducen las temperaturas registradas previamente a -15 cm en suelos de invernadero del sureste peninsular durante el proceso de solarización en el período estival. A intervalos de 15 días y hasta un total de 2 meses, se retiraron los recipientes de la incubadora, y en los mismos se plantaron plántulas de tomate sanas, y se transfirieron a una cámara de crecimiento durante otras 3 semanas. A continuación, se registraron visualmente síntomas asociados a ToBRFV y se determinó la carga viral en muestras de hojas mediante qRT-PCR. Los resultados sugieren que emplear tejido fresco de tomate contaminado con ToBRFV como material biofumigante, no



alteraba la capacidad de transmitir el virus a plántulas de tomate, causando la expresión de síntomas y acumulando altas cargas virales, habiendo transcurrido hasta 2 meses en condiciones de biosolarización. A la vista de los resultados obtenidos, el empleo de restos de tomate infectados con ToBRFV como material de biofumigación (incluso tras 60 días sometidos a temperaturas de solarización) supone un alto riesgo de contaminación del suelo y una limitación para el Pósterior cultivo de plantas susceptibles a este virus.

Financiado por: AVA23.INV2023.025 (FEDER, IFAPA)

Observaciones: Reconocemos la ayuda de Laura Gil y Antonia Belmonte.

P.99. Eficacia de allyl isocianato (Agroarena®) en la desinfestación de suelos en fresa

Berta De los Santos¹, David Ruano Rosa¹, Miguel Talavera Rubia², Luis Miranda Enamorado³, José Antonio Gómez Mora³, Juan Jesús Medina Mínguez³

1 Centro IFAPA Las Torres. Ctra. Sevilla-Cazalla km 12,2; 41200 - Alcalá del Río (Sevilla)

2 Centro IFAPA Alameda del Obispo. Avd. Menéndez Pidal s/n. Córdoba

3 Centro IFAPA Huelva. C/ Julio Caro Baroja s/n. Huelva

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: *Macrophomina phaseolina*, *Fusarium* spp, nematodos, fumigación, dicloropropeno, cloropicrina.

Resumen:

El cultivo de frutos rojos en Andalucía es un sistema de monocultivo intensivo en el que la rotación de cultivos no es factible, principalmente por rentabilidad económica, pero también debido a la polifagia de patógenos como nematodos del género *Meloidogyne* y algunos hongos que parasitan los diferentes cultivos que podrían ser incluidos en las rotaciones. Por ello, y para paliar las pérdidas de productividad agrícola, se ha venido realizando sistemáticamente una desinfestación del suelo en pre-plantación con biocidas que mantienen las poblaciones de patógenos edáficos por debajo de los niveles de inóculo que causan pérdidas en los cultivos (umbrales de daño). La situación normativa actual de las sustancias químicas ha dejado a los agricultores sin alternativas de este tipo para la desinfestación de suelos. En la actualidad, es preciso generar nuevos desarrollos para el control de patógenos de suelo (hongos y nematodos), en cultivos como el de la fresa. Allyl isocianato (comercializado como Agroarena) es una nueva materia activa para aplicación como fumigante de suelo. Durante la campaña agrícola 2022/23, se ha ensayado este producto, a dos dosis, en condiciones de campo para determinar su eficacia en el control de patógenos edáficos y su influencia en los rendimientos. Como controles positivos se realizaron aplicaciones de metam sodio (MeNa) y 1,3dicloropropeno:cloropicrina (1,3D:Pic), siendo el control negativo suelo no tratado. La eficacia de allyl isocianato en el control de nematodos fue similar a la de MeNa, mientras que, a dosis alta, fue tan eficaz como 1,3D:Pic en el control de *Macrophomina phaseolina* y especies de *Fusarium*. Las aplicaciones de allyl



isocianato incrementaron los rendimientos de cultivo a valores que no difieren de los obtenidos con 1,3D:Pic. La incidencia de podredumbre carbonosa (agente causal *M. phaseolina*) fue significativamente menor en los suelos tratados con allyl isocianato a dosis alta o con 1,3D:Pic que en los suelos no tratados.

Por lo tanto, el tratamiento con allyl isocianato podría constituir una alternativa con la suficiente eficacia para el control de dichos patógenos edáficos en el cultivo de la fresa, lo que permitiría no superar los umbrales de daño económico.

Financiado por: Convenio IFAPA-AGROQUÍMICOS DE LEVANTE (CEM 073/2022)

P.100. Evaluación de endófitos como agentes de biocontrol frente a especies causantes del decaimiento del aliso.

Raquel Del Campo Calvo¹, Eduardo Pastor Durántez¹, Genevieve Kuyanyim Adeyiga¹, Alba Díez Galán¹, Julio J. Díez Casero¹

¹ ETS Ingenierías Agrarias Universidad de Valladolid, Palencia

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: Aliso, antagonistas, control biológico, [i]Phytophthora[i], simbioses.

Resumen:

En los últimos años, las poblaciones de alisos se han visto drásticamente reducidas por un decaimiento asociado a especies de oomycetos, pertenecientes al género *Phytophthora*, que se engloban dentro del complejo *Phytophthora alni*. En la lucha contra las plagas forestales y los patógenos, el biocontrol puede ser una alternativa eficaz a los pesticidas y fertilizantes químicos. El objetivo de este trabajo es encontrar organismos endófitos de las áreas afectadas capaces de ralentizar o detener la expansión de este patógeno que afecta a los alisos. Durante el último año se muestrearon alisos de la zona norte y centro de la Península Ibérica, pudiendo aislar 6 especies distintas de *Phytophthora* procedentes de alisos que presentaban síntomas. Al mismo tiempo también se aislaron hongos endófitos del tronco de alisos sanos y enfermos, con los cuales Posteriormente se realizaron enfrentamientos duales de organismos en placa. El crecimiento tanto del hongo como del oomyceto se midió periódicamente con el fin de calcular el porcentaje de inhibición. Los resultados de los enfrentamientos muestran una gran cantidad de endófitos con capacidad de inhibición o ralentización del crecimiento del patógeno mediante la secreción de sustancias al medio, y también algún endófito con un cierto grado de micoparasitismo como el que presentan algunas especies del género *Trichoderma*. Los resultados con las bacterias aisladas de muestras de suelo de zonas donde se ha detectado la presencia de la enfermedad, como algunas del género *Bacillus*, han demostrado también capacidad de inhibición del crecimiento frente a las especies de *Phytophthora*.

Financiado por: Proyecto TED2021-130790B-C32, financiado por MCIN/AE/10.13019/501100011033 y por la Unión Europea “Next GenerationEU”/PRTR



P.101. Efectividad del control biológico del chancro del castaño en Villuercas (Cáceres) con cepas hipovirulentas

María del Carmen Rodríguez-Molina¹, Efrén Martín², Iván Ruíz¹, María Blanca García-García³, Paula Serrano-Pérez¹

1 Centro de Investigaciones Científicas y Tecnológicas de Extremadura (CICYTEX). Centro de Agricultura Ecológica y de Montaña (CAEM). Avda. España 43. 10600 Plasencia (Cáceres)

2 Asociación de Productores de Castaña de Villuercas. Avda. Virgen de Guadalupe, nº 63. 10364 Navezuelas (Cáceres)

3 Instituto de Investigaciones Agrarias Finca La Orden-Valdesequera. Centro de Investigaciones Científicas y Tecnológicas de Extremadura (CICYTEX). Finca La Orden, A5 km 372. 06187 Guadajira (Badajoz)

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: *Cryphonectria parasitica*, hipovirus CHV-1, tratamientos experimentales

Resumen:

La comarca de Villuercas-Ibores-Jara, en el sudeste de Cáceres, es una de las principales zonas productoras de castaña dulce de Extremadura. La enfermedad del chancro, causada por *Cryphonectria parasitica*, es el problema fitosanitario más grave del castaño en esta zona, siendo la poda y los injertos los principales factores de dispersión. Actualmente no se dispone de variedades resistentes ni de métodos químicos para su control y el único método eficaz de control es el tratamiento con cepas hipovirulentas. Estas cepas son aislados de *C. parasitica* que han perdido su patogenicidad debido a la infección con el hipovirus CHV-1, que puede transferirse entre aislados del mismo Grupo de Compatibilidad Vegetativa (GCV). Para aplicar tratamientos con cepas hipovirulentas en una zona es necesario conocer previamente los GCV y los tipos de apareamiento (MAT-1/MAT-2) presentes y disponer de cepas hipovirulentas compatibles con los GCV encontrados. La caracterización de las poblaciones de *C. parasitica* de Villuercas, realizada en el marco del GO CASTANEA, puso de manifiesto que en esta comarca se reunían las condiciones adecuadas para la aplicación del control con cepas hipovirulentas: (1) predominio de un GCV (EU11), (2) presencia de un solo tipo MAT en cada zona y por tanto, ausencia de reproducción sexual que dificultaría el establecimiento de la hipovirulencia y (3) presencia del hipovirus CHV-1 en un aislado compatible (EU11), cuyo análisis filogenético lo asocia al subtipo I, muy efectivo en la dispersión de la hipovirulencia. Por ello, en otoño de 2021 se inició en Villuercas el primer programa de tratamientos experimentales con cepas hipovirulentas en Extremadura. Desde entonces, en colaboración con la Asociación de Productores de Castaña de Villuercas, se han aplicado tratamientos en primavera y otoño de 2022 y 2023, y en la primavera de 2024. Para evaluar la eficacia de los tratamientos, se han realizado exámenes visuales de los chancros tratados en un total de 100 árboles, localizados en diferentes parcelas e incluyendo castaños jóvenes y adultos con corteza gruesa. Para el examen visual se establecieron tres categorías (A, B y C) basadas en la perimetración y detención del crecimiento del chancro y a la presencia cicatrización de los tejidos, indicando la categoría A el éxito del tratamiento y la C la falta de eficacia. Los resultados preliminares indican una eficacia elevada en el control de la enfermedad, especialmente en los árboles jóvenes con chancros bien delimitados. Se pretende



continuar aplicando en Villuercas este método de control biológico, eficaz y respetuoso con el medio ambiente, que es fundamental para la recuperación y mantenimiento de la productividad de castañares en riesgo debido a esta enfermedad.

Financiado por: Proyectos MIPEX y MIP3 (Junta de Extremadura y cofinanciación FEDER, PO 2014-2020 y PO 221-2027) y GO CASTANEA (FEADER).

P.102. Eficacia y fitotoxicidad del fosetil-aluminio aplicado mediante endoterapia para el control de *Phytophthora cinnamomi*

Paula Serrano-Pérez¹, Mikel Cebadero¹, Laura Ojalvo¹, Iván Ruiz¹, Gerardo Moreno², María del Carmen Rodríguez-Molina¹

1 Centro de Agricultura Ecológica y de Montaña (CAEM). Centro de Investigaciones Científicas y Tecnológicas de Extremadura (CICYTEX), Plasencia

2 Instituto de Investigación de la Dehesa (INDEHESA). Universidad de Extremadura, Plasencia.

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: Castanea spp., Fitotoxicidad, fosfonatos, inyección al tronco, Oomicetos, tinta del castaño

Resumen:

El fosetil-aluminio (fosetil-al) es un fosfonato que no tiene una toxicidad elevada y su uso como fungicida sistémico en la agricultura convencional no presenta problemas significativos, salvo cumplir con los LMRs. La endoterapia, o inyección de sustancias activas al tronco, maximiza la absorción del producto, tiene un bajo riesgo para aplicadores y ecosistemas y un mínimo consumo de agua. El objetivo fue evaluar la eficacia y la fitotoxicidad del fosetil-al aplicado mediante endoterapia para controlar la enfermedad de la tinta del castaño, causada por *Phytophthora cinnamomi*.

En marzo de 2023, se trasplantaron 50 plantones de *Castanea sativa* de 2 años, procedentes de un vivero comercial, a macetas de 60 litros con turba, arena y estiércol de caballo (50:4:1, v:v:v) al aire libre con riego por goteo en el CAEM (Plasencia). El diseño fue completamente aleatorizado con 10 plantas por tratamiento. Los tratamientos de endoterapia se aplicaron mediante dispositivos presurizados (Ynject Go®, Fertinyect) con 45 ml de una solución de fosetil-al (80% WP) a diferentes concentraciones: 4, 2, 1 y 0%. Se incluyó un tratamiento con la dosis intermedia (45 ml al 2%) aplicado por riego. Un mes después, se inoculó el tallo de cada plantón con *P. cinnamomi* y se midió la longitud de las necrosis a los 57 días. Se evaluó la fitotoxicidad y se tomaron medidas de la fluorescencia de la clorofila (PhiPS2) y la conductancia estomática (gs). Antes de los tratamientos, se detectó *P. cinnamomi* en el 56% de los plantones, probablemente debido a su infección en el vivero. Se evaluaron los síntomas de enfermedad y se analizaron las raíces en medio NARPH.

Se observó una alta eficacia del fosetil-al aplicado por endoterapia, con una reducción significativa de la necrosis del tronco (0±0 mm para 4%, 0±2 mm para 2%, 1±3 mm para 1% y



27±24mm para 0%). En algunos casos se observó hipersensibilidad en los puntos de inoculación, indicando la activación de los mecanismos de defensa. La concentración 2% aplicada por riego fue menos efectiva (14±25 mm). *P. cinnamomi* se aisló en el 100% de las raíces de los plantones no tratados y solo en el 16% de los tratados con fosetil-al mediante riego. Las concentraciones más altas por endoterapia resultaron fitotóxicas. Las máximas dosis redujeron la gs y la PhiPS2, indicando daños causados por el producto.

El fosetil-al aplicado mediante endoterapia muestra alta eficacia y activación de defensas en el castaño contra el patógeno *P. cinnamomi*. En plantones puede ser fitotóxico si se excede de 0,21 g/cm de perímetro de tronco. La ampliación de la autorización de este producto debería ser contemplada para su aplicación en viveros, debido al alto riesgo de infección por *P. cinnamomi*.

Financiado por: Financiado por el PRI de la Junta de Extremadura y fondos FEDER (IB20136).

P.103. Actividad antifúngica de la fracción volátil de aceites esenciales y de compuestos fenólicos derivados

Laura Martín¹, Paula Serrano-Pérez², María del Carmen Galea Gragera¹, L. Elías Conde², María del Carmen Rodríguez Molina²

1 . Centro de Investigaciones Científicas y Tecnológicas de Extremadura (CICYTEX). Finca La Orden, A5 km 372. 06187 Guadajira, (Badajoz)

2 Centro de Investigaciones Científicas y Tecnológicas de Extremadura (CICYTEX). Centro de Agricultura Ecológica y de Montaña (CAEM). Avda. de España 43, 10600 Plasencia (Cáceres)

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: biofungicidas, efecto fungistático, hongos, oomicetos, aceite de clavo, aceite de citronela, carvacrol, eugenol

Resumen:

La reducción de pesticidas químicos es un objetivo prioritario de la estrategia europea “De la granja a la mesa” y por ello, la demanda de productos alternativos respetuosos con el medioambiente se ha incrementado. Los aceites esenciales (AE) extraídos de diversas especies vegetales son potenciales biopesticidas, con demostrada actividad antimicrobiana de muchos de ellos. Esta actividad depende de la composición química de los AE, siendo los fenoles los componentes con mayor actividad antifúngica. Los AE se componen de fracciones volátil y líquida y, aunque la fracción volátil contribuye en gran medida a la actividad antimicrobiana, lo más habitual es ensayar la actividad conjunta por el método de difusión en agar. En este trabajo se ha determinado la actividad antifúngica de la fracción volátil de 2 AE (citronela y clavo) y de dos compuestos fenólicos (eugenol y carvacrol) mayoritarios en algunos AE frente a 7 especies de hongos (*Phaeomoniella chlamydospora*, *Neofusicoccum parvum*, *D. seriata*; *Fomitiporia mediterranea*, *Fusarium Oxysporum* f.sp. *lycopersici*, *Cryphonectria parasitica*, *Gnomoniopsis smithogilvyi*) y 2 especies de oomicetos fitopatógenos (*Phytophthora cinnamomi* y *P. nicotianae*). Se ha utilizado el método de la placa invertida, sembrando un disco de micelio en el centro de



cada placa de Petri con medio PDA y disponiendo en la tapa de la placa invertida un disco de papel de filtro en el que se aplica el AE. El crecimiento micelial se midió a los 3 días de incubación a 25 °C. Cuando la inhibición del crecimiento fue total se retiró el papel de las placas, que se revisaron a los 3 días de incubación para determinar si el producto tenía efecto fungistático o fungicida. Se ensayaron 5 dosis de cada AE y compuesto (0,5; 0,75; 1; 1,5; 2 μ L por placa) y en las placas control se aplicó agua en el disco de papel. Se prepararon 4 placas para cada especie, producto y dosis. Los 4 productos ensayados inhibieron el crecimiento micelial de todos los aislados, aunque los porcentajes de inhibición fueron muy variables dependiendo del producto, de la dosis y de la especie de hongo y oomiceto. En general, el producto más efectivo fue el carvacrol y el menos efectivo, el aceite de citronela. Las especies menos susceptibles fueron *D. seriata*, *N. parvum* y *F. mediterranea*, mientras que las más susceptibles a todos los productos fueron *G. smithogilvyi* y *P. nicotianae*. Los distintos productos tuvieron efecto fungistático o fungicida dependiendo de la dosis aplicada y de la especie de hongo y oomiceto. Los resultados indican que la fracción volátil de los AE de clavo y de citronela y la fase volátil del eugenol y del carvacrol tienen una elevada actividad fungicida frente a determinadas especies de hongos y oomicetos.

Financiado por: Este estudio forma parte del programa AGROALNEXT, financiado por MCIN con fondos de la Unión Europea NextGenerationEU (PRTR-C17.I1)

P.104. Efecto de bacterias de la rizosfera de olivo y endófitas de raíz de platanera sobre el desarrollo del girasol y sobre el control de infecciones por la planta parásita *Orobanche cumana*

Carmen Gómez-Lama Cabanás², Montserrat Jurado Expósito¹, Luca Testi¹, Ana Belén García Carneros¹, Leire Molinero Ruiz¹

¹ Instituto de Agricultura Sostenible, Córdoba

² Instituto Nacional de Investigaciones Agrarias, Madrid

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: Detección por temperatura, *Helianthus annuus* L., microorganismos del suelo

Resumen:

El jopo, causado por *Orobanche cumana* Wallr. (Oc), es la mayor limitación biótica de la producción de aceite de girasol en el Mediterráneo, este de Europa y oeste de Asia, donde las pérdidas anuales se cuantifican en más de 2109. Existen diversas medidas de lucha, incluidos el control químico, la rotación de cultivos o el uso de híbridos resistentes. La resistencia genética es la alternativa más frecuente, viable y efectiva, si bien está condicionada por la identificación de poblaciones de Oc con virulencias crecientes. El resto de medidas mencionadas, son sólo parcialmente efectivas, perjudiciales para el medio ambiente y/o costosas. Por tanto, es necesario encontrar nuevas estrategias de lucha contra Oc, como es el caso del control biológico. Especies del género *Pseudomonas* y del orden Bacillales son capaces de inhibir el alargamiento de la radícula de *Orobanche cernua*. Hemos investigado el efecto de 12 cepas bacterianas de la rizosfera



de olivo (incluida *Pseudomonas simiae* PICF7, capaz de colonizar las raíces de girasol) o endófitas de la raíz de platanera sobre el crecimiento de las plantas de girasol y sobre el desarrollo de Oc en ellas, analizando también la reacción del girasol bacterizado mediante termografía. Llevamos a cabo seis experimentos en invernadero durante 5 semanas. Se bacterizaron semillas de girasol susceptible a Oc con suspensiones de 9 *Pseudomonas* spp., 1 *Serratia marcescens* y 2 cepas de Bacillales, incluyendo tratamientos con agua y con $MgSO_4$ como controles. Se sembraron ocho semillas de girasol en macetas individuales con 250 g de sustrato sin infestar o uniformemente infestado con la población 01-15 de Oc. Ninguna de las cepas estudiadas disminuyó el número de nódulos de jopo. Las reducciones significativas de altura y pesos seco y fresco de parte aérea y subterránea del girasol y de Oc se atribuyeron al $MgSO_4$. La temperatura de las hojas de las plantas con Oc y bacterizadas fue significativamente mayor en los tratamientos con *Pseudomonas indica* (PIC105), *Pseudomonas* sp. (PIC25) y *Bacillus* sp. (PIC28), lo que sugiere que, en presencia de Oc, estas bacterias parecen reducir la tasa de transpiración del girasol. Cuando analizamos el efecto de las bacterias en el crecimiento de plantas no infectadas, observamos un aumento significativo en la altura de las plantas tratadas con dos cepas de *Pseudomonas* sp. (IAS-B-282, PICF6) y con *Pseudomonas simiae* (PICF7). Además de estas dos últimas cepas, *Pseudomonas* sp. (PIFC4) y *Pseudomonas chlororaphis* subsp. *aureofaciens* (IAS-B-944) se asociaron a temperaturas significativamente menores. El aparente efecto beneficioso de especies de *Pseudomonas* sobre la fisiología del girasol se analizará en futuros estudios.

Financiado por: Proyectos Horizon Europe CROPINNO y Qualifica - Junta de Andalucía (QUAL21_023 IAS).

P.105. Evaluación de productos fitosanitarios frente a fitopatógenos del cultivo de fresa

David Ruano Rosa¹, Belén Romero Ufano¹, Anna Dal Prà¹, Berta De Los Santos¹

¹ Área de Protección Vegetal Sostenible. Centro IFAPA de Las Torres. Ctra. Sevilla-Cazalla km 12,2; 41200 - Alcalá del Río (Sevilla).

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: *Macrophomina phaseolina*, *Fusarium solani*, *Fusarium Oxysporum*, *Neopestalotiopsis rosae*, control químico

Resumen:

El cultivo de la fresa se ha visto en los últimos años afectado por una continua disminución de las materias activas autorizadas para hacer frente a los principales patógenos fúngicos, dejando al sector sin herramientas efectivas para su control. Esto ha llevado a que los problemas de origen biótico aumenten campaña tras campaña, con especial incidencia de los patógenos de suelo. El objetivo del presente trabajo fue identificar fungicidas que, estando autorizados para su aplicación en otros patosistemas, pudieran tener efectividad en el control de patógenos edáficos,



y que por lo tanto pudieran ser objeto de un cambio o ampliación de registro, facilitando así nuevas herramientas efectivas para este cultivo estratégico.

Mediante ensayos in vitro de «medio envenenado» se evaluó la efectividad de siete productos fitosanitarios (Signum®, Nemguard®, Luna®, Amistar®, Nomada®, Setil-80® y carbendazima que actuó como control) frente a cuatro patógenos de relevancia en el cultivo de fresa: *Macrophomina phaseolina* (MAC), *Fusarium solani*, *Fusarium Oxysporum*, *Neopestalotiopsis rosae* (NER). Se utilizaron 4 concentraciones comprendidas entre 1-250 ppm, calculándose el porcentaje de inhibición y dosis inhibitoria 50 (DI50), clasificando su toxicidad en alta, moderada y no tóxico (50 ppm respectivamente).

Dos de ellos, Nemguard® y Setil-80®, no mostraron actividad inhibitoria, o esta fue muy baja (< 1 ppm, mientras para NER la toxicidad fue moderada en el caso de Signum® y Nomada®, siendo las dos especies de *Fusarium* las que, en general, mostraron menor inhibición (DI50 > 50 ppm). Como conclusión destacamos el potencial que presenta Nomada® (Difenoconazol 25 %) con un amplio espectro de acción y DI50 más bajo, seguido de Signum® (Boscalida 26,7 % + Piraclostrobin 6,7 %), en ambos casos principalmente frente a MAC, que en la actualidad es el principal problema fúngico de suelo en este cultivo. El hecho de que algunos de los fungicidas estudiados también presenten buenos resultados frente a este patógeno favorecería la combinación de tratamientos. Es por ello que, como estrategia, se plantea su estudio experimental en condiciones de campo mediante aplicación por riego para poder determinar con mayor precisión su efectividad.

Financiado por: Este trabajo ha sido financiado por el proyecto PP.AVA2023.005, financiados al 80% con fondos FEDER

P.106. Biocontrol de aislados de *Trichoderma* frente a patógenos fúngicos del cultivo de fresa

Berta De Los Santos¹, Belén Romero Ufano¹, Anna Dal Prà¹, David Ruano Rosa¹

1 Área de Protección Vegetal Sostenible. Centro IFAPA de Las Torres. Ctra. Sevilla-Cazalla km 12,2; 41200 - Alcalá del Río (Sevilla)

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: *Macrophomina phaseolina*, *Fusarium solani*, *Fusarium Oxysporum*, *Neopestalotiopsis rosae*, control biológico, *Trichoderma* spp., cultivos duales, cultivos en celofán.

Resumen:

El control biológico es actualmente una de las alternativas más demandadas, sobre todo en cultivos que, como el de la fresa, se ha reducido el número de materias activas disponibles. Las especies del género *Trichoderma*, debido a su versatilidad y la amplia batería de modos de acción que pueden presentar, continúan siendo uno de los referente dentro de los hongos antagonistas. El objetivo del presente trabajo fue identificar aislados de *Trichoderma* con capacidad de



biocontrol y que puedan ser incluidos en estrategias de control integrado frente a los principales patógenos del cultivo de fresa.

Para ello, se evaluó el efecto de 4 aislados de *Trichoderma* de diferentes orígenes (tres del cultivo de fresa: CH102, CH103, TOR982, y uno de un té compost, CH022), frente a 4 patógenos de relevancia para el cultivo de la fresa como *Macrophomina phaseolina* (MAC), *Fusarium solani* (FS), *Fusarium Oxysporum* (FOX) y *Neopestalotiopsis rosae* (NER). En este trabajo se realizaron ensayos in vitro de cultivos duales y cultivos en celofán. En el caso de MAC los experimentos de cultivos duales se efectuaron a 25 °C y 30 °C (temperatura óptima de crecimiento de los aislados de *Trichoderma* y MAC respectivamente). Para los experimentos en celofán se usó la temperatura óptima de crecimiento de cada hongo. Se calculó el porcentaje de inhibición para ambos estudios. Adicionalmente se tomó nota del sobrecrecimiento y esporulación sobre el patógeno (habitualmente asociado al micoparasitismo).

En general, FOX y FS mostraron la menor sensibilidad utilizando ambos métodos. En los cultivos duales pudimos observar como CH022 alcanzó los mayores %ICR para NER y MAC el cual, al crecer a 30 °C disminuyó la inhibición con respecto a 25 °C. Sin embargo, esta *Trichoderma* produjo la menor inhibición frente a FS CH022, CH102 y CH103 mostraron gran capacidad de sobrecrecimiento con diferentes grados de esporulación sobre los patógenos, si bien solo CH102 fue capaz de sobrecrecer sobre FS. Solo CH022 sobrecreció a MAC a la temperatura óptima del patógeno. TOR982 presentó la menor capacidad de sobrecrecimiento, aunque si lo hizo sobre FS.

Por su parte, en los cultivos en celofán los aislados de *Trichoderma* utilizados en general no presentaron diferencias significativas, pero para algunos patógenos como MAC y NER, los %ICR fueron muy elevados, a diferencia de lo observado para las dos especies de *Fusarium*. En conclusión, de los aislados estudiados destacó CH022, el cual, a pesar de no proceder del

cultivo de fresa, mostró el mejor comportamiento frente a uno de los principales patógenos de suelo en este cultivo como es MAC, con altos indicios de existencia de micoparasitismo que deberán ser evaluados en el futuro.

Financiado por: Este trabajo ha sido financiado por el proyecto PP.AVA2023.005, financiados al 80% con fondos FEDER

P.107. Impacto y manejo integrado de infecciones fúngicas ligadas al ataque del nematodo *Tylenchulus semipenetrans* en cultivos de cítricos

Kristell Santander Tarín¹

¹ Neval Grupo Farmalent, Castellón

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: *Tylenchulus semipenetrans*, *Phytophthora*, cítricos, *colletotrichum*, *Fusarium*, rizoctonia, sanidad del cultivo, control hongos y nematodos cítricos



Resumen:

En España, los cultivos de cítricos son predominantes en tres principales territorios: la Comunidad Valenciana (155.893 hectáreas), Andalucía (95.441 hectáreas) y la Región de Murcia (45.727 hectáreas), que en conjunto representan el 96% de la superficie total dedicada a estos cultivos en el país. Estos territorios enfrentan desafíos significativos debido a la presencia de plagas y enfermedades, entre las cuales el nematodo *Tylenchulus semipenetrans* y patógenos como *Phytophthora*, *Colletotrichum*, y *Fusarium* juegan un papel crucial en la salud y productividad de los árboles.

Tylenchulus semipenetrans, comúnmente conocido como el nematodo de los cítricos, es un parásito que afecta gravemente las raíces de los árboles de cítricos, causando síntomas como amarilleo de hojas, defoliación y podredumbre radicular. Estudios han mostrado que el 95% de las muestras analizadas de los principales territorios de cultivo presentan una elevada infestación de este nematodo.

Caso de Estudio: Recuperación de Árboles de Orri ante la situación sin NEMATICIDAS REGISTRADOS con una eficacia elevada.

En octubre de 2023, abordamos un caso de árboles de cítricos de la variedad Orri, gravemente infestados con *Tylenchulus semipenetrans* a niveles de 23.500 J2/100 cc. Implementamos una estrategia de manejo integral que logró reducir la población de nematodos a 9.000 J2/100 cc en una semana, y a 200 J2/100 cc para enero de 2024. Esta reducción significativa permitió una brotación normal en marzo y se espera una buena producción en la temporada actual. La estrategia incluyó:

1. Aplicación de soluciones Nematicidas.
2. Análisis para ver la bajada de nematodos fitopatógenos y dependiendo del umbral aplicar fungicida o continuar con la erradicación de nematodos fitoparásitos.
3. Comenzar a regenerar el suelo y establecer estrategias para nutrir y fomentar la brotación aérea y radicular.

A pesar de los avances en el manejo de nematodos y patógenos asociados, muchos cultivos aún carecen de soluciones nematicidas efectivas y sostenibles. La investigación y desarrollo continuo en este campo es crucial para garantizar la salud y productividad a largo plazo de los árboles de cítricos. La integración de prácticas culturales, biológicas y químicas, junto con el monitoreo regular y la implementación de estrategias de manejo integrado de plagas (MIP), son esenciales para combatir las infecciones combinadas de nematodos y hongos patógenos.

En conclusión, el manejo efectivo de *Tylenchulus semipenetrans* y los patógenos asociados como *Phytophthora*, *Colletotrichum*, y *Fusarium* es fundamental para la salud y la productividad de los cítricos en España.

Financiado por: NEVAL GRUPO FARMALENT S.L



P.108. El silicato cálcico reduce la actividad de *Phytophthora cinnamomi* y la enfermedad en castaño

Paula Serrano-Pérez¹, Gerardo Moreno², Mikel Cebadero¹, Laura Ojalvo¹, Iván Ruiz¹, María del Carmen Rodríguez-Molina¹

1 Centro de Agricultura Ecológica y de Montaña (CAEM). Centro de Investigaciones Científicas y Tecnológicas de Extremadura (CICYTEX), Plasencia

2 Instituto de Investigación de la Dehesa (INDEHESA). Universidad de Extremadura, Plasencia.

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: *Castanea* spp., enmiendas cálcicas, manejo integrado de enfermedades, silicatos, SiO₂ tinta del castaño

Resumen:

Los castaños son hábitat de interés comunitario (Directiva Hábitat 92/43/CEE) fundamentales para el paisaje, el patrimonio cultural y la economía de las áreas donde se encuentran. La enfermedad de la tinta, causada por *Phytophthora cinnamomi*, es una de las principales causas de mortalidad del castaño. Se ha demostrado el efecto positivo del silicato potásico para la supresión de esta enfermedad en condiciones controladas. La deposición de Si en las paredes celulares actúa como barrera física contra la penetración de patógenos y se está estudiando su participación en la inducción de respuestas de defensa de las plantas. También el calcio ha mostrado ser un elemento clave en el manejo de *Phytophthora* spp. reduciendo su capacidad de multiplicación. El objetivo de este trabajo fue evaluar el efecto del silicato cálcico en la actividad del inóculo de *P. cinnamomi* y en el desarrollo de la enfermedad en castaño.

Se trasplantaron plántulas de *Castanea sativa* de un mes, obtenidas de castañas desinfectadas, a macetas de 3 litros con turba, vermiculita y arena (1:1:1; v/v), desinfectadas en autoclave. Se mantuvieron en cámara de ambiente controlado con el sustrato a capacidad de campo. Se diseñó un experimento en bloques al azar con 3 bloques y 5 repeticiones (15 plantas por tratamiento). El tratamiento con silicato cálcico consistió en dos aplicaciones al suelo de 200 ml de una solución al 1% de silicato cálcico (24% SiO₂ y 22,5% CaO) con un intervalo de 10 días. Al día siguiente de la última aplicación y 50 días después del trasplante, las plantas se inocularon con *P. cinnamomi* (3 clamidosporas/ml sustrato). Se establecieron dos controles sin silicato cálcico: plantas inoculadas (control+) y no inoculadas (control-). Se evaluaron los síntomas de enfermedad, el crecimiento de las plantas y el contenido de clorofila. A los 21 días de la inoculación se analizaron las raíces en NARPH, se determinó el peso húmedo y seco de la parte aérea y radicular de las plantas y se cuantificó *P. cinnamomi* en el sustrato mediante análisis in medio NARPH.

El tratamiento con silicato cálcico redujo la mortalidad (20%) y la severidad de la enfermedad (17±30% AUDPCr) en comparación con el control+ (73% mortalidad y 62±39% AUDPCr) y disminuyó el número de propágulos de *P. cinnamomi* y la proporción de raíces infectadas respecto al control+. También se observaron incrementos en la altura, diámetro del tallo, peso seco y contenido en clorofila de las plantas, aunque sin alcanzar los valores del control. El silicato cálcico puede contribuir a reducir la severidad de la enfermedad de la tinta del castaño, aunque no de una



manera drástica, por lo que su aplicación al suelo puede ser recomendada dentro de un programa de manejo integrado de la enfermedad.

Financiado por: Financiado por el PRI de la Junta de Extremadura y fondos FEDER (IB20136)

P.109. Identification and production of nematicidal metabolites from the endophyte Aa22 (*Stemphylium solani*)

Jorge Rojas Lopez. Menchero¹, Maria Fe Andres Yeves¹, Carmen Elisa Diaz Hernandez², Azucena Gonzalez Coloma¹

1 Instituto De Ciencias Agrarias, Csic. Serrano 115-Dpdo, 28006 Madrid

2 Instituto De Productos Naturales Y Agrobiologia, Csic. Avda F. Sanchez, 3. 38206 La Laguna

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: Endophyte, *Stemphylium solani*, nematicidal, fermentation, optimization

Resumen:

Root-knot nematodes (*Meloidogyne* sp.) are major threats to agriculture worldwide. In recent decades, environmental and human health concerns have steadily reduced the availability of efficient commercial nematicides. Therefore, it is necessary to develop environmentally friendly substances for effective control of nematodes. Endophytic fungi reside within healthy plant tissues without causing any detectable disease symptoms in the host. These 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. In this study, the nematicidal potential of an isolate (Aa22) of the endophytic fungus *Stemphylium solani* obtained from the medicinal plant *Artemisia absinthium* showed nematicidal activity and therefore we identified the active compound. Additionally, the optimization of fermentation conditions has been carried out for the production of nematicidal extract by this endophytic fungus (Aa22).

Financiado por: PID2019-106222RB-C31, MINECO/FEDER,

P.110. La diversidad genética del hospedador no impide epidemias severas de patógenos generalistas.

Bàrbara M. Quetglas¹, Marina Montesinos¹, Ana Pedrosa², Francesc Adrover², Diego Olmo², Juan de Dios García³, Andreu Juan³, Àlex Giménez-Romero⁴, Manuel A. Matías⁴, Eduardo Moralejo¹

1 TRAGSA, Empresa de Transformación Agraria, Delegación de Baleares, Palma de Mallorca

2 Institut de Recerca i Formació Agroalimentària i Pesquera de les Illes Balears (IRFAP). Palma de Mallorca



3 Servicio de Agricultura, Conselleria d Agricultura, Pesca i Medi Natural. Palma de Mallorca

4 Instituto de Física Interdisciplinar y Sistemas Complejos IFISC (UIB-CSIC), Palma de Mallorca

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: patosistemas, diversidad genética, resistencia

Resumen:

La diversidad genética en las poblaciones huésped disminuye el riesgo de propagación de enfermedades emergentes, pero esta predicción central de la ecología evolutiva sigue sin ponerse a prueba en cultivos perennes. Existen numerosos estudios a diferentes escalas que indican que las mezclas de variedades de cultivos herbáceos están menos expuestas a epidemias severas que los monocultivos. Sin embargo, recientes revisiones sobre el tema sugieren que la evolución de la virulencia difiere entre los distintos tipos de patógeno (virus, bacteria, hongos, etc.) y está modulada por el nicho ecológico que ocupan los patógenos en sus ecosistemas de origen, así como a las formas vitales del huésped. Por este motivo se debe ser cauteloso al hacer extrapolaciones sobre la posible evolución de diferentes patosistemas. Para entender mejor el efecto de la diversidad genética en la evolución de epidemias vegetales en cultivos perennes, hemos analizado un experimento evolutivo a gran escala desarrollado durante 30 años. Aprovechamos la introducción accidental del patógeno *Xylella fastidiosa* (Xf) en la isla de Mallorca alrededor de 1993 para estimar la prevalencia de la infección entre las variedades de almendro en bancos de germoplasma. Encontramos que un total de 88 de las 121 variedades de almendro locales y foráneas, naturalmente expuestas a la transmisión de la bacteria por el insecto vector *Philaenus spumarius*, estaban infectadas y mostraban síntomas de “almond leaf scorch” (ALSD) en las colecciones de almendro repartidos en cinco municipios de la isla. En base a esta información y datos dispersos sobre la distribución y frecuencia de variedades de almendros cultivados, desarrollamos un modelo espacial calibrado a partir de la curva de progresión de la epidemia del ALSD entre 1993 y 2023. En simulaciones del modelo con diferentes escenarios aleatorios (combinaciones de variedades y proporciones susceptibles/tolerantes), se observa que el crecimiento epidémico disminuye progresivamente hasta llegar a un umbral donde una mayor diversidad genética no lleva ligado un menor riesgo. Esta información se puede utilizar para dar pautas generales y planificar a nivel regional qué variedades de almendros se pueden utilizar para mitigar la presión del ALSD en Mallorca.

Financiado por: BeXyl (Grant ID 101060593, EU-Horizon Europe)

P.111. Uso de cultivos de cobertura para el control de *Meloidogyne* en cultivos hortícolas.

Aida Fullana¹, Ariadna Giné¹, Alejandro Expósito¹, Manuel Galaviz¹, Francisco Javier Sorribas¹

¹ Departamento de Ingeniería Agroalimentaria y Biotecnología, Universidad Politécnica de Catalunya. Castelldefels



Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: Agricultura sostenible, biofumigante, brasicáceas, nematodo agallador

Resumen:

Se realizaron una serie de ensayos para determinar i) la idoneidad de *Brassica carinata*, *B. juncea* y *Sinapis alba* a *Meloidogyne* spp. en ensayos en sobres de germinación a 25 oC durante 5 semanas; ii) el tiempo necesario para que las plantas alcanzasen el 75% de floración, cuando la concentración de glucosinolatos es máxima, cuando se siembra en primavera y verano tardío en cultivo en invernadero; iii) la capacidad del nematodo para reproducirse en ellas desde la siembra en primavera en invernadero hasta alcanzar el 75% de floración; iv) la capacidad biofumigante en relación a las dosis de biomasa vegetal (0-120 g/kg de suelo) troceada, mezclada con suelo infestado con el nematodo e incubada en contenedores, a capacidad de campo, a 25 oC en cámara climática durante 1 mes; y v) el efecto del cultivo e incorporación de algunas de las especies sobre *Meloidogyne* en explotaciones comerciales en las que se cultivaron *B. juncea* (Viladecans (V) y Cambrils (C)) y *S. alba* (Sant Boi (SB), Cambrils (C) y Menorca (M)).

Los resultados de los estudios han mostrado i) la capacidad del nematodo para infectar y reproducirse en las especies ensayadas; ii) en la siembra de primavera, *B. juncea* y *S. alba* tardaron 45 días para alcanzar el 75% de floración, mientras que *B. carinata* tardó 63 días. Sin embargo, cuando se sembraron en septiembre, al cabo de 90 días tan solo el 2% de las plantas de *B. juncea* y *S. alba* llegaron a floración y ninguna de *B. carinata*; iii) el nematodo infectó y se reprodujo en *B. juncea* y *S. alba* cuando llegó al 75% de floración transcurridos 47 días después de la siembra en suelo infestado en primavera, y al cabo de 63 días en *B. carinata*; iv) el ensayo para determinar el potencial biofumigante mostró que dosis de biomasa de entre 12 y 120 g/kg de suelo afectaba la viabilidad del nematodo; v) Después de la incubación del cultivo de cobertura y el subsiguiente cultivo de tomate en contenedores, no se observaron diferencias en la reproducción del nematodo entre el control i la incubación de *B. juncea* que no llegó a florecer. Sin embargo, en la parcela C, donde el cultivo sí floreció, se observó un efecto de control cuando el material se incorporó al suelo, pero no cuando se dejó en la superficie. En cuanto a las parcelas plantadas con *S. alba*, ambas alcanzaron el estado de floración. En la parcela SB se observó un control efectivo sobre el nematodo, mientras que en la parcela M, la reproducción del nematodo fue similar al control.

Financiado por: Proyecto PID2021-129001OB-I00 de investigación financiado por MICIU/AEI/10.13039/501100011033/ y por FEDER Una manera de hacer Europa.

P.112. Reactivación metabólica de las conidias latentes del agente de biocontrol *Penicillium rubens* cepa 212

Belén Guijarro Díaz-Otero¹, Yolanda Herranz Fernández¹, Inmaculada Larena Nistal¹

¹ Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria-CSIC, Madrid

Tipo Comunicación: PÓSTER



Palabras Clave: PO212, Biocontrol, activación metabólica, germinación, conidias secas

Resumen:

En la naturaleza los hongos sobreviven largos períodos de tiempo sin humedad, como conidias. La dormición de la conidia es un factor exógeno, no constitutivo, por ello la forma idónea de conservar las conidias manteniendo su viabilidad es parar su germinación reduciendo al máximo su metabolismo. El contenido mínimo final de humedad tras el proceso y el almacenamiento es esencial para la viabilidad, la rehidratación y, finalmente, la eficacia en el control. Las conidiosporas germinadas en condiciones adecuadas de temperatura, pH y humedad, darán lugar a hifas que se convertirán en abundantes micelios para conseguir el establecimiento del hongo en la rizosfera. La cepa PO212 de *Penicillium rubens* es un eficaz agente de control biológico (ACB) frente a enfermedades de hongos de suelo en cultivos hortícolas. Las conidias vivas de este ACB son las formas activas, producidas mediante un proceso de fermentación sólida. Las conidias así obtenidas son deshidratadas mediante lecho fluido, consiguiendo viabilidades superiores al 90%. Estas conidias son capaces de colonizar la superficie radicular de las plantas de tomate y el suelo alrededor de ella.

El objetivo de este trabajo es identificar genes implicados en la germinación de las conidias deshidratadas de PO212 para determinar cuándo se produce su máxima expresión durante el proceso de rehidratación y germinación de la conidia y con ello identificar los parámetros medioambientales que mejoran la activación metabólica de PO212, como carbono y nitrógeno, relación C:N y el pH. Finalmente, se estudiará la relación con la colonización de la superficie radicular y la rizosfera dos meses después de la aplicación de las conidias de PO212 en plantas de tomate.

En este trabajo hemos demostrado que la activación de la germinación depende de la cepa y que diversos estímulos externos están asociados a su producción. Ello nos ha permitido seleccionar aquellas condiciones idóneas para la activación metabólica de PO212 de forma que se mejore su colonización y actuación una vez aplicación.

Financiado por: Esta investigación ha sido financiada por el proyecto PID2021-123594OR-C21 del MCIN y AEI (España) y cofinanciado con fondos FEDER de la UE (MCIN/AEI/10.13039/501100011033/FEDER, UE).

P.113. Control sostenible de la sarna del manzano a través de la gestión del inóculo

Noure Jihan Boualleg¹, Maria Victoria Salomon¹, Aramburu Borja¹, Pere Vilardell¹, Jordi Cabrefiga¹

¹ Programa de Protección Vegetal Sostenible, IRTA, La Tallada de Emporda

Tipo Comunicación: PÓSTER



Palabras Clave: Sarna del manzano, reducción de fitosanitarios, *Trichoderma*, aspiración, manejo del inóculo, *Venturia inaequalis*, control integrado

Resumen:

La sarna del manzano, causada por *Venturia inaequalis*, representa un desafío importante para el manejo del cultivo del manzano, requiriendo muchos tratamientos fitosanitarios para un control eficiente, representando más del 80% de los tratamientos fungicidas en fincas comerciales. El uso de modelos epidemiológicos ha incrementado la eficiencia de la estrategia fitosanitaria a la vez que se han reducido el número de tratamientos, pero aún así se requiere de una reducción mayor para conseguir un control sostenible de la enfermedad. Por este motivo, se han evaluado diferentes estrategias de control basadas en prácticas de manejo del inóculo primario consistente en el tratamiento o la eliminación de las hojas a través de diferentes estrategias. Durante tres años de ensayos en fincas comerciales, se evaluó la eficacia de estos métodos para mitigar la gravedad y la incidencia de la sarna del manzano. Los resultados indican que tanto la aspiración de hojas como la incorporación de las hojas en el suelo, mostraron una notable efectividad, logrando reducciones en la gravedad y la incidencia de la sarna del manzano tanto en frutos como en hojas. Por otro lado, la aplicación de *Trichoderma* mostró resultados prometedores, aunque en este caso se debe mejorar el posicionamiento de los tratamientos para obtener resultados significativos. Estos hallazgos subrayan el potencial de integrar técnicas respetuosas con el medio ambiente al uso de fungicidas convencionales para reducir la prevalencia de la sarna del manzano y minimizar la dependencia de tratamientos fitosanitarios. En conclusión, los resultados obtenidos en este estudio ofrecen un enfoque holístico que incorpora medidas culturales, biológicas y químicas, buscando estrategias de manejo de integrado más respetuosas con el medio ambiente, incorporando prácticas más sostenibles en el cultivo de manzanas.

Financiado por: Proyecto 56 21 014 2021 P4 financiado a través de la Operación 16.01.01 (Cooperación para la innovación) a través del Programa de desarrollo rural de Catalunya 2014-2022.

P.114. Control de la podredumbre ácida de la manzana causada por *Colletotrichum chrysophilum*

Jordi Cabrefiga¹, Maria Victoria Salomon¹, Borja Aramburu¹, Pere Vilardell¹

¹ Programa de Protección Vegetal Sostenible, IRTA, La Tallada de Emporda, 17134

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: Glomerella, podredumbre ácida, *Colletotrichum*, Glomerella Leaf Spot, modelo de riesgo, fungicidas

Resumen:

Colletotrichum chrysophilum, causante de la Glomerella Leaf Spot (GLS) y de la podredumbre ácida del manzano, se ha convertido en los últimos años en una amenaza real por la producción



de manzana en algunas zonas europeas, especialmente de las variedades tardías, desde Golden hasta Pink Lady. En España, se describió por primera vez en la provincia de Girona, en la zona noreste de la Península. Esta enfermedad causa manchas necróticas en las hojas, que acaban produciendo una defoliación prematura, así como pequeñas heridas de 2-3 mm de diámetro, poco profundas, y que pueden evolucionar produciendo podredumbres importantes del fruto tanto en pre-cosecha como en post-cosecha. Aunque es una enfermedad que está bastante extendida en distintas regiones productoras de manzana, como Brasil, EEUU o Uruguay, en Europa es una enfermedad emergente y esto hace que hay mucho desconocimiento de su desarrollo en nuestras condiciones. Esto condiciona la estrategia de control y por tanto hace necesario profundizar en su epidemiología para mejorar su gestión, así como en estrategias de control para ir definiendo y mejorando la estrategia fitosanitaria. En el presente trabajo se presentan los resultados correspondientes a ensayos que se centraron en validar e implementar un modelo de predicción de riesgo en la zona de Girona. También se realizaron ensayos de eficacia de diferentes productos en condiciones controladas evaluados en diferentes estrategias preventivas y curativas. Finalmente se realizaron ensayos de ventana para identificar los momentos de control críticos con el fin de optimizar. Estos resultados se están transfiriendo directamente al sector, ofreciendo herramientas para mejorar el control de esta enfermedad en condiciones comerciales.

Financiado por: Departamento de acción climática alimentación y agenda rural, y programas operativos de las organizaciones de productores del sector de frutas y hortalizas.

P.115. Aislamiento y selección de bacterias frente a patógenos fúngicos del cultivo de fresa

Maria Camacho¹, María del Carmen Montero-Calasanz¹, Berta de los Santos¹.

¹ Centro IFAPA Las Torres, Alcala del Rio

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: *Macrophomina phaseolina*, *Fusarium solani*, *Fusarium Oxysporum*, *Neopestalotiopsis rosae*, control biológico

Resumen:

El cultivo de fresa (*Fragaria × ananassa*) es de gran importancia económica a nivel mundial debido a su alta demanda y valor nutritivo. Sin embargo, la producción de fresas se ve amenazada por diversas enfermedades causadas por hongos patógenos, que pueden reducir significativamente el rendimiento y la calidad del fruto. Para combatir estos patógenos, se han utilizado tradicionalmente fungicidas químicos, pero su uso excesivo ha generado preocupaciones sobre la resistencia de los patógenos, los impactos ambientales negativos y los riesgos para la salud humana. En este contexto, el uso de bacterias como agentes de control biológico ofrece una alternativa sostenible y efectiva.



Las bacterias pueden inhibir el crecimiento de los hongos patógenos mediante varios mecanismos, que incluyen la producción de antibióticos, enzimas que degradan la pared celular fúngica y la competencia por nutrientes y espacio. Estos mecanismos son más específicos y menos propensos a inducir resistencia comparado con los fungicidas químicos. Además, las bacterias no dejan residuos tóxicos, mejoran la salud del suelo y son seguras para los consumidores y los trabajadores agrícolas.

Para implementar el control biológico con bacterias, es crucial seleccionar cepas altamente eficaces y, a ser posible, aisladas en el entorno y en el cultivo en el que van a ser usadas. En este sentido, nuestro grupo de trabajo dispone de una colección de bacterias aisladas de la rizosfera de plantas de fresa que han sido seleccionadas por inhibir el crecimiento *in vitro* del hongo patógeno *Macrophomina phaseolina* (MAC) y han sido caracterizadas en base a sus actividades enzimáticas de biocontrol. El objetivo del presente trabajo ha sido el aislamiento de nuevas bacterias, a partir de placas de aislamientos de MAC realizados en plantas de fresa afectadas, y determinar tanto su efectividad como el de los aislamientos previos, en el control de otros 3 patógenos de relevancia en el cultivo de fresa: *Fusarium solani*, *Fusarium Oxysporum* y *Neopestalotiopsis rosae* (NER). Además, se han determinado sus actividades enzimáticas de biocontrol (celulasa, proteasa, amilasa, quitinasa y -glucanasa), así como la producción de ácido cianhídrico. Por último, se ha secuenciado el ARN16S para identificar el género/especie a la que pertenecen. Los resultados muestran varios aislamientos capaces de inhibir por completo el crecimiento *in vitro* de los 4 hongos ensayados, perteneciendo la mayoría de ellos al género *Bacillus*.

Financiado por: Este trabajo ha sido financiado por el proyecto PP.AVA2023.005, financiado al 80% con fondos FEDER

P.116. Evaluación preliminar de extractos de piel de granada para el control de la podredumbre por *Rhizopus* en poscosecha de fruta de hueso

Verónica Taberner¹, María Bernardita Pérez-Gago¹, Lluís Palou¹

1 Centro de Tecnología Poscosecha. Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias. Moncada, Valencia

Código: 313

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: enfermedades post-recolección, extractos naturales, *Rhizopus stolonifer*, *Punica granatum*, control alternativo, antifúngicos, nectarina, ciruela

Resumen:

La podredumbre causada por *Rhizopus stolonifer* es una de las enfermedades más importantes en poscosecha de fruta de hueso, pudiendo generar importantes pérdidas económicas. A los 2- 3 días de comenzar la infección, que se inicia normalmente en heridas de la piel, el fruto se descompone,



y desprende exudados con enzimas que ayudan a infectar los frutos adyacentes, causando un efecto nido característico de *Rhizopus* spp. Para el control de podridos en fruta de hueso actualmente se emplean fungicidas químicos de síntesis, como el fludioxonil o el pirimetanil. Sin embargo, debido al perjuicio que el acúmulo de este tipo de sustancias puede causar sobre la salud humana y el medio ambiente, se requieren estrategias de control alternativas no contaminantes, como la aplicación de extractos vegetales naturales. Numerosos estudios han reportado la actividad antifúngica de los extractos de la piel de granada (*Punica granatum* L.), atribuidos principalmente a su elevado contenido en polifenoles. El consumo de este fruto se ha incrementado notoriamente en los últimos años, generando en la industria de su procesado gran cantidad de pieles como subproductos. En ensayos previos realizados por nuestro grupo se comprobó la capacidad de dos extractos de piel de granada (EPG metanólico y EPG acuoso) para controlar las podredumbres marrón y amarga causadas por los hongos *Monilinia fructicola* y *Geotrichum candidum* en nectarinas. El objetivo de este trabajo fue la evaluación preliminar de dichos extractos para el control de la podredumbre acuosa causada por *R. stolonifer* en nectarinas “Big Bang” y “Carmina” y en ciruelas “Angeleno” inoculadas artificialmente con dicho patógeno 2 h antes (actividad curativa) e incubadas a 20 °C. La aplicación de EPG metanólico (30 g L⁻¹) redujo la incidencia de podrido en un 58, 28 y 63% y el índice de severidad de podredumbre por *Rhizopus* (ISPR) en un 82 y 56 y 57% respecto al tratamiento control (agua) en los cultivares “Big Bang” “Carmina” y “Angeleno”, respectivamente, tras 7 días de incubación a 20°C. El EPG acuoso (30 g L⁻¹) mostró una efectividad algo menor que el extracto metanólico contra *R. stolonifer*, reduciendo en los citados cultivares la incidencia de la enfermedad en un 21, 31 y 24 % y el ISPR en un 61, 53 y 24%, respectivamente, tras 7 días a 20 °C . La aplicación poscosecha de extractos de piel de granada podría ser una estrategia prometedora no contaminante para el control de podridos en fruta de hueso. Además, la utilización de este subproducto en la industria alimentaria contribuiría al mantenimiento de un modelo sostenible de la economía circular.

Financiado por: Trabajo financiado por el IVIA (proyecto 52201) y por la Unión Europea a través del programa FEDER.

P.117. Actividad antagonista de bacterias medioambientales: potencial estrategia sostenible de biocontrol frente a *Xanthomonas vesicatoria*

Belén Álvarez^{1,2}, Isabel Salas¹, Thais Castellón¹, Lidia Jorcano¹, Elena G. Biosca¹

1 Departamento de Microbiología y Ecología, Universitat de València, Av. Dr. Moliner 50, Valencia.

2 Área de Investigación Aplicada y Extensión Agraria, IMIDRA, A2 Km 38,200, Madrid.

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: mancha bacteriana, bacteria fitopatógena, prevención, control biológico, tomate, pimiento, gestión integrada.

Resumen:

Los métodos de control biológico constituyen una alternativa al control químico en los agroecosistemas para prevenir y/o contrarrestar el daño causado por plagas y enfermedades. Uno



de ellos es el uso de microorganismos con actividad antagonista frente a uno o varios patógenos. En este trabajo se evaluó el potencial de biocontrol por antagonismo de una colección de aislados bacterianos medioambientales frente a una bacteria fitopatógena de solanáceas, *Xanthomonas vesicatoria*, causante de la mancha bacteriana del tomate y pimiento. El control de esta enfermedad se ve normalmente limitado por la falta de huéspedes resistentes y por la amenaza que supone para el medio ambiente y la salud global la aplicación continuada de agentes químicos.

Inicialmente se realizó un aislamiento de bacterias procedentes de distintas muestras ambientales de zonas libres de la enfermedad, con las que se llevaron a cabo ensayos para la determinación de su capacidad antagonista *in vitro* frente a una cepa de referencia de *X. vesicatoria*. Los aislados que presentaron mayor actividad antagonista se seleccionaron para la realización de ensayos *ex vivo* para la determinación de esta actividad en material vegetal frente a la cepa de referencia, en los que se utilizaron hojas de plantas de tomate de una variedad sensible a la mancha bacteriana. Los aislados con mayor actividad se caracterizaron adicionalmente en base a su capacidad de producción de enzimas hidrolíticas, como proteasas, lipasas, amilasas y ADNasas, y su capacidad de fijación de nitrógeno. Los mejores candidatos se identificaron por amplificación y secuenciación parcial del gen ribosómico 16S. Globalmente, los resultados revelaron la presencia de aislados bacterianos que pudieron inhibir el crecimiento de *X. vesicatoria in vitro*, y que pudieron reducir la gravedad de los síntomas de la mancha bacteriana *ex vivo*, además de producir diferentes hidrolasas ligadas al control biológico y al aprovechamiento biotecnológico y fijar nitrógeno molecular. Las perspectivas de mejora de las estrategias de control biológico frente a la mancha bacteriana del tomate y pimiento por *X. vesicatoria* son prometedoras, propiciando de este modo una producción agrícola sostenible que favorezca el equilibrio del ecosistema.

Financiado por: Este resultado es parte del proyecto de I+D+i PID2021-123600OR-C44, financiado por MICIU/AEI/10.13039/501100011033/ y por FEDER Una manera de hacer Europa, FEDER/UE.

P.118. Repurposing natural products from *Artemisia pedemontana* and *Artemisia gorgonum* for parasitic weed management.

Monica Fernandez-Aparicio¹, María Fe Andrés², Antonio Cala Peralta³, Carmen Elisa Díaz Hernández⁴, Paula Sainz², Nuria Chinchilla³, Alejandro Santana³, José M. González Molinillo³, Rosa M. Varela³, Azucena González Coloma²

¹ Instituto de Agricultura Sostenible, IAS-CSIC. Córdoba, Spain

² Instituto de Ciencias Agrarias, ICA,CSIC. Madrid, Spain

³ Facultad de Ciencias, Instituto de Biomoléculas (INBIO), University of Cádiz. Puerto Real, Spain.

⁴ Instituto de Productos Naturales y Agrobiología, IPNA, CSIC. Tenerife, Spain

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: Sesquiterpene lactones, Orobanche, Phelipanche, Cuscuta, natural products, allelopathy, achillin, 8-hydroxyachillin, seco-guaianolides



Resumen:

Weeds have the largest economic impact in agriculture. Among weeds, the parasitic weeds known as broomrapes (*Orobanche* and *Phelipanche* spp.) and dodders (*Cuscuta* spp.) infect the host crop using a haustorium, resulting in severe yield reduction. Nature is a generous source of functional compounds but only a small fraction of plant metabolites has been screened for herbicidal activity. Responding to pollution concerns and health value of agricultural products, our work focuses on the identification of novel sources of natural compounds or the repurposing of known compounds for parasitic weed control. The genus *Artemisia* (Asteraceae) comprises vascular plants of ethnopharmacological interest due to their aromatic and medicinal characteristics. The present work focuses on the study of the phytotoxic activity of sesquiterpene lactones from the species *Artemisia pedemontana*, endemic to the Iberian Peninsula, and from *Artemisia gorgonum*, endemic to Cape Verde. Phytotoxic activity bioassays revealed the bioactivity of the ethanolic extract of *A. pedemontana* on *Lolium perenne*. A bioactivity-guided study of the phytotoxic *A. pedemontana* extract, revealed a richness of sesquiterpene lactones in two chromatographic fractions, which allowed the isolation of four natural molecules. Three of those molecules possessed high phytotoxic activity against *L. perenne*: achillin with the greatest activity (1), followed by 8-hydroxyachillin (2) and an epoxide (3). The fourth compound 5-hydroxyachillin isolated from these fractions did not show phytotoxic activity. A different approach was followed to obtain the phytotoxic sesquiterpene lactones of *A. gorgonum*. A hemisynthesis strategy was used on the natural product -santonin, to obtain four natural products of *A. gorgonum* (4-7) with high phytotoxicity, especially in the case of the seco-guaianolides (6 and 7). This communication summarizes the results of the bioassays we have performed on five noxious parasitic weed species using these sesquiterpene lactones structurally related to each other, to obtain information on structure-activity relationships, offering insights into the development of new potential herbicides.

Financiado por: MINECO/FEDER (PID2020-114668RB-I00 and PID2019-106222RB-C31), University of Cádiz (“Investigadores Noveles, Proyectos para impulsar su Carrera Científica”, Ref. PR2022-043) and Junta de Andalucía (ID: QUAL21 023 IAS),

Observaciones: Los números 1-7 contenidos entre paréntesis hace referencia a las estructuras químicas de las moléculas descritas en el resumen (figura que enviaré por correo electrónico a la dirección de contacto de la SEF).

P.119. Incorporación de eugenol en recubrimientos a base de proteína de suero lácteo y proteína de soja para el control de las podredumbres azul y amarga en mandarina

Laura Settler Ramírez¹, Paloma Quintanilla², Verónica Taberner¹, Lluís Palou¹, María Bernardita Pérez Gago¹

¹ Centro de Tecnología Poscosecha, Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias, 46113 Moncada, Valencia



2 Vicerectorado de Investigación, Universidad Politécnica de Valencia, 46022 Valencia

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: *Penicillium italicum*, *Geotrichum citri-aurantii*, recubrimientos comestibles, proteína de soja, proteína de suero lácteo, mandarina

Resumen:

Las podredumbres azul, causada por *Penicillium italicum*, y ácida o amarga, causada por *Geotrichum citri-aurantii*, pueden generar importantes pérdidas económicas en poscosecha de cítricos. Su control convencional mediante la aplicación repetida de fungicidas químicos de síntesis conlleva problemas sanitarios y medioambientales. Por lo tanto, el objetivo de este trabajo fue la búsqueda de alternativas naturales y no contaminantes para el control de estas enfermedades de poscosecha en mandarinas. Para ello, se estudió la actividad antifúngica in vitro de los aceites esenciales de citronela (lemongrass, LG) y canela (CN), el geraniol (GE), el eugenol (EU) y el extracto de ajedrea (Satureja montana, SM) a diferentes concentraciones contra *P. italicum* y *G. citriaurantii*. De todos ellos, el EU fue el que mayor actividad antifúngica mostró in vitro a una menor concentración para ambos hongos, por lo que se seleccionó como ingrediente activo antifúngico de recubrimientos comestibles (RCs) formulados con proteína del suero lácteo (WPI) y con proteína de soja (SP). Estas proteínas se mezclaron con diferentes cantidades de glicerol, ácido oleico y cera carnauba para obtener diferentes RCs compuestos a los que se añadió un 2% de EU. Los RCs se aplicaron en ensayos in vivo con mandarinas “Tango” inoculadas 24 h antes con *P. italicum* y *G. citri aurantii*. La incidencia de la enfermedad (%) y la severidad (diámetro de la lesión, mm) se midieron durante 14-20 días de incubación a 20 °C. El RC de SP fue el más eficaz, con reducciones de la incidencia de la podredumbre azul del 40% tras 5 días de almacenamiento a 20 °C, mientras que el RC de WPI redujo la incidencia en un 20-30% respecto al control sin recubrir. Además, el RC de SP también redujo la incidencia de la podredumbre ácida en un 35% tras 12 días de incubación a 20 °C. Estos resultados pueden contribuir al desarrollo de nuevos RCs comerciales antifúngicos seguros para el control integrado de las principales enfermedades de poscosecha de cítricos.

Financiado por: Proyecto StopMedWaste (Programa PRIMA-2019 de la UE; AEI, PCI2020-112095) y Proyecto IVIA N° 52201, cofinanciado por el IVIA y el programa FEDER de la Generalitat Valenciana 2021-2027. La Dra. L. Settier-Ramírez recibió apoyo del programa postdoctoral Juan de la Cierva (FJC2021-047537-I). La Dra. P. Quintanilla fue apoyada por el programa postdoctoral Margarita Salas - UPV.



Área: Interacción Planta-Patógeno/Microbioma Vegetal

P.120. Comparative analysis of RNAi and innate immunity induced by dsRNA in response to Potato virus X

Khouloud Necira², **Lorenzo Contreras**¹, **Efstratios Kamargiakakis**¹, **Mohamed Selim Kamoun**¹, **Tomás Canto**¹, **Francisco Tenllado**¹

¹ Margarita Salas Center for Biological Research, Ramiro de Maeztu 9, 28040, Madrid

² University of Tunis El Manar, Manar II, Tunis

³ Institut Pasteur de Tunis, Tunis

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: RNA interference; pattern-triggered immunity; antiviral defense; Potato virus X; transcriptomic response to PTI; transcriptomic response to RNAi

Resumen:

Plant antiviral responses induced by double-stranded RNA (dsRNA) include RNA interference (RNAi) and pattern-triggered immunity (PTI), but their relative contributions to antiviral defense are not well understood. We aimed at testing the impact of exogenous applied dsRNA on both layers of defense against *Potato virus X* expressing GFP (PVX-GFP) in *Nicotiana benthamiana*. Co-inoculation of PVX-GFP with either sequence-specific (RNAi) or nonspecific dsRNA (PTI) showed that nonspecific dsRNA reduced virus accumulation in both inoculated and systemic leaves. However, nonspecific dsRNA was a poor inducer of antiviral immunity compared to a sequence-specific dsRNA capable to trigger the RNAi response, and plants became susceptible to systemic infection. Studies with a PVX mutant unable to move cell-to-cell indicated that the interference with PVX-GFP triggered by nonspecific dsRNA operated at the single-cell level. Next, we performed RNAseq analysis to examine similarities and differences in the transcriptome triggered by dsRNA alone or in combination with viruses harboring sequences targeted or not by dsRNA. Enrichment analysis showed an over-representation of plant-pathogen signaling pathways, such as calcium, ethylene and MAPK signaling, which are typical of antimicrobial PTI. Moreover, the transcriptomic response to the virus targeted by dsRNA had a greater impact on defense than the non-targeted virus, highlighting qualitative differences between sequence-specific RNAi and nonspecific PTI immune responses. Together, these results further our understanding of plant antiviral defense, particularly the contribution of nonspecific dsRNA-mediated PTI. We envisage that both sequence-specific RNAi and nonspecific PTI pathways may be triggered via topical application of dsRNA, contributing cumulatively to plant protection against viruses.

Financiado por: The research was funded by grants PID2019-109304RB-I00 and PID2022-137691OB-I00 from the Spanish Ministry of Science and Innovation (MCIN/AEI/10.13039/501100011033), and by ERDF A way of making Europe.



P.121. Engineering VIGS vectors by modifying movement proteins of the 30K family.

David Villar Álvarez¹, Jose Antonio Navarro Bohigues¹, Vicente Pallás Benet¹, Jesús Ángel Sánchez Navarro¹

¹ Instituto de Biología Molecular y Celular de Plantas UPV-CSIC

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: 30K, MP, VIGS, silencing, AMV, TMV, CMV, encapsidation, PDS, mRNA

Resumen:

Virus-induced gene silencing (VIGS) represents a particularly relevant approach in agricultural species for studying gene functionality. This study presents a novel approach for utilizing viruses belonging to the 30K family of movement proteins (MP) as VIGS vectors. The method presented here employs smaller inserts (54 bp or less) than those commonly used (100-500 bp). The developed strategy involves modifying 30K family MP to introduce heterologous sequences of the gene of interest into their coding sequence. This approach enabled the successful induction of gene silencing in *Nicotiana tabacum* and *Nicotiana benthamiana*. Three representative viruses of the 30K family, alfalfa mosaic virus (AMV), cucumber mosaic virus (CMV), and tobacco mosaic virus (TMV) were employed. The capacity to induce gene silencing of small inserts (18-54 bp) was investigated, enabling a correlation between insert size and silencing efficacy to be established. This allowed the system to be calibrated to achieve partial silencing levels. The relationship between viral encapsidation and the level of gene silencing was also investigated, revealing that a high efficiency of viral encapsidation results in a reduction in the level of gene silencing achieved. Considering these findings, it can be concluded that the approach carried out with AMV, CMV and TMV could be applied to other members of the 30K family. The 30K family comprises 20 viral genera and over 500 viral species, which can infect all agronomically significant plant species. Consequently, the strategy presented in this work could be applied to a wide range of relevant hosts.

Financiado por: Ministerio de Ciencia e Innovación PID2020-115571RB-100

P.122. La desmetilasa de RNA ALKBH9B: propiedades bioquímicas e interacción con el AMV.

Victor Gonzalez-Silva¹, Frederic Aparicio Herrero¹, Vicente Pallás Benet¹

¹ Instituto de Biología Molecular y Celular de Plantas IBMCP UPV-CSIC

Tipo Comunicación: PÓSTER



Palabras Clave: N6-metiladenosina (m6A); metilación RNA, interacción planta-virus, proteínas de unión a RNA, alfamovirus, epitranscriptómica, virus de plantas.

Resumen:

La metilación del nitrógeno en posición 6 de la adenosina (m6A) es una modificación del ARN regulada dinámicamente que afecta a procesos fundamentales en la biología del ARN. Esta modificación es una de las modificaciones epigenéticas más abundantes en los mRNA de eucariotas, en diversos tipos de RNA y en los genomas de algunos virus. Es llevada a cabo por tres grupos de proteínas: proteínas con actividad N6-adenosina-metiltransferasa o “escritoras”; proteínas con actividad desmetilasa o “borradoras”; y proteínas que reconocen la modificación m6A y regulan la estabilidad y traducción de los mRNA o “lectoras”.

La proteína desmetilasa de *Arabidopsis thaliana* ALKBH9B es la única desmetilasa m6A con una localización exclusiva en el citoplasma. Aquí, la proteína se acumula en gránulos que colocalizan con las proteínas SGS3 y DCP1, relacionadas con silenciamiento génico postranscripcional y la degradación de mRNA, respectivamente. Por otro lado, hemos demostrado que la actividad m6A desmetilasa de ALKBH9B modula el proceso de infección del virus del mosaico de la alfalfa (AMV), probablemente a través de su interacción con su proteína de cubierta (CP) (Martínez-Pérez y col. 2017, PNAS 114:10755-10760), aunque desconocemos como la localización subcelular de ALKBH9B está relacionada con la infección viral.

ALKBH9B contiene largas regiones intrínsecamente desordenadas (IDR) que pueden mediar la separación de fases y la interacción con otras proteínas y ARN, pero cuyas funciones bioquímicas precisas siguen siendo en gran medida desconocidas. En un trabajo previo (Alvarado-Marchena y col. 2021, Front. Plant Sci. 12:701683), hemos identificado dominios funcionales en ALKBH9B relacionados con la capacidad de unión al ARN y con la interacción con CP del AMV. Mediante estudios de mutagénesis dirigida y de localización subcelular expresando transitoriamente la proteína, en el presente estudio hemos identificado un motivo del tipo RGXGRR, entre los aminoácidos 459 y 464, indispensable en la formación de los gránulos citoplasmáticos. Adicionalmente hemos identificado un motivo de exportación nuclear (NES) en la región N-terminal entre los residuos 22 y 33, que sería responsable de impedir la acumulación de la proteína en el núcleo celular haciendo que esta sea exclusivamente citoplásmica.

Actualmente estamos construyendo plantas de *Arabidopsis* que expresen de manera estable las diferentes versiones de ALKBH9B para analizar la implicación de estos dominios en el proceso infectivo del AMV. Estos resultados pueden arrojar luz sobre el proceso de infección de los virus e RNA y facilitar el desarrollo de nuevas estrategias de control.

Financiado por: Ayudas para contratos predoctorales para la formación de doctores en el marco del Plan Estatal de Investigación Científica, Técnica y de Innovación 2021-2023. Financiado por Ministerio de Ciencia e Innovación y cofinanciado por la Unión Europea.



P.123. Evaluación de la susceptibilidad de variedades de patata a *Fusarium sambucinum*

Enrique Ritter¹, Leire Barandalla¹, Amaia Ortiz¹, Izaskun Abaroa¹, Jose Ignacio Ruiz de Galarreta¹

¹ NEIKER-Instituto Vasco de Investigación y Desarrollo Agrario-BRTA

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: *Solanum tuberosum* L., resistencia, *Fusarium sambucinum*, pudrición seca

Resumen:

La pudrición seca causada por el hongo patógeno *Fusarium sambucinum* Fuckel (GIBBPU) es una de las enfermedades de postcosecha con mayor impacto económico en la patata (*Solanum tuberosum* L.) cultivada en zonas templadas. En este trabajo, se ha evaluado el nivel de sensibilidad de una colección de variedades de patata a la enfermedad causada por el aislado FsAr22 de *F. sambucinum* recolectado en Arkaute (Álava). Dicho aislado se obtuvo a partir de tubérculos con síntomas de la enfermedad y se mantuvo en cultivo monospórico en PDA, identificado tras análisis morfológico y genético. Para determinar la resistencia a la enfermedad, se inocularon artificialmente 3 tubérculos por variedad, realizando una herida 8 mm de diámetro en el ombligo y con un tubérculo adicional sin inocular como control. Posteriormente, se almacenaron durante 5 semanas en bandejas cerradas para favorecer una atmósfera húmeda, a una temperatura de 15-20°C en oscuridad. La gravedad de la enfermedad se determinó una vez finalizado este periodo, midiendo la anchura y profundidad de la herida. Se observaron diferentes grados de sensibilidad varietal, variando desde moderadamente susceptible hasta altamente susceptible, no encontrando genotipos totalmente resistentes, sin síntomas atribuidos a la enfermedad. A partir de estos resultados se han identificado genitores potenciales para futuros programas de mejora, así como para estudios de búsqueda de genes de resistencia mediante la realización de mapeos de asociación posteriores.

Financiado por: Funded by the European Union. Views and opinions expressed are however those of the author(s) only and do not necessarily reflect those of the European Union or the European Research Executive Agency (REA). Neither the European Union nor the granting authority can be held responsible for them.



P.124. Diferencias en el proceso temprano de infección de las especies de *Monilinia* spp. causantes de la podredumbre parda en nectarinas

Juan Diego Astacio¹, Silvia Rodriguez Pires³, Paloma Melgarejo Nardiz¹, Antonieta De Cal y Cortina¹, Eduardo Espeso⁴

1 Centro Nacional INIA-CSIC, 28040 Madrid

2 ETSIA, Universidad Politécnica de Madrid, 28040 Madrid

3 Facultad de Biología, Universidad Complutense de Madrid, 28040 Madrid

4 Centro Investigaciones Biológicas Margarita Salas, CSIC (CIB-CSIC), 28040 Madrid

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: *Monilinia fructicola*, *M. laxa*, *M. fructigena*, CWDEs, PFTs, NEP1-like, modelos AlphaFold

Resumen:

La podredumbre parda causada por *Monilinia fructicola*, *M. laxa* y *M. fructigena* es una de las enfermedades fúngicas más importantes en frutales de hueso en España, causando marchitez en yemas y brotes, chancros en ramas y podredumbre en frutos. Las pérdidas más importantes se dan en los frutos de postcosecha, pudiendo llegar hasta un 80% en años con condiciones climatológicas favorables para el desarrollo de la enfermedad, sobre todo en huertos de variedades tardías. Las especies de *Monilinia* son patógenos necrótrofos que matan a la célula vegetal, mediante enzimas o toxinas, para obtener los nutrientes que necesitan para desarrollarse.

En este trabajo se estudian los momentos iniciales de la infección de cada una de las especies de *Monilinia* bajo distintas condiciones de iluminación, y se comprueba cómo las condiciones de iluminación afectan tanto al patrón de expresión génica de un grupo seleccionado de Enzimas Degradadoras de la Pared Celular (CWDEs) y Toxinas Formadoras de Poros (PFTs) conocidas como proteínas NEP1-like, como a la aparición de los síntomas iniciales de la enfermedad en la fruta inoculada. Las tres especies poseen una batería de CWDEs muy similar, pero su comportamiento es diferente durante las primeras etapas de la infección, por lo parece que existen diferencias a nivel regulatorio, que también podrían explicar las diferencias en la preferencia de huésped en el caso de *M. fructigena*. La infección causada por *M. fructicola* se acelera con la luz roja, y los primeros síntomas aparecen mucho antes que en la oscuridad o en las otras dos especies. La sobreexpresión de genes que codifican para CAZymes como *pme3*, *pme2*, *pg1*, *cel1*, *pnl1* y *pnl2*, así como el factor de necrosis *nep2*, pueden estar asociados con el desarrollo de la enfermedad y el proceso de patogénesis de *Monilinia* spp. Además, descubrimos que *nep2* en *M. fructigena* carece de sitios de unión en su secuencia promotora para el complejo White-Collar (WCC), que es el principal factor de transcripción responsable de regular los procesos de fotorrecepción en hongos. Finalmente, encontramos que los modelos AlphaFold de las proteínas

NEP1-like presentes en las tres especies de *Monilinia* predicen proteínas con un grado muy alto de similitud

Financiado por: PID2020-115702RB-C21/AEI/10.13039/501100011033; y AGL2017-84389-C2-2-R (MINECO/AEI/FEDER, UE). J.D. Astacio tuvo un contrato predoctoral (PRE2018-



085721) del Ministerio de Ciencia y S. Rodríguez-Pires una ayuda postdoctoral “Margarita Salas” del Ministerio de Universidades y EU” NextGenerationEU

P.125. Diversidad funcional de las comunidades de biocontrol como herramienta para crear consorcios y mejorar su eficacia

Inmaculada Larena¹, Belen Guijarro¹, Maria Villarino¹, Paloma Melgarejo¹, Antonieta De Cal¹

¹ Centro Nacional Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria (INIA-CSIC), Ctra. de La Coruña Km. 7, 28040 Madrid

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: biocontrol, NOI, *Penicillium rubens*, *P. frequentans*, *Epicoccum nigrum*

Resumen:

Este estudio contribuye a mejorar las estrategias de biocontrol y, en particular, al desarrollo de formulaciones biológicas basadas en consorcios microbianos. La capacidad competitiva de una especie microbiana dentro de un consorcio está influida por varios factores, como las tasas de crecimiento y esporulación, el solapamiento de nichos y las interacciones con las condiciones ambientales.

Se aislaron nuevas cepas de *Penicillium rubens*, *P. frequentans* y *Epicoccum nigrum* de diversas zonas y épocas del año. Se evaluó el efecto in vitro de la temperatura y el pH sobre el crecimiento y la esporulación de cada antagonista potencial, su competencia por nutrientes y su eficacia de biocontrol y se compararon con los aislados de referencia: *P. rubens* (PO212), *P. frequentans* (Pf909) y *Epicoccum nigrum* (EPI282). Todos los aislados de *P. rubens* y *P. frequentans* mostraron mejores tasas de crecimiento y esporulación a 22°C que a 10°C a pH=5,5, mientras que sólo algunos aislados de *P. rubens* y *P. frequentans* mostraron mejores tasas de crecimiento y esporulación a pH=5,5 que a pH=8. Todos los aislados de *E. nigrum* mostraron mejores tasas de crecimiento y esporulación a 22°C que a 10°C a pH=8, y sólo algunos aislados superaron el crecimiento del aislado de referencia EPI282 a 10°C, y a pH 5,5 y pH 8. Diez aislados de *P. rubens* controlaron la marchitez vascular del tomate, pero sólo cinco de ellos mostraron un nivel significativamente superior en comparación con PO212. Por otra parte, de estos 10 aislados, sólo cuatro tenían un índice de solapamiento de nicho (NOI) < 0,9 con PO212 con al menos uno de los compuestos ensayados, lo que indicaba que ambos podían tener un nicho ecológico suficientemente diferente de PO212, mientras que los otros podían competir con el aislado de referencia, por lo que para beneficiarse de su mayor capacidad de control debían utilizarse individualmente. Diez aislados de *P. frequentans* mostraron un nivel similar de control de la enfermedad en comparación con el aislado de referencia Pf909, y todos ellos tuvieron un NOI < 0,9 con uno de los compuestos ensayados. Entre los 17 nuevos aislados de *E. nigrum* que son capaces de controlar la podredumbre de la cereza, sólo cinco de ellos mostraron un nivel de control significativamente más alto en comparación con el aislado de referencia EPI282, pero sólo cuatro de ellos tienen un NOI



Financiado por: PID2020-115702RB-C21/AEI/10.13039/501100011033; PID2021-123594OR-C21/ MCIN/AEI/10.13039/501100011033/FEDER, UE, y RM2010-00013-00-00. Agradecemos el trabajo técnico realizado por Y. Herranz y R. Castillo.

P.126. Functional analysis of the Tobacco rattle virus-encoded 16kDa protein via subcellular localization and identification of host-interacting factors

Carmen Robinson^{1,2}, César Llave¹

1 Centro de Investigaciones Biológicas Margarita Salas. Consejo Superior de Investigaciones Científicas, Ramiro de Maeztu 9, 28040 Madrid, Spain

2 Doctorado en Biotecnología y Recursos Genéticos de Plantas y Microorganismos Asociados, Universidad Politécnica de Madrid, 28040 Madrid, Spain

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: Tobacco rattle virus TRV, interacciones planta-virus, 16K, localización subcellular, factores celulares

Resumen:

Plants live under the constant threat of pathogen attacks. The interaction between host, pathogen and environment is complex. The general notion assumes that RNA silencing is the main antiviral defense strategy in plants, although recent discoveries suggest that innate immunity also plays a role in the antiviral defense. Plant viruses use silencing suppressor proteins to counteract the effect of silencing in a manner analogous to how microbial effectors suppress pattern-triggered immune (PTI) responses. These viral effectors can be recognised directly or indirectly by intracellular R receptors to trigger a cell death response that confines the virus to the site of infection. The Tobacco Rattle Virus (TRV) 16 kDa protein (16K) is a silencing suppressor that inhibits the formation of plant silencing complexes, preventing target RNA degradation. However, the information concerning the mode of action of the protein, its contribution to the infective cycle, as well as its interactions with plant proviral and defence factors is still incomplete. This issue is central to better understand the mechanisms of infection and antiviral defense, since the net outcome of infection in a susceptible host will depend on the joint and balanced action of proviral factors necessary for viral proliferation and defence factors that restrict infection. Protein-protein interactions between the viral proteins and cellular proteins are crucial for the outcome of the infection. In this study, we aimed to identify host factors associated with the viral protein 16K.

To this end, we used immunoprecipitation followed by mass spectrometry, to find direct protein interactors of 16K in *N. benthamiana* plants. Additionally, to understand the mode of action of 16K during the infection of the cell, we studied its subcellular localisation via confocal microscopy in transitory expression assays of constructions fused with GFP. 16K-GFP appears to be localised in the cytoplasm, somewhat in the endoplasmic reticulum and, interestingly, also in chloroplasts, which play key roles in defence responses against biotic pathogens.



Financiado por: This work was supported by National Research grants PID2021 127982NB-I00 to CL from Ministerio de Ciencia e Innovación (Spain) and UE-FEDER, and grant iLINKA20415 to CL from CSIC (Spain).

P.127. Optimización de la producción y condiciones de inoculación de *Stemphylium botryosum* en lenteja

Mario González¹, Eleonora Barilli¹, Nicolás Rispaill¹, Diego Rubiales¹

¹ Instituto de Agricultura Sostenible-CSIC

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: humedad, micelio, *Lens culinaris*

Resumen:

La mancha foliar causada por *Stemphylium botryosum* se ha convertido en una gran amenaza para los cultivos de lenteja en todo el mundo. Aunque la introducción de resistencia genética es una de las principales estrategias para su control, su desarrollo ha sido lento y no existen en la actualidad variedades totalmente resistentes. Por ello, es necesario desarrollar técnicas de selección precisas para evaluar a gran escala el germoplasma de lenteja y descubrir nuevas fuentes de resistencia. Estos métodos de selección implican la realización de inoculaciones artificiales bajo condiciones controladas utilizando altas concentraciones de esporas. Sin embargo, los métodos tradicionales de producción de inóculo no permiten la obtención de niveles suficientes de esporas para realizar ensayos de selección masivos y, además, son procesos lentos y laboriosos.

Se evaluaron seis medios de cultivo diferentes para determinar su capacidad de producción de inóculo. El medio sólido V8-PDA(hi) resultó ser el más eficiente en la producción de esporas, mientras que la mayor cantidad de micelio se produjo en el medio líquido de Richards. En general e independientemente del medio de cultivo utilizado, la producción de esporas no fue suficiente para ensayos de selección masiva, por lo que se optó por evaluar el micelio como material de inoculación. Para ello, se inocularon plántulas de seis genotipos diferentes de lenteja con diferentes concentraciones de micelio (1, 2,5 y 5 g L⁻¹) o esporas (5×10⁶, 10 y 2×10⁶ conidios mL⁻¹). Una vez inoculadas, y para determinar el nivel de humedad óptimo para el desarrollo de la enfermedad, las plantas se sometieron a tres niveles diferentes de humedad relativa (50, 80 y 100%) y se mantuvieron durante 20 días en esas condiciones. Las plantas se evaluaron cada 4 días en función de su nivel de síntomas foliares utilizando una escala de 0 (asintomática) a 10 (parte aérea muerta). El porcentaje de humedad y la dosis de inóculo influyeron significativamente en la severidad de los síntomas. Las diferencias en la severidad final de los síntomas entre genotipos fueron más evidentes después de la inoculación con densidades de inóculo de 5 g L⁻¹ de micelio o de 10 y 2×10⁶ conidios mL⁻¹ de esporas bajo 100% de humedad relativa. Por ello, y dadas las dificultades asociadas con la producción a gran escala de esporas de *S. botryosum*, se recomienda la inoculación con 5 g L⁻¹ de micelio como una alternativa práctica para realizar selecciones a gran escala. Además, las conclusiones de este estudio subrayan la importancia de mantener un



alto nivel de humedad durante la inoculación y el desarrollo de la enfermedad para evaluar con precisión la resistencia a *S. botryosum*.

Financiado por: Este trabajo ha sido financiado por los proyectos CRPD22006 (FAO/IEAE) y Horizon Europe BELIS-101081878.

Observaciones: Ciudado con los caracteres: (Para ello, se inocularon plántulas de seis genotipos diferentes de lenteja con diferentes concentraciones de micelio (1, 2,5 y 5 g L⁻¹) o esporas (5×10, 10 y 2×10 conidios mL⁻¹))

P.128. Asymptomatic watermelon mosaic virus variant confers drought tolerance in cucurbit plants.

Mikhail Oliveira Leastro¹, Frederic Aparicio Herrero¹, Jesús Ángel Sánchez-Navarro¹, Vicente Pallás¹

¹ Instituto de Biología Molecular y Celular de Plantas, Valencia

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: WMV, drought tolerance, water stress, cucumber plants, metabolites, hormones.

Resumen:

Plant viruses can extend their hosts survival under abiotic stress conditions, such as drought. Drought tolerance studies have primarily focused on host indicators that do not directly reflect the economic impact in the agriculture food sector. Herein, using an infectious clone of watermelon mosaic virus (WMV) strain Vera that causes mild symptoms in cucurbit plants, we tested the drought tolerance of *Cucumis sativus* Cv. Supermarketer under this nearly asymptomatic infection. The inoculated plants were stressed by withholding water. The phenotype of drought symptoms in cucumber-infected plants was compared with that in the plants that were inoculated with buffer (mock plants). Virus infection delayed the appearance of drought symptoms. The profile of virus genome accumulation throughout the course of infection was evaluated, showing an increased rate of viral RNA accumulation when plants experienced water stress. Water content analysis revealed significant differences between mock-inoculated plants and WMV-infected plants. Under drought stress, the WMV-infected cucumber plants maintained a higher water content per unit of plant mass. Metabolite and hormone profiling analyses were conducted and compared between virus-infected and mock-inoculated plants before and after being subjected to drought stress. Notable differences were observed in abscisic acid (ABA) content between treatments. Importantly, ABA content was significantly increased when infected plants were subjected to water stress. Salicylic acid (SA), a defense mediator that increases plant tolerance to abiotic stress accumulates to high concentrations in virus-infected plants before and after drought. Under water stress, some metabolites were maintained at high levels or showed increased accumulation. Some osmoprotectants and antioxidants accumulate to high



concentrations in virus-infected plants before and after drought. This metabolite increase is considered a basic strategy for the protection of plants in extreme environments. Furthermore, these metabolites mediate osmotic adjustment, stabilize membranes, and protect proteins and metabolic machinery against oxidative damage caused by drought stress. Finally, the impact of drought stress on fruit development (weight, size, quantity, and number of seeds) did not show significant differences between the treatments. Taken together, our findings suggest that WMV infection improves tolerance to abiotic stress in a cucumber host and could be used as a strategic tool to confer resilience to drought stress.

Financiado por: This work was supported by grant TED2021-131949B-I00 from the Spanish Ministerio de Ciencia y Educacion and Next Generation EU.

P.129. WhpR, un regulador transcripcional de la virulencia en el patógeno de huéspedes leñosos *Pseudomonas savastanoi* pv. *savastanoi*

Antonio Arroyo Mateo¹, Luis Rodríguez Moreno¹, Cayo Ramos¹

¹ Departamento de Protección de Cultivos, Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea «La Mayora», Universidad de Málaga-Consejo Superior de Investigaciones Científicas, 29010 Málaga

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: *Pseudomonas savastanoi* olivo WHOP regulador virulencia indol-3-acético AraC

Resumen:

El genoma del patógeno del olivo *Pseudomonas savastanoi* pv. *savastanoi* (Psv) NCPPB 3335 codifica una región de aproximadamente 15 kb denominada WHOP (Woody Host y P*seudomonas*), que participa en el catabolismo de compuestos aromáticos. Esta región la tienen otras cepas del complejo *Pseudomonas syringae* que infectan huéspedes leñosos, pero está ausente en cepas que infectan plantas herbáceas. La región WHOP está organizada en cuatro operones, *antABC* (catabolismo de antranilato), *catBCA* (catabolismo de catecol), *ipoBCA* (actividad oxigenasa) y *dhoAB* (degradación de compuestos fenólicos), y tres genes que se transcriben de manera independiente, *antR* (regulador positivo de *antABC*), *PSA3335_3206* (receptor de aerotaxis) y *whpR* (regulador de la familia AraC) [1]. En este estudio hemos analizado la presencia de genes codificados en la región WHOP en genomas bacterianos, sin que necesariamente se conserve la sintenia de esta región observada en Psv NCPPB 3335. Además, identificamos dos dominios en WhpR, un dominio DBD (*DNA binding domain*) caracterizado por un motivo estructural HTH (*Helix-Turn-Helix*), y un dominio de unión a ligando similar a los que están descritos para factores transcripcionales de tipo AraC. Análisis transcriptómicos mediante *RNA-seq* de la cepa Psv NCPPB 3335 y un mutante de pérdida de función del gen *whpR* (Psv *whpR*) mostraron que WhpR es un regulador negativo tanto de la región WHOP como del operón triptófano sintasa (*trpAB*). La región WHOP es esencial para la virulencia de Psv en plantas de olivo leñosas [1]. De hecho, Psv *whpR* es hipervirulento en plantas de olivo leñosas,



pero no en plantas de olivo micropropagadas *in vitro*. Considerando que el operón *trpAB* esté probablemente relacionado con la biosíntesis de la fitohormona ácido indol-3-acético (IAA), un factor de patogenicidad en Psv, actualmente estamos analizando la producción de auxinas en Psv *whpR*. También estamos confirmando la actividad reguladora de WhpR mediante q-RT-PCR y fusiones transcripcionales de las regiones promotoras de varios genes de la región WHOP a *lacZ*. Además, hemos iniciado la purificación de este regulador. Nuestros resultados contribuyen a la comprensión de los factores de virulencia en patógenos vegetales de huéspedes leñosos y abre las puertas a nuevos estudios para examinar su interacción con el huésped.

Financiado por: Ministerio de Ciencia e Innovación, proyecto PID2020-115177RB-C21/AEI/10.13039/501100011033, co-financiado por FEDER y P20-00122 (Junta de Andalucía-FEDER)

P.130. Efecto de hongos causantes de chancros en parámetros ecofisiológicos del olivo.

María Isabel Márquez Pérez¹, Ahlam Drissi El Bouzaidi¹, Cristina Estudillo Cazorla¹, Pilar Rallo Morillo², Concepción Muñoz Díez¹, Álvaro López Bernal¹, Juan Moral Moral¹

1 Universidad de Córdoba, Departamento de Agronomía (AGR-157), Córdoba

2 Universidad de Córdoba, Departamento de Agronomía (AGR-188), Sevilla

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: olivo, chancro, *Neofusicoccum*, parámetros ecofisiológicos, estrés hídrico, fotosíntesis

Resumen:

La seca de ramas del olivo se atribuye a diversos agentes fúngicos, en particular a los géneros *Botryosphaeria* y *Neofusicoccum* de la familia Botryosphaeriaceae. Estas especies fúngicas inducen chancros en los tejidos lignificados, lo que provoca la seca y muerte de las ramas y daños irreversibles. Sin embargo, la importancia de la seca de ramas en el cultivo del olivo en España no se conoció hasta principios de la década de los 2000. La reemergencia de esta enfermedad se atribuye a varios factores, como la intensificación de los cultivos, la prohibición de quemar los restos de poda y los periodos de sequía. A pesar de su importancia, la respuesta del árbol a esta enfermedad sigue estando poco estudiada. Este trabajo investiga el impacto de *N. mediterraneum* y *N. parvum* en 10 de los principales cultivares de olivo españoles. En una parcela experimental de 13 años, se inocularon ramas de dos años con ambos patógenos, utilizando dados de micelio. La conductancia estomática y la fluorescencia de la clorofila se monitorizaron cada 10 días, mientras que el potencial hídrico de las hojas se midió dos veces después de la inoculación en cinco cultivares utilizando una cámara Scholander. También se evaluó la severidad de la enfermedad, midiendo la reducción del crecimiento y la longitud de las lesiones. Además, se determinó el peso específico de la hoja y la densidad de madera de cada cultivar. Ambas especies de *Neofusicoccum* redujeron significativamente el crecimiento vegetativo y la conductancia



estomática, un 60% y un 28%, respectivamente. Los dos patógenos mostraron niveles de virulencia similares, pero es necesario seguir investigando para comprender mejor esta enfermedad.

Financiado por: Contrato predoctoral de personal investigador en formación por los agentes del Sistema Andaluz del Conocimiento (PREDOC_00714).

P.131. Metaproteómica de la microbiota asociada a la interacción entre *Botrytis cinerea* y vid durante el desarrollo de la podredumbre noble

Almudena Escobar-Niño¹, Francisco Javier Fernandez Acero¹

1 Instituto de Investigaciones Vitivinícolas y Agroalimentarias IVAGRO. Fac. CC del Mar y Ambientales. Universidad de Cádiz

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: *Botrytis cinerea*, Proteómica, LC MSMS, Podredumbre noble

Resumen:

Botrytis cinerea es un hongo patógeno de muchas plantas (podredumbre gris), pero, en determinadas condiciones, su infección es utilizada para elaborar vinos dulces (podredumbre noble). El desarrollo natural o inducido de la podredumbre noble durante las últimas fases de maduración de las uvas (*Vitis vinifera* L.) se utiliza en algunas zonas para producir vinos de alta calidad, como Sauternes y Tokaji. Se ha comprobado que esta inducción genera un cambio en el metaboloma de las uvas infectadas, mostrando que la podredumbre noble afecta al metabolismo y la composición de las bayas. Del mismo modo, en ambos estados, *B. cinerea* se asocia con otros hongos, pero el papel funcional de éstos es aún poco conocido. Estudios de metatranscriptómica han determinado que todos los hongos y levaduras asociados a la infección por *Botrytis* son más activos en podredumbre noble seguidos de la podredumbre gris y por último las uvas sanas. Además se reveló que, aparte de los genes de *B. cinerea*, también existían genes funcionales de otros hongos que se relacionaban con cambios físico-químicos bien conocidos en las bayas de podredumbre noble y a la producción de genes de interacción antagónica, demostrando la compleja dinámica de interacción del microbioma de la uva.

En este trabajo, se ha desarrollado el primer estudio de metaproteómica para determinar las proteínas activas en la interacción vid y *Botrytis cinerea* usando muestras de la región de Tokaji (Hungría) para determinar los determinantes proteicos de esta interacción, identificar las proteínas de la microbiota existente e intentar desentrañar las complejidades de estas interacciones. Entender las diferencias en el perfil proteico específico de las bayas infectadas puede ayudar a determinar los compuestos y rutas responsables de estas interacciones, tanto de *Botrytis* como de la microbiota asociados. Siendo la primera aproximación metaproteómica a esta interacción.



Financiado por: VITENOCLIMAT: Improving the educational background of viticulture and enology to mitigate the negative impacts of climate change. ERASMUS-K2-CP (2021-2-HU01-KA220-HED-000050361)

P.132. Rutas alternativas de producción de Ácido Indol-3-Acético en *Pseudomonas savastanoi*

Adrián Pintado¹, Antonio Arroyo-Mateo¹, Victoria Pastor², Victor Flors², Luis Rodríguez-Moreno¹, Cayo Ramos¹

¹ IHSM-UMA, Málaga

² Universitat Jaume I, Castellón de la Plana

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave:

Resumen:

Las bacterias pertenecientes al complejo *Pseudomonas syringae* causan enfermedades en una gran variedad de plantas leñosas y herbáceas. *Pseudomonas savastanoi*, miembro de este complejo, produce tumores o excrecencias en las partes aéreas de plantas leñosas. La especie se encuentra clasificada en cinco patovares cuyas cepas infectan plantas leñosas: *savastanoi* (Psv, olivo), *nerii* (Psn, adelfa), *retacarpa* (Psr, retama), *fraxini* (Psf, fresno) y *mandevillae* (Psm, mandevilla). Excepto Psf, todas las cepas de *P. savastanoi* producen IAA a través de la ruta de la indol-3-acetamida (operón *iaaMH*) utilizando el Trp como precursor. Trabajos previos, han demostrado que un mutante Psv *iaaMH* reduce drásticamente los niveles de IAA producidos. Sin embargo, esta cepa mutante todavía produce cantidades de IAA comparables a las sintetizadas por cepas Psf y por *P. syringae* pv. tomato DC3000, carentes de los genes *iaaMH*, lo que sugiere la presencia de una ruta alternativa de biosíntesis de IAA en Psv. En este trabajo, utilizando diferentes enfoques ómicos, analizamos la producción de IAA en la cepa mutante Psv *iaaMH*. En cultivos suplementados con Trp, se observó una acumulación diferencial de compuestos indólicos, incluyendo precursores y derivados de IAA. El análisis bioinformático identificó varios genes relacionados con la biosíntesis de IAA dependiente de Trp, tales como aldehído deshidrogenasas (genes *ald*). Por último, el análisis transcriptómico reveló genes con actividad deshidrogenasa cuyos niveles de expresión aumentan en presencia de Trp. Estos resultados amplían nuestro conocimiento sobre la producción de IAA en Psv y resaltan la relevancia de la biosíntesis de auxinas en el complejo *P. syringae*.

Financiado por: Financiado por MCIN/AEI, PID2020-115177RB-C21/AEI/10.13039/501100011033, co-financiado por FEDER



P.133. Hipovirulencia inducida por micovirus en cepas procedentes de aislados de campo de *Botrytis cinerea*

María A. Ayllón^{1,2}, Julián Méndez García¹, Verónica López Alejandre¹, Julio Rodríguez Romero^{1,2}

1 Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas-UPM. Pozuelo de Alarcón, Madrid
Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: Micovirus, hipovirulencia, infecciones micovirales mixtas, *Botrytis cinerea*, hongos,

Resumen:

Botrytis cinerea es uno de los hongos fitopatógenos más importantes, al ser responsable de la enfermedad del moho gris en más de 200 cultivos de importancia agronómica. Su control en el campo plantea retos específicos debido a la aparición de aislados naturales resistentes a fungicidas, por lo que hay un gran interés por el desarrollo de métodos alternativos de control. Entre estos métodos, el empleo de micovirus se ha explorado desde hace años como una nueva estrategia de control biológico, al haberse demostrado que pueden reducir la virulencia del hongo sobre su planta huésped.

En un estudio previo, se caracterizó el micoviroma de una colección de aislados de campo de *B. cinerea*, procedentes de viñedos afectados en regiones de España e Italia. Se identificaron micovirus previamente descritos relacionados con la inducción de hipovirulencia en sus huéspedes, otros micovirus con efecto desconocido, y nuevos micovirus no identificados previamente.

Para analizar el efecto específico de estos micovirus es necesario obtener cepas del hongo infectadas exclusivamente con un único micovirus. En el presente trabajo, partiendo de aislados de campo de *B. cinerea* con una infección múltiple, se diseñó un protocolo de curación para tratar de obtener una cepa con una infección individual con un solo micovirus. Además, se analizaron cambios en el fenotipo y virulencia de las cepas resultantes en hojas del huésped experimental *Nicotiana benthamiana*.

Algunos de los métodos de curación empleados fueron el aislamiento de esporas individuales, el aislamiento y regeneración de protoplastos individuales, o el corte de la punta de la hifa. Se realizó además una transferencia horizontal de micovirus, vía anastomosis, desde una cepa proveniente de un aislado de campo a la cepa receptora *B. cinerea* B05.10R, libre de micovirus y resistente a higromicina, para posibilitar la selección posterior del hongo receptor infectado. A partir de datos de secuenciación masiva de RNA, se demostró que estos métodos redujeron la diversidad de micovirus en las cepas resultantes.

Los análisis de virulencia indicaron que las diferencias en el contenido y diversidad de micovirus podrían explicar las diferencias en los niveles de virulencia entre cepas isogénicas de *B. cinerea*.

Finalmente, se obtuvo la cepa *B. cinerea* B05.10R infectada exclusivamente por un micovirus. Los análisis de fenotipo mostraron que, a pesar de que la tasa de crecimiento radial no difería



respecto a la cepa control, sí se observó una reducción del 40% de la virulencia en *N. benthamiana*. Resultados preliminares apuntan además a una reducción en la producción y germinación de esporas.

En este estudio se ha aprovechado la diversidad natural de los micovirus que infectan *B. cinerea* para el descubrimiento y análisis de micovirus relacionados con la inducción de hipovirulencia en el hongo, así como para la obtención de una cepa hipovirulenta de *B. cinerea* con un potencial uso como agente de biocontrol del hongo.

Financiado por: Proyecto I+D+i PID2020-120106RB-I00 financiado por MCIN/AEI/10.13039/501100011033/

P.135. Niemann's Pick C1 protein - A new player in CMV infection

Irene Villar Rúa^{1,2}, Ana Montserrat Martín-Hernández^{1,3}

1 Centre for Research in Agricultural Genomics-CRAG, Barcelona

2 Universidad de Zaragoza, Zaragoza

3 IRTA - Institute of Agrifood Research and Technology

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: Cucumber mosaic virus-Melon-Resistance-NPC1

Resumen:

Plant viruses, as obligate parasites, rely on host cellular machinery to complete their life cycle and establish infection. To develop resistant plants against specific viruses, it is crucial to identify and characterize host-virus proteins interactions. In our laboratory, we have recently uncovered a key player in the context of *Cucumber Mosaic Virus* (CMV) infection in melon: the Niemann's Pick C1 protein (NPC1). NPC1, a transmembrane sterol transporter protein¹ known for its associations with viral infections in mammals like those produced by SARS-CoV-2², Ebola³ and Zika viruses⁴. In line with these discoveries, our research has demonstrated that CmNPC1 has the capability to interact with the CMV movement protein (MP). The primary role of the CMV-MP is to facilitate the movement of the virus between plant cells, enabling systemic infection. Our findings suggest that CmNPC1 may play a significant role in mediating intra- or intercellular viral movement within the plant, being crucial for viral dynamics. In melon, there are two distinct genes encoding *NPC1*, located on different chromosomes, one in chr7 and other in chr11. These genes exhibit differential expression patterns, especially in response to CMV infection, as elucidated using RNA-Seq and qRT-PCR techniques. Through Yeast Two-Hybrid assays and Co-immunoprecipitation experiments, we pinpointed the specific domain of CmNPC1 responsible for interacting with CMV-MP. Furthermore, utilizing the Bimolecular Fluorescence Complementation technique, we precisely determined the spatial localization of this interaction within plant cells. Finally, we have checked the function of both CmNPC1 during viral movement by silencing. Our investigation, suggests that both NPC1 proteins seem to be important for the viral movement. In summary, our research contributes valuable knowledge to the understanding



of plant-virus interactions, offering potential avenues for the development of strategies to protect crops from viral infections.

- 1- Li, X. et al. (2016). Proc Natl Acad Sci U S A, 29,8212.
- 2- Garcia-Dorival, I. et al. (2020). Antiviral Res, 194,105167.
- 3- Carette, J. et al. (2011). Nature, 477, 340-343.
- 4- Sabino, C. et al. (2019). Viruses, 11.

Financiado por: Acknowledgments: I.V. is the recipient of a Margarita Salas contract from Ministerio de Universidades and funded by “Union Europea- Next Generation EU”. Funding by project PID2021-125998OB-C21, from MCIN/AEI/10.13039/501100011033 and by “ERDF/EU”. CRAG was also supported by grants SEV-2015-0533 and CEX2019-000902-S, funded by MCIN/AEI/10.13039/501100011033, and by the CERCA Program, Generalitat de Catalunya.

P.136. Transcriptome analysis of a novel *Colletotrichum graminicola* chloroplastic effector during early maize leaf infection.

Francisco Borja Cuevas-Fernández¹, Sioly Becerra¹, Pablo García-Rodríguez¹, Silvia Gutiérrez-Sánchez¹, Lucía Rodríguez-Mónaco¹, Eduardo A. Espeso², Michael R. Thon¹, Serenella A. Sukno¹

¹ University of Salamanca, Department of Microbiology and Genetics, Institute for Agribiotechnology Research (CIALE), Villamayor, Salamanca, Spain

² Department of Molecular and Cellular Biology, Centro de Investigaciones Biológicas (CIB) Margarita Salas, Spanish Research Council (CSIC), Ramiro de Maeztu, 9, 28040 Madrid, Spain

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: Maize leaf blight, effector, chloroplast localization, RNA sequencing, differentially expressed genes, plant defense mechanism

Resumen:

The plant pathogenic fungus *Colletotrichum graminicola* (Ces.) Wils causes anthracnose disease in maize. Like many pathogens, *C. graminicola* secretes effector proteins to regulate the host immune system. *C. graminicola* effector protein 3 (CgEP3) is a pre-penetration effector specific to this fungus and plays a role in virulence during the early stages of infection. Subcellular localization studies of CgEP3 have shown that it localized to the chloroplasts of host cells. To better understand the function of CgEP3 during leaf infection, we performed transcriptional profiling using RNA sequencing at 24 hours after fungal inoculation. The transcriptomic results revealed 56 differentially expressed genes (DEGs) in maize, of which 35 and 21 could be suppressed and induced, respectively, by CgEP3. A Gene Ontology (GO) enrichment analysis of the suppressed DEGs revealed terms related to cellular components, especially chloroplasts. However, no significant GO terms were found for CgEP3-induced DEGs. Among the chloroplast-related DEGs suppressed by CgEP3 were those associated with chlorophyll biosynthesis



(ZmPORA and CHLD), electron transport chain and photosystems (LHCA1, ZmLHCb and DNA translocase), the 2-C-methyl-D-erythritol 4-phosphate (MEP) pathway (DXS1), the abscisic acid biosynthesis pathway (NCED8), protein folding and degradation (ZmCYP33 and ZmFKB17-3), and RNA metabolism (ZmPRR310). On the other hand, CgEP3 suppressed DEGs associated with transcription factors, selenium metabolism, carbon metabolism (via glycolysis), lipid metabolism (via phytosterol biosynthesis), secondary metabolism (via the phenylpropanoid pathway), and plant cell remodeling. Suppression of these pathways by CgEP3 can counteract plant defenses, allowing colonization and disease development. Conversely, CgEP3 could induce DEGs associated with chloroplast electron chain transport (NdhB), pathogenesis-related proteins, ethylene signaling, transcription factors, sulfur and iron metabolism, and secondary metabolism (via the sesquiterpenoid phytoalexin pathway), among others. The induction of these pathways is attributed to maize's ability to recognize CgEP3 and consequently activate the expression of these genes to enhance plant defense. Taken together, these genes represent independent defense mechanisms that could be suppressed or induced by the CgEP3 effector in the early stages of infection. Thus, CgEP3 could help to counteract the pre-invasion defense mechanisms of maize, allowing colonization to occur more rapidly.

Financiado por: This research was supported by Grants RTI2018-093611-B-100 and PID2021-125349NB-100 from the MCIN of Spain AEI/10.13039/501100011033 and the European Regional Development Fund (ERDF).

P.137. Análisis funcional de la secuencia y estructura de los deltasatélites

Elvira Fiallo-Olivé¹, Jesús Navas-Castillo¹

¹ Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea La Mayora (IHSM-UMA-CSIC), Consejo Superior de Investigaciones Científicas, Algarde Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: begomovirus, clones infectivos, deltasatélites, enfermedades emergentes, Geminiviridae, mutantes

Resumen:

Los deltasatélites (género *Deltasatellite*, familia *Tolecasatellitidae*) son agentes subvirales constituidos por moléculas de ADN circulares y cadena sencilla asociados a los begomovirus (género *Begomovirus*, familia *Geminiviridae*). Los deltasatélites necesitan del begomovirus ayudante para su replicación y movimiento en planta, así como para su transmisión por la mosca blanca *Bemisia tabaci*. En la naturaleza, los deltasatélites se han descrito asociados con begomovirus monopartitos y bipartitos, tanto en el Viejo Mundo como en el Nuevo Mundo, infectando plantas de las familias Malvaceae, Convolvulaceae y Fabaceae. Experimentalmente, se ha demostrado que al menos algunos deltasatélites pueden ser transreplicados, además de por el virus ayudante al que están asociados en la naturaleza, por una variedad de begomovirus o



incluso por curtovirus (género *Curtovirus*, familia *Geminiviridae*). Normalmente, los deltasatélites no afectan la sintomatología causada por los virus ayudantes y su efecto en la acumulación de ADN viral depende de la combinación virus ayudante-planta huésped. Los genomas de los deltasatélites contienen unos 700 nt (aproximadamente una cuarta parte de los componentes genómicos de begomovirus), no codifican para ninguna proteína y contienen una región rica en adenina, una región conservada del satélite y dos estructuras de tallo-horquilla. Una de estas estructuras contiene el nonanucleótido TAATATTAC, conservado en todos los geminivirus, y la otra está situada en la proximidad de secuencias similares a los iterones presentes en los geminivirus. Los iterones tienen una función esencial en la replicación viral. Para determinar el papel de las diferentes regiones genómicas de los deltasatélites en la infección por begomovirus, se construyeron 10 mutantes de sweet potato leaf curl *Deltasatellite* 1 incluyendo modificaciones a su secuencia nucleotídica y/o su estructura secundaria. El análisis de la infección de los distintos mutantes en plantas de *Nicotiana benthamiana* en presencia de dos virus ayudantes mostró que solo algunas de las regiones mutadas son esenciales para la acumulación de este deltasatélite, dependiendo además del virus utilizado como ayudante. Por otra parte, en la progenie generada a partir de algunos de los mutantes se identificaron reversiones de algunas posiciones nucleotídicas. Nuestros resultados abren el camino a la comprensión de cómo estos agentes subvirales afectan a los virus ayudantes y se mantienen en la naturaleza.

Financiado por: Ministerio de Ciencia e Innovación / FEDER (PID2021-128445OA-I00/AEI/10.13039/501100011033). Unión Europea - Programa Horizonte 2020 (proyecto VIRTIGATION, 101000570).

P.138. Contribución de la colección de microorganismos MAPYS al conocimiento del microbioma agrícola del sureste español

Juan Antonio Martínez López¹

1 Universidad Politécnica de Cartagena, Murcia

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: poscosecha, sostenibilidad, fitopatógenos, patosistema, organismos benéficos, recursos microbianos

Resumen:

La colección de microorganismos MAPYS (Microorganismos de la Agricultura, Poscosecha y Sostenibilidad) del grupo de investigación Protección de Cultivos de la Universidad Politécnica de Cartagena lleva aislando, identificando y preservando el microbioma de organismos fitopatógenos y benéficos de patosistemas de cultivos y centrales hortofrutícolas del sureste español oficialmente desde el año 2017. Esta colección está encuadrada dentro de la Red Española de Microorganismos (REDESMI), gestionada por la Colección Española de Cultivos Tipo (CECT).

MAPYS pretende llegar a empresas hortofrutícolas ofreciendo servicios de identificación y



caracterización de fisiopatías y enfermedades, tanto en los cultivos como en poscosecha. De este modo, no solo ayudamos a las empresas a identificar patologías, también identificamos el microbioma y lo preservamos en nuestra colección. Extendemos nuestro estudio a la detección y almacenamiento de antagonistas, fitoestimulantes y organismos benéficos en general que se consideren de especial relevancia en el marco de las diversas investigaciones. De esta manera contribuimos al conocimiento de la biodiversidad de los agroecosistemas; salvaguardando los recursos microbianos relacionados con la agricultura con fines de identificación, mantenimiento, apoyo a ensayos fitosanitarios e investigación en general.

Dentro de la colección, podemos destacar especies fúngicas asociadas a podredumbres no descritas con anterioridad, entre las que citamos a *Fusarium annulatum* en melón, *Rhizopus sexualis* en calabaza, *Fusarium proliferatum* y *Aspergillus ochraceus* en pimiento. En estos momentos hemos detectado y estamos estudiando una bacteria con potentes propiedades antagonistas contra *Fusarium Oxysporum* f. sp. *melonis* que hemos incorporado a MAPYS. Los aislados son almacenados por medio de los métodos de resiembra periódicas, agua y congelación.

MAPYS está abierta a los grupos de investigación que trabajan en microbiología de plantas y en fitopatología para unificar, colaborar y mantener el microbioma de aquellos organismos fitopatógenos y antagonistas identificados que se consideran de especial relevancia en el marco de las diversas investigaciones.

Financiado por: Este estudio forma parte del Programa AGROALNEXT que ha sido financiado por MCIU con fondos NextGenerationEU (PRTR-C17.I1) y por la Fundación Séneca con fondos de la Comunidad Autónoma de la Región de Murcia (CARM).

P.139. Perfiles hormonales y de genes de defensa en almendros afectados por mancha ocre (*Polystigma amygdalinum*)

Núria Real¹, Gemma Pons-Solé¹, Mercè Llugany², Soledad Martos², Jordi Luque¹

1 IRTA, Programa de Protección Vegetal Sostenible, Ctra. de Cabrils km 2, 08348 Cabrils

2 Universitat Autònoma de Barcelona, Departament de Biologia Animal, Biologia Vegetal i Ecologia, Campus UAB, 08193 Bellaterra

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: gen de defensa, jasmónico, mancha ocre, *Polystigma amygdalinum*, *Prunus amygdalus*, salicílico.

Resumen:

La mancha ocre del almendro, causada por *Polystigma amygdalinum*, es una de las enfermedades foliares más importantes de este cultivo en la cuenca mediterránea y Oriente Medio. Las variedades de almendro presentan diferentes grados de susceptibilidad a la enfermedad, aunque las bases genéticas y moleculares de esta respuesta diferenciada son poco conocidas. El objetivo de este trabajo fue comparar la respuesta del almendro frente la mancha ocre, a nivel hormonal y genético, en dos variedades: “Mardía” (tolerante) y “Tarraco” (susceptible). En una primera fase



se analizaron los niveles endógenos de ácido jasmónico (JA), metil jasmonato (MeJA), ácido salicílico (SA) y ácido 1-aminociclopropano-1-carboxílico (ACC) en hojas sanas e infectadas de ambas variedades. También se analizó la expresión relativa de cuatro genes de defensa relacionados con la síntesis y las vías de defensa señalizadas por estas fitohormonas (*ACO*, *ERF1*, *PR1* y *PR5*). Los resultados mostraron una mayor concentración de SA en hojas infectadas de ambas variedades y una mayor concentración de JA en hojas sanas de “Tarraco”. Además, se observó que en hojas enfermas hay una mayor expresión de los genes de las proteínas relacionadas con la patogénesis 1 (*PR1*) y 5 (*PR5*) y la ACC oxidasa (*ACO*). Se observaron diferencias significativas entre variedades, con una interacción notable entre variedad y enfermedad para *PR5*. Estos resultados sugieren que las respuestas hormonales y genéticas difieren significativamente entre “Mardía” y “Tarraco”, lo que podría explicar la mayor tolerancia de “Mardía” debido a una respuesta más eficiente a la infección patógena. Por último, se realizó un ensayo de campo para comprobar los efectos de una aplicación exógena de SA o MeJA en plantas de “Tarraco”, resultando ello en una mayor expresión del factor represor *ETS2* (*ERF1*) y una reducción significativa de la severidad y la incidencia para ambos tratamientos hormonales. Sin embargo, MeJA redujo también el crecimiento de las plantas, un efecto adverso del tratamiento que también debería tenerse en cuenta.

Financiado por: Proyectos RTA2017-00009-C04-01, financiado por INIA, y PID2020-114468RR-C31, financiado por MICIU/AEI (10.13039/501100011033). Gemma Pons-Solé fue beneficiaria de una beca predoctoral (PRE2018-085207) de la AEI. Núria Real es beneficiaria de un contrato postdoctoral INVESTIGO 2023 (100049ID3) de la Generalitat de Catalunya.

P.140. Decoding the intricate auxin-mediated regulation of feeding-site formation of endoparasitic nematodes.

Patricia Abril Urías¹, Virginia Ruiz Ferrer¹, Javier Cabrera², Rocío Olmo³, Ana Claudia Silva⁵, Fernando DÍa Manzano¹, Jose Domínguez Figueroa¹, Carmen Fenoll¹, Carolina Escobar¹

1 Facultad de Ciencias Ambientales y Bioquímica, Universidad de Castilla-La Mancha, Toledo, Spain

2 Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas (CBGP), Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria (INIA), Madrid, Spain

3 FFoQSI GmbH - Austrian Competence Centre for Feed and Food Quality, Safety and Innovation, Tulln, Austria

4 Unit of Food Microbiology, Institute of Food Safety, Food Technology and Veterinary Public Health, University of Veterinary Medicine, Vienna, Austria

5 Centro Tecnológico Nacional Agroalimentario Extremadura, Badajoz, Spain

6 Technical University of Madrid, Madrid, Spain

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: Auxins, Galls, Giant cells, syncytia, lateral root formation, feeding-site



Resumen:

Plant-parasitic nematodes (PPNs) are known to cause serious agronomic losses worldwide, damaging a wide variety of crops (Singh et al., 2015). Among these PPNs, cysts (CNs) and root-knot nematodes (RKNS) are two of the most economically relevant endoparasitic nematodes which exhibit similar complex parasitism behavior by inducing specialized feeding cells that become the sole source of nutrients for their development. RKNs form giant cells (GCs), multinucleated cells from vascular cells that undergo repeated mitosis with partial cytokinesis and DNA endoreduplication. The GCs are contained inside a pseudo-organ named gall. On the other hand, CNs form syncytia by selecting cambial or procambial cells that become the initial syncytial cells (Escobar et al., 2015). Although the ontogeny of both feeding-sites is strikingly different, an auxin maximum is crucial for the formation of these structures. In order to unravel the molecular divergences of these structures, we have analyzed the auxin transduction pathways during the CNs interaction, focusing on several genes that are key during gall and lateral root development (Cabrera et al., 2014; Olmo et al., 2020). Similar to galls, the promoter *pGATA23* and several deletions of *pmiR390a* were active in syncytia, whereas *AHP6* and/or putative up-stream regulators as *ARF5/7/19* were only active in galls. Nevertheless, none of these genes seemed to display a key role during CNs establishment. The analysis of those promoters active only in galls (*AHP6*, *LBD16*) revealed the presence of only canonical AuxRe elements in their proximal promoter regions, whereas the analyzed promoters active in syncytia such as *pmiR390a* and *pGATA23* carry AuxRe overlapping core cis-elements for other transcription factor families (i.e., bHLH, bZIP). Additionally, *in silico* transcriptomic analysis showed, despite the high number of IAA induced genes present in both galls and syncytia compared to uninfected roots, a few common upregulated IAA responsive genes in both types of feeding sites. These results suggest that in both interactions operate complex and partially divergent regulatory pathways driven by auxins.

Financiado por: This work was supported by CPP2021-008347. 2022-2024, MICIN/AEI/10.13039/501100011033 and by the European Union Next Generation EU/PRTR. PID2019-105924RB-I00 and PID2022-138989OB-I00, MCIN/AEI 10.13039/501100011033/ and by FEDER UE. Castilla La Mancha Government (SBPLY/21/180501/000033).

Observaciones: Bibliografía Singh et al., (2015). Nematodes: A threat to sustainability of agriculture. *Procedia Environ. Sci.* 29, 215-216.

Escobar et al., (2015). Overview of root-knot nematodes and giant cells. In: *Advances in Botanical Research*, 73, 1- 32. Amsterdam, the Netherlands: Elsevier Academic Press.

Cabrera et al., (2014). A role for LATERAL ORGAN BOUNDARIES-DOMAIN 16 during the interaction *Arabidopsis-Meloidogyne* spp. provides a molecular link between lateral root and root-knot nematode feeding site development. *New Phytologist*, 203, 632-645.

Olmo et al., (2020). Root-knot nematodes induce gall formation by recruiting developmental pathways of post-embryonic organogenesis and regeneration to promote transient pluripotency. *New Phytologist*, 227, 200-215



P.141. Expresión de GFP y Rosea1 en *Nicotiana benthamiana* utilizando tomato chlorosis virus como vector

Ana Cristina García-Merenciano¹, José Manuel Pérez-Barea¹, Juan de Dios Alché², Elvira Fiallo-Olivé¹, Jesús Navas-Castillo¹

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

2 Estación Experimental del Zaidín (EEZ-CSIC), Consejo Superior de Investigaciones Científicas Granada

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: Closteroviridae, crinivirus, GFP, Rosea1, ToCV, vector de expresión

Resumen:

Tomato chlorosis virus (ToCV, género *Crinivirus*, familia *Closteroviridae*) es un virus limitado al floema que se transmite de manera semipersistente por las moscas blancas (Hemiptera: Aleyrodidae) *Bemisia tabaci* s.l., *Trialeurodes vaporariorum* y *T. abutilonea*. Además de a tomate, ToCV infecta plantas pertenecientes a 25 familias botánicas, incluyendo cultivos de importancia económica como el pimiento y la patata. ToCV se encuentra presente en alrededor de 40 países y constituye un paradigmático ejemplo de un patógeno emergente de plantas. El genoma de ToCV consiste en dos moléculas de ARN, ARN1 y ARN2, de cadena sencilla y polaridad positiva, que se encapsidan por separado en viriones largos y flexuosos. El ARN1 contiene cuatro marcos de lectura abiertos (ORFs) que codifican proteínas responsables de la replicación del virus, mientras que el ARN2 contiene nueve ORFs que codifican proteínas asociadas con la encapsidación, movimiento y transmisión por mosca blanca. Ambas moléculas codifican supresores de silenciamiento génico. En este trabajo se ha empleado un sistema de clones agroinfectivos para introducir en diferentes posiciones del ARN2 los marcadores GFP y Rosea1 (Ros1) con el objetivo de evaluar su utilización como sistema de expresión. Se generaron siete clones que contenían GFP y tres Ros1. Se evaluó la acumulación de ToCV y la expresión de GFP y Ros1 en plantas de *Nicotiana benthamiana* silvestres o transformadas con el supresor de silenciamiento HC-Pro agroinoculadas con los clones del ARN2 (conteniendo GFP o Ros1) junto con el clon del ARN1. Los clones que contenían Ros1 resultaron infectivos, aunque no se detectó coloración rojiza en las plantas agroinoculadas. Por otra parte, cuatro de los siete clones que contenían GFP fueron infectivos. Aunque no se observó fluorescencia en plantas agroinoculadas a simple vista, sí se detectó en secciones de peciolo al ser observadas con microscopio de fluorescencia o confocal, estando la fluorescencia localizada en las células floemáticas. El número de células donde se observó la expresión de GFP fue mayor en las plantas HC-Pro que en las plantas silvestres de *N. benthamiana*. Estos resultados son prometedores y ofrecen una visión de las posibles aplicaciones de los clones infectivos de ToCV. Sin embargo, también ponen de manifiesto los retos inherentes al estudio de los miembros de la familia *Closteroviridae*, caracterizados por sus complejas organizaciones genómicas y estrategias de expresión.

Financiado por: Ministerio de Ciencia e Innovación / FEDER (PID2019-105734RB-I00/AEI/10.13039/501100011033)



P.142. Análisis Transcriptómico Y Mediante Microscopia Del Proceso De Infección De *Monilinia* Spp. En Flores De Nectarino

Maria Villarino¹, Francisco Borja Cuevas², Elena Requena¹, Silvia Rodriguez-Pires³, Eduardo Antonio Espeso³, Javier Veloso⁴, Paloma Melgarejo¹, Antonieta De Cal¹

¹ INIA-CSIC

² Instituto de Investigación en Agrobiotecnología (CIALE), Universidad de Salamanca

³ CIB Margarita Salas-CSIC

⁴ Universidade de Santiago de Compostela

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: infección, colonización, hifas, estadio fenológico, expresión diferencial

Resumen:

La enfermedad de la podredumbre parda de frutales de hueso está causada principalmente por *Monilinia fructicola* y *M. laxa* en el Valle del Ebro. *Monilinia* spp. son hongos fitopatógenos necrótrofos que colonizan el tejido del fruto tras su penetración causando el colapso del protoplasma del fruto. Se han llevado a cabo estudios a nivel transcripcional y mediante microscopia para profundizar en el proceso de infección en el estado fenológico de flor del huésped.

En este trabajo se analiza la interacción del patógeno al entrar en contacto con la flor de nectarino, mediante inoculaciones sobre pétalos con una cepa fluorescente (GFP) de *M. fructicola* y su posterior visualización por microscopia confocal a diferentes tiempos de incubación (0h-72hpi). Para el análisis transcriptómico se llevaron a cabo inoculaciones con una cepa de *M. laxa*, cuyo genoma fue previamente secuenciado, sobre pétalos y su posterior análisis de RNA-seq a diferentes tiempos.

En la etapa floral, se observó maceración del tejido en la superficie del pétalo a las 48 hpi. A nivel microscópico se observa el inicio de germinación a las 24hpi y un desarrollo de las hifas a las 48h, colonizando el resto del tejido del pétalo a las 72hpi de forma superficial a nivel de epidermis sin observar penetración en el parénquima del pétalo.

A nivel transcripcional, existe un aumento de la expresión de los genes a medida que aumenta el tiempo de incubación. En las primeras horas de incubación (0-6h), se recogen menos número de genes expresados en las conidias, Posteriormente hay un aumento de la expresión en los rangos 14h-24h y 48-72h, presentando la misma cantidad de genes en cada rango. Los niveles de expresión más altos (TPMs) se presentan de forma constante a lo largo del tiempo en los genes estructurales.

Mediante el análisis de expresión génica diferencial y análisis de microscopia se busca determinar las estrategias específicas utilizadas por el patógeno en momentos concretos de la infección.

Financiado por: PID2020-115702RB-C21



P.143. Mejora de la eficiencia del sistema CRISPR/Cas9 en el hongo fitopatógeno *Penicillium digitatum*

Carolina Ropero-Pérez¹, Jose F. Marcos¹, Paloma Manzanares¹, Sandra Garrigues¹

¹ Instituto de Agroquímica y Tecnología de Alimentos IATA-CSIC. Paterna.

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: Hongos filamentosos, hongos fitopatógenos, modificación genética, CRISPR/Cas, vector de expresión episomal, *Penicillium digitatum*

Resumen:

Penicillium digitatum es el hongo fitopatógeno causante de la podredumbre verde de los cítricos, generando graves pérdidas económicas a nivel mundial. Dada su relevancia económica, se están invirtiendo grandes esfuerzos en desarrollar herramientas de ingeniería genética que permitan manipular este hongo para caracterizar los mecanismos genéticos y moleculares involucrados en su patogenicidad, virulencia y resistencia a compuestos antifúngicos, entre otros. La tecnología CRISPR/Cas9 es una excelente herramienta de edición genética por su eficiencia, precisión y versatilidad, aunque su implementación en hongos filamentosos, especialmente del género *Penicillium*, no es sencilla. Nuestro grupo ha conseguido adaptar la tecnología CRISPR/Cas9 tanto en *P. digitatum* como en el fitopatógeno de frutos de pepita *Penicillium expansum* mediante la utilización de plásmidos AMA-1 autorreplicativos que permiten la edición de genes sin la inserción de marcadores de selección. Sin embargo, la eficiencia resultante (10-12%) limitaba su aplicación. En este estudio, el objetivo fue mejorar la eficiencia de la edición genómica mediada por CRISPR/Cas9 en *P. digitatum*.

El aumento del tiempo de cultivo de las cepas transformantes en medio mínimo de crecimiento junto con un aumento del número de pases en medio selectivo mejoró significativamente la eficiencia de edición génica en *P. digitatum*. Para validar esta metodología, disrupimos cinco genes independientes seleccionados en base a estudios previos de expresión génica cuyo objetivo era dilucidar la respuesta transcriptómica de *P. digitatum* frente a la proteína antifúngica PdAfpB. La disrupción de dos de estos genes conllevó cambios fenotípicos visuales asociados a la ruta de síntesis de melanina (PDIG_53730, *pkpP* y PDIG_54100, *arp2*), lo que permitió iniciar la optimización del protocolo de forma sencilla. Los otros tres genes (PDIG_56860; PDIG_33760, *hfbA*; PDIG_68680, *dfg5*) no tenían fenotipo visual asociado, de modo que su disrupción permitió confirmar la aplicabilidad y eficiencia del protocolo de transformación y selección de mutantes editados. En conclusión, la modificación de la metodología de selección de los transformantes incrementó la eficiencia de la edición genética en *P. digitatum* del 10% inicial a un 54-83%, demostrando la practicidad del sistema CRISPR/Cas9 para la manipulación genética eficiente de este hongo. Además, el enfoque descrito en este estudio permitiría aumentar la eficiencia de edición génica en otras especies de hongos económicamente relevantes para las cuales la eficiencia de CRISPR/Cas9 es todavía baja.

Financiado por: Programa de Excelencia Severo Ochoa CEX2021-001189-S, proyecto de Generación de Conocimiento PID2021-125858OB-100, Programa Juan de la Cierva



Incorporación IJC2020-042749-I (MCIN/AEI/10.13039/501100011033, “ERDF A way of making Europe”, NextGenerationEU/PRTR), contrato predoctoral ACIF/2021/364 (Conselleria d'Educació, Generalitat Valenciana).

P.144. Morfogénesis y toxicidad: función dual de la luz en la fisiología de *Botrytis cinerea*

Vlad Paul Mihaila Novac¹, Virginia Casado del Castillo¹, Alessandro Gabrielli García¹, José María García Fernández¹, José María Díaz Mínguez¹, Ernesto Pérez Benito¹

¹ CIALE, Villamayor, Salamanca

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: *Botrytis cinerea*, Podredumbre gris, BSA, Patogenicidad, Factor de transcripción, respuesta a la luz.

Resumen:

Botrytis cinerea es considerado el segundo hongo fitopatógeno más importante a nivel mundial debido al impacto económico de las enfermedades que causa, entre ellas la podredumbre gris sobre la vid, y al interés que atrae como sistema modelo del estilo de vida necrotrofo. La especie muestra una plasticidad genética muy notable y sus poblaciones naturales se caracterizan por una enorme diversidad fenotípica y genética. Esta diversidad, junto con su amplio rango de huéspedes y su extrema capacidad de multiplicación y dispersión determinan que su control en el campo resulte un desafío. Mejorar las estrategias de gestión exige profundizar en la caracterización genética de los patosistemas en los que está involucrado, con el objetivo de identificar posibles dianas de intervención.

El análisis de las poblaciones naturales de *Botrytis* en viñedos de Castilla y León ha permitido constatar la gran diversidad intraespecífica existente en las mismas. La cepa Bc116, identificada en estos muestreos, presenta un fenotipo característico. A diferencia de las cepas de tipo silvestre, cuya conidiación y formación de esclerocios son procesos dependientes de la luz, Bc116 ha perdido su capacidad de responder a luz y esporula profusamente, y de forma muy temprana, en todos los regímenes lumínicos y nunca produce esclerocios. Además, muestra una reducción muy notable en su capacidad de infectar y colonizar los tejidos vegetales, pero solo en condiciones de iluminación permanente o de fotoperiodo. En oscuridad permanente, Bc116 muestra fenotipo silvestre de agresividad, indicando que el estímulo luminoso en sí mismo resulta dañino.

El análisis genético en la descendencia de cruzamientos contralados indica que estos caracteres están controlados por un único gen. El análisis de segregantes agrupados (BSA) a escala genómica con polimorfismos de tipo SNP ha permitido mapear la mutación en una región de 200 kb en el cromosoma 14. En la misma se localizan varios genes candidato, entre ellos Bcltf1 (Light Transcription Factor 1), codificador de un factor de transcripción de tipo GATA que responde a la luz, el cual presenta una delección de 1kb que afecta a la región promotora y primeros



nucleótidos de la región codificante del gen. La complementación funcional mediante transformación con la copia silvestre de Bclt1 demuestra que su alteración es la responsable de los fenotipos observados en Bc116. El análisis de Bclt1 y su regulación ayudará a comprender la interacción de *B. cinerea* con su huésped en condiciones naturales.

Financiado por: Este trabajo ha sido financiado por los proyectos PID2019-110605RB-100 y PID2022-139876NB-I00 (MCIN/AEI/ 10.13039/501100011033). VPM es beneficiario de una beca FPI (proyecto PID2022-139876NB-I00). AGG es beneficiario de una beca como investigador predoctoral de la Junta de Castilla y León (Convocatoria 2022).

P.145. Análisis genético de nuevos mutantes naturales no agresivos de *Botrytis cinerea*

Alessandro Gabrielli García¹, Vlad Paul Mihaila Novac¹, José María García Fernández¹, Virginia Casado del Castillo¹, José María Díaz Mínguez¹, Ernesto Pérez Benito¹

¹ Instituto de Investigación en Agrobiotecnología (CIALE), Calle del Duero, 12 37185 Villamayor (Salamanca). Universidad de Salamanca.

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: *Botrytis cinerea*, ARN de doble cadena, ARN de interferencia, *Vitis vinifera*, Podredumbre gris, Análisis de Segregantes Agrupados

Resumen:

Uno de los principales patógenos de la vid es el hongo necrotrofo *Botrytis cinerea*, agente causal de la enfermedad conocida como podredumbre gris. Se trata de una especie ampliamente extendida y capaz de infectar un gran número de huéspedes de elevado interés agronómico. Dado su impacto económico *B. cinerea* es considerado como uno de los principales hongos fitopatógenos a nivel mundial. En la agricultura actual, es de vital importancia reducir el uso de productos agroquímicos tales como fungicidas, principal método de control del patógeno, y buscar alternativas válidas. Su desarrollo se basa en un conocimiento detallado de los patosistemas en los que participa y en la caracterización de factores esenciales para que el patógeno complete su ciclo de vida en interacción con el huésped. Una alternativa atractiva es el uso del ARN de interferencia (ARNi), basada en la utilización de ARN de doble cadena (ARNds) complementario de una diana específica del patógeno y esencial en el ciclo de infección del mismo, cuya aplicación determinará el silenciamiento del gen diana limitando la infección.

El primer paso es la identificación de genes que participan en la determinación de la capacidad del patógeno para infectar los tejidos vegetales. En este contexto se enmarcan los esfuerzos de nuestro grupo para identificar y caracterizar variantes naturales no agresivas de *B. cinerea*, asumiendo que estos mutantes naturales permitirán identificar factores de patogenidad esenciales. Los aislados Bc1 y Bc9 forman parte de la colección de aislados alterados en patogenidad purificados en el curso del análisis de la variación natural de las poblaciones de *B. cinerea* en los viñedos de Castilla y León que realiza nuestro grupo. Bc1 es una cepa no agresiva,



de morfotipo micelial, que no esporula y que no produce esclerocios. Bc9 muestra agresividad reducida en judía y es incapaz de infectar vid. Bc9 sí produce macroconidios.

Para determinar la base genética de estas alteraciones fenotípicas se han realizado cruzamientos con cepas sexualmente compatibles y agresivas. En ambos casos, el fenotipo de alteración de patogenicidad ha mostrado una segregación 1:1, indicativa de una alteración en un único gen. Se ha comprobado que la cepa Bc1 está alterada en el gen Bcin04g03490 y que forma parte del grupo de mutantes naturales deficientes en este factor de transcripción descrito previamente por nuestro grupo. La identificación del gen alterado en Bc9 se encuentra en curso aplicando una estrategia basada en el análisis de segregantes agrupados.

Financiado por: Este trabajo ha sido financiado por los proyectos PID2019-110605RB-100 y PID2022-139876NB-I00 (MCIN/AEI/ 10.13039/501100011033). VPM es beneficiario de una beca FPI (proyecto PID2022-139876NB-I00). AGG es beneficiario de una beca como investigador predoctoral de la Junta de Castilla y León (Convocatoria 2022).

P.146. Efectos de *Dactylonectria macrodidyma* en el microbioma de la rizosfera y endosfera de la vid

Catarina Leal¹, Maria Julia Carbone², Ales Eichmeier³, Tomas Kiss³, Dorota Tekielska³, Rebeca Bujanda¹, David Gramaje¹

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, 26071 Logroño, Spain

2 Departamento de Protección Vegetal, Facultad de Agronomía, Universidad de la República, Avenida Garzón 780, 12900 Montevideo, Uruguay

3 Mendel University in Brno, Faculty of Horticulture, Mendeleum - Institute of Genetics, Valticka 334, 69144 Lednice, Czech Republic

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: Diversidad microbiana, Interacción planta-microbioma, Microbioma fúngico, PCR digital, Pie Negro, Secuenciación masiva, Vitis vinifera

Resumen:

El pie negro es una enfermedad causada por varias formas asexuales del tipo *Cylindrocarpon*, incluida la especie *Dactylonectria macrodidyma*, ampliamente distribuida en todo el mundo. En este estudio, investigamos la composición y la interacción del microbioma fúngico de la rizosfera y la endosfera de plantas de vid injertadas e inoculadas con *D. macrodidyma* en dos tipos de suelo, arenoso y arcilloso. La composición de la microbiota fúngica y la abundancia de *D. macrodidyma* se evaluaron mediante secuenciación masiva de amplicones ITS2 y PCR digital en gotas, respectivamente. Se tomaron muestras de los tejidos radicales y del suelo de la rizosfera asociado a cada planta a los 0 (t0), 3 (t1), 9 (t2) y 16 (t3) meses después de la inoculación con *D. macrodidyma*. La inoculación del patógeno no afectó la riqueza de especies, la diversidad ni la estructura de la comunidad. Las métricas de diversidad beta no revelaron comunidades fúngicas claramente agrupadas y estructuradas entre plantas inoculadas y no inoculadas con *D.*



macrodidyma. En ambos compartimentos de la planta, los mapas de correlación mostraron que el género patógeno *Ilyonectria* presentaba una correlación positiva con *Dactylonectria*, mientras que los géneros de micorrizas arbusculares *Glomus* y *Rhizophagus*, así como el género *Trichoderma*, presentaban una correlación negativa con el patógeno. Las abundancias de *Dactylonectria* y *Trichoderma* mostraron una tendencia similar en los tejidos radiculares en ambos tipos de suelo. Estos hallazgos tienen importantes implicaciones para futuros estudios sobre las interacciones vid/patógeno/microbioma.

P.147. MultispeQ como herramienta asequible para analizar la respuesta fisiológica de guisantes frente a *Aphanomyces euteiches*

Sara Rodríguez-Mena¹, Diego Rubiales¹, José Antonio Jiménez-Berni¹, Mario González¹

¹ Instituto de Agricultura Sostenible-CSIC-Córdoba

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: fotosíntesis, *Pisum*, podredumbre radical, resistencia

Resumen:

Aphanomyces euteiches es uno de los patógenos más devastadores para la producción de guisantes a nivel mundial. Aunque existen diversos métodos para controlar este patógeno, el desarrollo de variedades resistentes ha mostrado ser la estrategia más prometedora. Sin embargo, los métodos tradicionales de selección masiva se basan en el fenotipado radical, lo que implica la destrucción del material vegetal. Por ello, otros métodos de evaluación no destructivos como la evaluación de la sintomatología aérea se han desarrollado en los últimos años, aunque, a menudo no reflejan con precisión la verdadera resistencia de los genotipos o no permiten una detección precoz de la enfermedad. En este contexto, el uso de herramientas de medidas foliares, que permiten detectar síntomas en base a cambios en la fisiología de la planta, puede resultar de gran utilidad. Un ejemplo es el dispositivo MultispeQ (PhotosynQ, MI, USA), que permite obtener información detallada sobre diferentes parámetros fotosintéticos, incluyendo la eficiencia del fotosistema II, el contenido de clorofila y temperatura de la hoja.

Para evaluar la capacidad del MultispeQ para detectar los cambios en la respuesta fisiológica de guisantes frente a *A. euteiches*, se sembraron semillas de 9 genotipos de guisante con diferentes grados de susceptibilidad. Pasados 10 días, las plantas se inocularon con una solución de esporas de 4 aislados de *A. euteiches*. Se monitorizaron los parámetros fotosintéticos utilizando el dispositivo MultispeQ en dos hojas de todas las plantas en el día previo a la inoculación y a los 1, 3, 7, 11, 16, 21, 26 y 30 días después de la inoculación.

Los resultados mostraron diferencias significativas en los parámetros fotosintéticos PhiNPQ, PhiNO, Phi2 y FvP/FmP entre los genotipos susceptibles y resistentes. A partir de los días 11 y 16 post-inoculación, los genotipos susceptibles presentaron un incremento en PhiNPQ, sugiriendo una disipación controlada del exceso de energía lumínica, y una disminución en PhiNO, Phi2 y



FvP/FmP en los genotipos susceptibles, reflejando una reducción en la eficiencia fotosintética del fotosistema II y un aumento en la fotoinhibición. Por el contrario, los genotipos resistentes no mostraron diferencias significativas en estos parámetros respecto a los controles no inoculados, demostrando una mayor tolerancia al patógeno.

Por ello, la facilidad de uso y el coste de MultispeQ lo convierten en una herramienta muy interesante para la detección temprana de la enfermedad, así como la obtención de valores objetivos asociados a la resistencia o susceptibilidad de diferentes genotipos.

Financiado por: Este trabajo fue financiado por el proyecto nacional PID2020-114668RB-I00 (MICIU/AEI/10.13039/501100011033) y los proyectos de Horizonte Europa BELIS (101081878) y COUSIN (101135314)

P.148. Differential expression of miRNAs in plants treated with topically applied double-stranded RNAs

Sara Zarrabi^{1,2}, Masoud Shams³, Leonardo Velasco¹

1 Instituto Andaluz de Investigación y Formación Agraria (IFAPA), 29140 Churriana, Málaga

2 Department of Agricultural Biotechnology, Faculty of Agriculture, Tarbiat Modares University (TMU), Tehran, Iran

3 Department of Plant Pathology, Faculty of Agriculture, Tarbiat Modares University (TMU), Tehran, Iran

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: dsRNA, small RNA, miRNA, plant virus, differential expression, novel miRNAs, Nicotiana, Brassica, Cucurbita

Resumen:

To understand disease control by externally applied double-stranded RNAs (dsRNAs) it is necessary to deepen in the research of plant responses. For this purpose, there are different possible approaches, such as the study of the differential expression of plant genes, metabolomic analyses, or the study of small RNAs (sRNAs), etc. In this work, we investigated the differential expression of the sRNAs, and more specifically the micro RNAs (miRNAs), in three plant-virus pathosystems and compared with plants that have been topically treated with dsRNAs. For that, we have considered three plant species, *Nicotiana tabacum*, *Brassica rapa* subsp. *rapa* and *Cucurbita pepo*, and the viruses turnip mosaic virus (TuMV), beet curly top virus (BCTV) and tomato leaf curl New Delhi virus (ToLCNDV). We sampled sets of plants infected with the correspondent viruses, in addition to other sets that were kept free of diseases as a reference, and a third type of sets that were treated topically with dsRNAs. Total RNAs were extracted from the samples, and the small RNA fractions were used for obtaining the cDNA libraries and sequenced by the Illumina platform. The reads were processed and trimmed from the low-quality ones and the adapters and the range 18-34 nt of sRNA lengths was selected for the analyses. In the samples that were infected by viruses, we identified 18-24 nt vsiRNAs that aligned to the corresponding virus genomes. Besides, on those plants that were treated with the dsRNAs, we could detect



vsRNAs that aligned only to the regions and segments of the virus genomes that were selected for the preparation of the dsRNA-producing constructs. The types, terminal ends, and classes of the vsRNAs were investigated and compared between virus-infected and dsRNA-treated plants. Further, the sets of samples were compared for differential expression of the miRNAs. For that, the sRNAtoolbox web server was used to investigate and analyze the sRNA reads (Aparicio-Puerta et al., 2022). The sRNAbench tool in the platform allowed the identification of miRNAs and other sRNA types in the different samples. The results from the sRNade tool showed that the samples could be separated in heatmaps of differentially expressed miRNAs depending on the type of sample, no matter the pathosystem. Thus, plants treated with dsRNAs elicited specific responses in terms of miRNA overexpression and under expression. Besides, in the case of *B. rapa*, we could identify candidate novel miRNAs.

Financiado por: Acknowledgements: This work was funded by grant PID2021-125787OR-C32 from the Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades (MICIU). S. Zarrabi acknowledges the Ministry of Science, Research and Technology of Iran for a visitor scientist grant.

P.149. Buscando una aguja en un pajar: Detección y cuantificación de la cepa *Bacillus amyloliquefaciens* AH2 formulada en el producto Botrybel desarrollado por Probelte SAU

M. Mercedes Maldonado González¹, María Sánchez García¹, Laura Martínez Pozuelo¹, Pablo López Navarro¹, María Pérez Guirao¹, Jorge Malo López-Román¹, Antonio Bernal Soro¹

¹ PROBELTE SAU, Murcia

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: *Bacillus amyloliquefaciens*, qPCR, TaqMan

Resumen:

Bacillus amyloliquefaciens AH2 es una cepa exclusiva de Probelte con la que se lleva trabajando desde 2007, año en el que se depositó en la colección española de cultivos tipo (CECT).

Pósteriormente, se desarrolló una patente y la cepa fue aprobada como sustancia activa de bajo riesgo por la UE. Actualmente la cepa AH2 está formulada en el producto Botrybel, fungicida de amplio espectro en formato de suspensión concentrada (SC) con al menos 1 x 10⁸ ufc/ml que se aplica mediante pulverización en la parte aérea de los cultivos.

El objetivo de este estudio se centró en lograr hacer un seguimiento de Botrybel, mediante la detección y cuantificación de la cepa AH2, aplicado de manera foliar en dos experimentos llevados a cabo en campos de fresa en Huelva. Para ello, primero se desarrollaron cebadores específicos basados en el gen de AH2_00666 y una sonda TaqMan para así detectar y cuantificar el ADN purificado de AH2 mediante PCR cuantitativa (qPCR). Además, se analizó la



especificidad de los cebadores y la sonda usando otras especies de *Bacillus* y otros géneros bacterianos. En los dos ensayos de campo, se aplicaron 3 dosis de Botrybel, 0,5, 1 y 2 Kg/ha, semanalmente y se tomaron muestras de hoja y fresa justo antes de cada aplicación.

Los resultados mostraron la especificidad de los cebadores y la sonda, la detección de AH2 en campo y un aumento de la cepa en cuanto a cuantificación a medida que las dosis eran más altas en los dos tejidos vegetales analizados. Estos resultados permitirán usar esta técnica para comprobar que la cepa AH2 del producto Botrybel se encuentra en los cultivos tras su aplicación y nos permitirá comprobar la permanencia de este *Bacillus* a lo largo del tiempo.

P.150. Caracterización metabólica del aislado B116 de *Botrytis cinerea*: superproducción de sesquiterpenos del tipo (ζ)-4-epi-eremofilenoles

Nuria Cabrera Gómez¹, Virginia Casado del Castillo², Ernesto Pérez Benito², Josefina Aleu Casatejada¹, Isidro González Collado¹

1 Facultad de Ciencias, Puerto Real

2 CIALE, Villamayor

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: *Botrytis cinerea*, 4-epieremofilenoles, metabólica

Resumen:

Botrytis cinerea es un hongo filamentoso que afecta a multitud de especies de plantas, la mayoría de ellas de gran importancia en horticultura, como la fresa o la vid. Dada su dualidad de actuación como saprófito y parásito necrótrofo, ocasiona grandes pérdidas económicas en el sector agrícola. Por ello, resulta de gran interés desarrollar nuevos fungicidas que aborden tres desafíos principales: ser respetuosos con el medioambiente, carecer de efectos nocivos para el ser humano y superar la resistencia que este hongo ha adquirido a los fungicidas existentes.

Adicionalmente, se han encontrado aislados de *B. cinerea* que portan características diferentes a las cepas de referencia de dicha especie. La importancia del estudio de estos aislados reside en la posibilidad de ampliar el conocimiento sobre la diversidad de este hongo, evaluar sus posibles diferencias desde el punto de vista metabólico (entre otros) o comprender mejor su capacidad de adaptación, lo que podría resultar útil en el diseño de estrategias más eficaces contra el mismo.

En un reciente estudio del Dr. Acosta Morel y colaboradores (2021), se describen en profundidad numerosos aislados no patógenos de *B. cinerea* de la región de Castilla y León. Entre ellos, destaca B116, un aislado ciego incapaz de formar esclerocios pero que esporula profusamente.

El estudio metabólico de este aislado ha revelado la producción de una amplia gama de compuestos pertenecientes a la familia de los (+)-4-epi-eremofilenoles. Estos compuestos, debido a su estructura química, podrían presentar potenciales implicaciones en la modulación del sistema inmunitario de las plantas que infectan, ya que son enantiómeros de la fitoalexina capsidiol. La caracterización detallada de estos metabolitos sugiere que podrían jugar un papel crucial en las



interacciones planta-patógeno, posiblemente facilitando la infección al alterar las respuestas inmunitarias de la planta huésped.

Estos compuestos se obtienen normalmente en cepas de referencia de *B. cinerea* bajo condiciones muy específicas de fermentación, en concreto, en medio Czapek-Dox suplementado con cobre y a 28 días. Sin embargo, es de destacar la capacidad de B116 para producir una gran variedad de estos sesquiterpenos sin necesidad de sales de cobre y desde los 7 días de fermentación, lo que abre nuevas vías para comprender los mecanismos de patogenicidad y defensa en las relaciones planta-patógeno.

Financiado por: Proyecto PID2021-122899OB-C21 financiado por MICIU/AEI/10.13039/501100011033 y por FEDER/EU.

P.151. Análisis de transcriptómica diferencial de cepas de *Xanthomonas* en distintas condiciones nutricionales

Pilar Sabuquillo Castrillo¹, Cristian Portillo García¹, Jaime Cubero Dabrio¹

¹ Laboratorio de Bacteriología. Dpto Protección Vegetal. INIA-CSIC. Madrid

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: *Xanthomonas*, transcriptómica, apoplasto, plantas leñosas

Resumen:

Las condiciones agroclimáticas, prácticas de cultivo y la susceptibilidad del huésped son algunos factores que influyen en el establecimiento y desarrollo de las enfermedades producidas por agentes patógenos. Dichos factores pueden afectar a los patrones de expresión génica bacteriana y a su comportamiento.

Para evaluar en profundidad la variación de los patrones de expresión génica bacteriana en distintas circunstancias, se ha recurrido a análisis de transcriptómica, comparando, en diferentes *Xanthomonas*, condiciones similares al apoplasto, una situación con una baja concentración de nutrientes, frente a un entorno con una alta concentración de nutrientes.

Mediante el empleo de la plataforma web de software libre, Galaxy Europa, que compila las herramientas bioinformáticas necesarias para el estudio de los genes transcritos, se ha procedido a estudiar y comparar la expresión génica en distintas cepas patógenas de *Xanthomonas*. Con las lecturas obtenidas en la secuenciación del RNA, del total de genes identificados, entre el 41% y 24%, según la cepa, resultaron ser genes que se expresaron significativamente mayor en medio nutritivo frente al medio que simula el apoplasto. Además, dependiendo de la cepa, se observó también un mayor número de genes reprimidos que sobreexpresados en condiciones diferentes al apoplasto.

El análisis mediante diagramas de Venn ha permitido visualizar claramente las diferencias entre



las distintas cepas a nivel genético tratando de establecer así las causas de los distintos comportamientos de ellas en las plantas huésped.

Financiado por: Proyecto PID2021-123600OR financiado por MICIU / AEI /10.13039/501100011033/ y por FEDER Una manera de hacer Europa

P.152. Evaluación de efectores necrotróficos de *Monilinia fructicola* en la biosíntesis de etileno en nectarinas.

Anselmo López Sánchez-Ortiz¹, Núria Vall-Ila¹, Carla Casals¹, María Gómez¹, Rosario Torres¹

¹ IRTA Fruitcentre, Lérida

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: NEP-1, ACSs, ACOs, ERFs, agroinfiltración, *Prunus persica*, muerte celular, necrosis, postcosecha.

Resumen:

Actualmente, la podredumbre parda, causada por los hongos filamentosos del género *Monilinia*, es una de las enfermedades más importantes que afectan a la fruta de hueso. *Monilinia* spp. es un patógeno necrotrófico de fruta, cuyo ciclo de vida se completa mediante la obtención de nutrientes de células muertas gracias a la producción de efectores necrotróficos. El reconocimiento de estos efectores, que depende en gran medida del genotipo del huésped, lleva al desarrollo de la enfermedad. Por otro lado, se sabe que durante la interacción huésped-patógeno, se produce una alteración en la producción de etileno por ambas partes, especialmente con hongos necrotróficos. El objetivo de este estudio es estudiar la capacidad de ciertos genes efectores de *Monilinia fructicola* para producir muerte celular, y su papel en la producción de etileno y la modulación de su ruta de biosíntesis en nectarinas infiltradas con los efectores. Para ello, se evaluaron 4 genes efectores de *M. fructicola*, cuya capacidad de inducir muerte celular ha sido previamente demostrada en hojas de *Prunus* spp. En primer lugar, se cosecharon nectarinas de la variedad “Tiffany” a dos estados de madurez (15 días antes de cosecha y a cosecha comercial); a continuación, se agroinfiltraron los efectores utilizando el vector TRV (Tobacco Rattle Virus) modificado, y se midió la producción de etileno de la fruta diariamente durante su periodo de vida útil. Finalmente, se congeló el tejido infiltrado, para posteriormente llevar a cabo, tanto de la fruta control como infiltrada, el análisis de expresión génica de los genes claves de la ruta de biosíntesis y respuesta al etileno de la fruta: ACSs, ACOs y ERFs. Los resultados obtenidos revelan que, a pesar de no encontrar claras diferencias en cuanto a la inducción de muerte celular en los frutos agroinfiltrados, sí que se pudieron observar diferencias significativas en la producción de etileno con 2 de los genes evaluados: MFRU_014g02060 (MfNEP-1) y MFRU_030g00190, con respecto al control, tanto en fruta inmadura como en madura. Estas diferencias se apreciaron principalmente en el momento de máxima producción de etileno (14 días para la fruta inmadura y 8 para la madura). Estos resultados indican que se produce un aumento en la producción de



etileno por parte del huésped como respuesta a la interacción con algunos efectores de *Monilinia*. Esta respuesta no se ve con todos los efectores, por tanto, esta metodología podría servir como base para comprender cómo sucede esa interacción efector-huésped y conocer qué vías están implicadas y qué regiones del genoma confieren susceptibilidad al patógeno.

Financiado por: Financiado por PID2020-115702RB-C22/AEI/10.13039/501100011033, un contrato predoctoral IRTA (A. L. S-O), y Programa CERCA, ayuda 2021 SGR-01477, Generalitat de Catalunya. Agradecimiento: Dra. L. Vilanova y Dr. J. van Kan por el diseño de los vectores.

P.153. Implicación del T6SS de *Pseudomonas chlororaphis* aisladas de aguacate en la competitividad bacteriana

Rafael Villar Moreno¹, Antonio de Vicente¹, Patricia Bernal Guzmán², Francisco M. Cazorla López¹, Eva Arrebola¹

¹ Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias, Universidad de Málaga. Instituto de Fruticultura Subtropical y Mediterránea La Mayora, IHSM-UMA-CSIC, Málaga Málaga

² Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias, Universidad de Sevilla, Sevilla

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: *Pseudomonas chlororaphis*, T6SS, Competitividad bacteriana, Interacción bacteriana, control biológico

Resumen:

La rizosfera de las plantas es un hábitat complejo en el que se producen multitud de interacciones entre los microorganismos que forman parte de su microbioma, siendo la competitividad de gran importancia para la supervivencia y el establecimiento en dicho hábitat. Entre los diferentes mecanismos de competitividad bacteriana se encuentra el sistema de secreción de tipo 6 (T6SS), una jeringa molecular presente en bacterias Gram negativas que permite la secreción de diferentes tipos de efectores, que, en bacterias beneficiosas, suelen presentar actividades relacionadas con la competitividad frente a otras bacterias tanto beneficiosas como fitopatógenas, y que en última instancia y por diferentes mecanismos provocan la muerte de la célula competidora. Desde la rizosfera de árboles de aguacate se aislaron diferentes bacterias beneficiosas con propiedades PGP (promotoras del crecimiento) entre las cuales se seleccionaron 3 *Pseudomonas chlororaphis*: *P. chlororaphis* PCL1606, *P. chlororaphis* PCL1601 y *P. chlororaphis* subsp. *piscium* PCL1607 cuyos genomas fueron secuenciados. Mediante estudios *in silico* se detectaron clústeres codificantes de T6SS en las tres cepas de estudio, lo cuales fueron localizados y analizados filogenéticamente. Además, para comprobar su funcionalidad, se obtuvieron mutantes defectivos por inserción de los que se analizaron su actividad en comparación con las cepas silvestres empleando la bacteria *Escherichia coli* como “presa” modelo. Una vez evaluada su funcionalidad, se determinó la implicación de los distintos T6SS en la competitividad entre las tres cepas de la misma especie (*P. chlororaphis*). Por último, se determinó la implicación de los T6SS como potencial mecanismo de control biológico mediante la evaluación de la competitividad de las tres cepas de estudio frente a bacterias fitopatógenas, tales como



Xanthomonas campestris pv. *campestris*, *Pseudomonas syringae* pv. *syringae* UMAF0158, *Agrobacterium tumefaciens* C57 y *Pectobacterium carotovorum* CECT225.

Financiado por: Ministerio de Ciencias e Innovación PID2021-123713OB-I00

P.154. Un consorcio microbiano de biocontrol presenta efectos beneficiosos frente a estrés por altas temperaturas

Sandra Tienda¹, José Antonio Gutiérrez-Barranquero¹, Rafael Villar-Moreno¹, Antonio de Vicente¹, Francisco Manuel Cazorla¹

1 Universidad de Málaga, Málaga

2 Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea La Mayora IHSM-UMA-CSIC

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: *Pseudomonas*, consorcio, estrés abiótico, colonización, aguacate, tomate, rizobacterias

Resumen:

La microbiota radicular desempeña un papel crucial en la salud y rendimiento de las plantas. El uso de consorcios microbianos se considera una herramienta muy útil para estudiar las interacciones microbianas en la rizosfera, y para mejorar el efecto beneficioso de las cepas individuales sobre las plantas. En este trabajo se construyó un consorcio de 3 cepas beneficiosas de *Pseudomonas* previamente aisladas de la rizosfera del aguacate. El consorcio está compuesto por dos cepas de *P. chlororaphis* (PCL1601 y PCL1606), y una cepa de *P. alcaligenes* AVO110, todas ellas colonizadoras eficientes de la raíz de plantas de aguacate y tomate, y con actividad de control biológico frente a hongos fitopatógenos transmitidos por el suelo. Se demostró que estas tres cepas eran compatibles entre sí y alcanzaron niveles estables tanto en medio líquido como en raíces de plantas de aguacate y tomate. Se observó con cepas marcadas con fluorescencia de distintos colores, que las tres cepas eran capaces de formar redes de biopelículas mixtas en ensayos *in vitro* relacionados con la colonización, sin exclusión de ninguna de las cepas. Además, se observó bajo microscopia confocal patrones de colonización bacteriana compatibles entre las tres cepas y que compartían el mismo hábitat radicular, con altos rasgos de supervivencia en raíces de aguacate y tomate. Los resultados mostraron que este consorcio bacteriano no incrementa la protección de la planta frente a hongos fitopatógenos transmitidos por el suelo con respecto a la protección mostrada por las cepas individuales. Sin embargo, las inoculaciones del consorcio en plantas sometidas a estrés abióticos (sequía, salinidad y temperatura) mostraron un mejor rendimiento específico en plantas de tomate sometidas a estrés por altas temperaturas, mejorando así el rendimiento potencial de las cepas individuales, lo que indica efectos secundarios beneficiosos de este consorcio en esta planta sometida a un estrés abiótico específico.

Financiado por: Ministerio de Ciencia e Innovación, PID2021-123713OB-I00



P.155. Identification and examination of the RNA2-encoded cleavage sites of fabaviruses

Nicolás González-Calero Totoki¹, Natanael Espaillat Concepción¹, Juan José López-Moya², Inmaculada Ferriol¹

¹ Instituto de Ciencias Agrarias, ICA-CSIC

² Centre de Recerca en Agrigenòmica, CRAG-CSIC-IRTA-UAB-UB

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: Fabavirus, cleavage sites, *Secoviridae*, plant virus, proteolytic processing

Resumen:

The family *Secoviridae* is composed of nine genera of icosahedral viruses with positive-sense single-stranded RNA genomes. Seven of the genera have bipartite genomes (Comovirus, Fabavirus, Nepovirus, Cheravirus, Sadwavirus, Torradovirus and Stralarivirus) and the other two genera have monopartite genomes (Sequivirus and Waikavirus). Most known members of the family infect dicotyledonous plants and are transmitted by insects or nematodes. Their genome expression strategy includes polyproteins that are processed by a 3C-like protease. In some members of the family, the presence of a Histidine (His=H) residue in the protease substrate binding pocket indicates that the cleavage site is located after a Glutamine (Gln=Q) at position -1.

The proteolytic processing strategy in the genus *Fabavirus* has been little studied. In this work, we identified the cleavage sites of the polyprotein encoded in the RNA2 of the genome of broad bean wilt virus 1 (BBWV-1). The first six amino acids of the two capsid proteins (large coat protein, LCP and small coat protein, SCP) were sequenced by Edman degradation of the N-terminal end. First, we purified virions from the Spanish isolate Ben and the capsid proteins were separated by SDS-PAGE, transferred to a PVDF membrane and used for N-terminal sequencing.

Our results showed that the residue at position -1 of the cleavage site corresponded to a Gln (Q). Additionally, the genetic variability of the protease substrate binding pocket in RNA1 and the cleavage sites in RNA2 of different isolates of BBWV-1 and other viruses belonging to the genus *Fabavirus* were analyzed. Our results showed that all members of the genus *Fabavirus* present a conserved His (H) in the substrate binding pocket of the RNA1 protease, and that the cleavage site in most members of the genus is conserved and corresponds to a Gln (Q) at position -1. Knowledge of the RNA2 cleavage sites of fabaviruses might enable the development of strategies for biotechnological applications with BBWV-1.

Financiado por: Funds provided by the project PID2019-105692RB-100, Ministry of Science and Innovation, Spain, and by the intramural project of CSIC 202240I189. IF received funding from the Severo Ochoa Program for Centers of Excellence in R&D SEV-2015-0533 and CEX2019-000902-S, and from the FTMA CA759C05B mobility grant. We thank Drs. Luis Rubio and Luis Galipienso for providing the BBWV-1 virus.



P.156. Estudio transcriptómico de la interacción *Penicillium rubens*-tomate

Elena Requena ¹, Javier Veloso ², Eduardo Antonio Espeso³, Inmaculada Larena¹

1 Grupo Hongos Fitopatógenos, Departamento de Protección Vegetal, Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria, Consejo Superior de Investigaciones Científicas (INIA-CSIC)

2 Departamento de Biología Funcional, Escuela Politécnica Superior de Ingeniería, Universidad de Santiago de Compostela

3 Laboratorio de Biología Celular de *Aspergillus*, Departamento de Biología Celular y Molecular, Centro de Investigaciones Biológicas Margarita Salas- CSIC

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: PO212, Biocontrol, S27, *Penicillium rubens*, RNA-Seq, Expresión Diferencial de Genes, modelos génicos

Resumen:

La cepa 212 de *Penicillium rubens* (PO212) es un eficaz agente de control biológico (ACB) que protege cultivos hortícolas frente a varias enfermedades como la marchitez vascular del tomate causada por *Fusarium Oxysporum* f.sp. *lycopersici*. La secuenciación genómica de PO212 y su comparación con el genoma de la cepa S27, carente de capacidad de biocontrol, reveló una alta conservación de secuencia que no explica la capacidad de biocontrol de PO212. Ahora bien, resultados previos mostraron la relación entre la expresión de genes del sistema xilanolítico y la actividad de biocontrol en PO212. Nuestro objetivo fue analizar las diferencias de expresión génica entre PO212 y S27 en presencia y ausencia de planta, mediante el uso de ARN-Seq. A las 24 y 48 horas desde el comienzo de la incubación se tomaron muestras de las conidias de PO212 y S27 en presencia y ausencia de planta, así como muestras de raíces de plantas de tomate en contacto con el hongo. El análisis de estos datos nos ha permitido estudiar los patrones de expresión génica durante la interacción de la planta con el agente de biocontrol. Así mismo, la comparación de los patrones de cada cepa nos identifica los genes expresados diferencialmente tras la interacción con las raíces de las plantas de tomate. Además, los datos transcriptómicos generados de este trabajo suponen un aporte fundamental para la corrección de modelos génicos. Los resultados derivados de la expresión diferencial de genes entre ambas cepas serán discutidos.

Financiado por: Investigación subvencionada por el Proyecto RTA2017-00019-C03-01 de El Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades (MCIU, España) y PID2021-123594OR-C21 de El Ministerio de Ciencia e Innovación (MCIN, España), Agencia Estatal de Investigación (AEI) co-financiado con los fondos FEDER de la Unión Europea. E. Requena recibió una beca de El Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades (España)



P.157. Geminivirus Tomato Leaf Curl New Delhi Virus India (IN) and Spain (ES), two isolates with different host range.

Verónica Pérez Rubio¹, Isabel M Fortes¹, Beatriz Romero Rodríguez¹, Elena Aledo-Esteban¹, Ulises Galvan-Moreno¹, Enrique Moriones¹, Araceli G.Castillo¹

¹ IHSM-La Mayora. Málaga

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: Bipartite begomoviruses, tomato, systemic infection, symptom

Resumen:

Tomato leaf curl New Delhi virus (ToLCNDV) is a bipartite begomovirus (genus Begomovirus, family Geminiviridae) which is transmitted by the whitefly *Bemisia tabaci* (order Hemiptera, family Aleyrodidae) (1). This virus causes devastating damage to multiple cultivated plant species mainly belonging to the Solanaceae and Cucurbitaceae families, and it is accountable for one of the most predominant and economically important diseases in tomato crops in the Indian sub-continent (1). Although, the epidemics of ToLCNDV were initially limited to Asian countries, this geminivirus has rapidly extended its host range and spread to new geographical regions including the western Mediterranean Basin. In 2012 it was first reported in Spain, causing severe infections in cucurbit crops but poorly infecting tomatoes (2).

ToLCNDV genome contains two similar-sized, single-stranded circular DNA genome components (named DNA-A and DNA-B) of approximately 2.7 kb in size. The DNA-A has six open reading frames (ORFs) (named AC1, AC2, AC3, AC4, AV1 and AV2) that encode six proteins involved in virus replication, transcription of viral genes, pathogenesis, and its encapsidation. The DNA-B has two ORFs (BC1 and BV1) that encode two proteins involved in the movement of the virus. Both genome components share a similar sequence named common region, which aid in replication of DNA-B by a DNA-A-encoded replication initiator protein (3).

By using infectious clones of ToLCNDV-Spain (ToLCNDV-ES; unable to induce efficient infections in tomato) and ToLCNDV-India (ToLCNDV-IN; efficiently infects tomato) and their pseudorecombinants forms (exchanging DNA-A and DNA-B from both isolates), we intend to identify mechanisms associated with ToLCNDV-ES restriction to efficiently infect tomato. We have observed that DNA-B component the IN isolate confers the virus the ability to systemically infect tomatoes, while DNA-A component is likely responsible for the symptom development. Additionally, we have confirmed that, unlike bipartite begomoviruses from the New World, ToLCNDV requires the coat protein (CP) to produce a systemic infection.

References:

1. Zaidi et al., Mol. (2016) Plant Pathol. 18, 901-911
2. Fortes et al., 2016. Viruses
3. Padidam et al., (1995), J. Gen. Virol 76, 25-3



Financiado por: This work was supported by the Spanish Ministerio de Economía y Competitividad, cofinanced by the European Regional Development Fund, ERDF, (grant PID2019-107657RB-C21 to E.M., grant PID2022-139376OB-C31 to A.G.C. and FPI fellowship number PRE2020094458 to V.P.R.)

Observaciones:

Acknowledgements and funding: The authors would like to thank Adela Zumaquero, Victoria Motos and Javier Rueda and contributions from all members of the GeminiTeamIHSM

P.158. Selección preliminar de *Bacillus* del almendro como agentes de biocontrol contra hongos patógenos

Lorena Sanz¹, Hongmei Quer-Sopeña¹, Soledad Martos², Jordi Cabrefiga¹, Jordi Luque¹

1 Programa de Protección Vegetal Sostenible, IRTA, Ctra. de Cabrils km 2, 08348 Cabrils, España.

2 Unidad de Fisiología Vegetal, Departamento de Biología Animal, Biología Vegetal y Ecología, Facultad de Biociencias, Universitat Autònoma de Barcelona (UAB), 08193 Bellaterra, España.

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: control biológico, endófito, *Bacillus*, *Colletotrichum godetiae*, *Diaporthe amygdali*, *Prunus amygdalus*

Resumen:

Los hongos patógenos son una amenaza grave y persistente para la producción sostenible de alimentos, entre los que destacamos las almendras, el fruto seco más consumido mundialmente. Aunque los pesticidas químicos son el método de control más utilizado, su uso continuado causa daños medioambientales graves y suponen un riesgo para la salud humana, por lo que el control biológico surge como una alternativa sostenible y necesaria. En este estudio evaluamos el carácter antagonista de 18 cepas de *Bacillus* para ser usados como agentes de biocontrol (ABC) mediante dos bioensayos distintos. Dichas bacterias, pertenecientes a una colección de 1090 morfotipos obtenida de almendros de Cataluña y Valencia, se seleccionaron a partir de ensayos de antagonismo *in vitro* frente a seis hongos patógenos de la familia de las rosáceas. Los 18 aislados seleccionados se identificaron mediante observación morfológica y posterior secuenciación de la región 16S del ADN_r, que coincidió en asignar todos los aislados al género *Bacillus*. Con el fin de comprobar la actividad antagonista observada en placa, se realizaron dos bioensayos, en los que las bacterias se inocularon en manzanas “Golden” y ramas de almendro “Lauranne” frente a dos de los hongos patógenos previamente ensayados en placa, *Colletotrichum godetiae* y *Diaporthe amygdali*. La inhibición del crecimiento de *C. godetiae* se determinó midiendo el diámetro de la necrosis en manzana. Los resultados mostraron que, de los 18 *Bacillus* analizados en manzana, seis redujeron significativamente el crecimiento de *C. godetiae* con respecto al control positivo inoculado con el hongo. Estos seis *Bacillus* fueron después ensayados en ramas cortadas de segundo año de almendro frente al hongo *D. amygdali*, obteniéndose resultados comparables. Se demuestra que este tipo de bioensayos son válidos para mejorar y acelerar el



proceso de selección de candidatos como ABC en sus primeras fases. Los resultados obtenidos sugieren que las bacterias evaluadas podrían ser ABC potenciales, y podrían constituir una alternativa sostenible a los pesticidas químicos en el futuro. Sin embargo, es necesario realizar estudios adicionales de supervivencia de las bacterias en el hospedador, y analizar también su rendimiento en condiciones de campo, para confirmar su eficacia antagonista.

Financiado por: Proyecto PID2020-114648RR-C31 financiado por MICIU/AEI (10.13039/501100011033). Lorena Sanz es beneficiaria de una beca predoctoral (PRE2021-100628) de la AEI.

P.159. Identificación de micovirus en especies de *Fusarium* endófitas de plataneras de Canarias.

Patricia Brito-López¹, María Carmen Cañizares², Raquel Correa-Delgado¹, Federico Laich¹, María Dolores García Pedrajas²

1 Instituto Canario de Investigaciones Agrarias, 38270, San Cristóbal de La Laguna, Tenerife, España.

2 Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea “La Mayora”-Universidad de Málaga-Consejo Superior de Investigaciones Científicas (IHSM-UMA-CSIC), 29750, Algarrobo-Costa, Málaga, España.

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: Micovirus, Hypoviridae, Partitiviridae, Mitoviridae, *Fusarium Oxysporum* f. sp. cubense, plátano, mal de Panamá.

Resumen:

Los micovirus (virus de hongos) se caracterizan por transmitirse esencialmente por vías intracelulares. Por lo tanto, se consideran elementos genéticos intrínsecos de los hongos que pueden proporcionar información relevante sobre sus poblaciones. En algunos casos los micovirus inducen hipovirulencia (virulencia reducida) en especies patógenas, lo que les confiere potencial como agentes de control biológico. Teniendo en cuenta esto, se consideró de interés llevar a cabo una búsqueda sistemática de micovirus sobre una amplia colección de cultivos de *Fusarium* obtenida a partir de platanera en Canarias. Para ello, se seleccionaron 84 fincas con plantas que presentaran síntomas de mal de Panamá (la enfermedad más importante del cultivo en Canarias) en las diferentes zonas agroclimáticas de las principales islas productoras de plátano (Tenerife, La Palma, Gran Canaria, La Gomera y El Hierro). En cada una de las fincas se recolectaron muestras de cormo y pseudotallo de 3 plantas asintomáticas y 3 plantas sintomáticas. Se obtuvieron un total de 933 aislados de *Fusarium*, de los cuales 505 aislados fueron identificados como *Fusarium phialophorum* (= *Fusarium Oxysporum* f. sp. cubense raza subtropical 4), agente causal de la enfermedad, y los 428 aislados restantes como *Fusarium* spp. no patogénicos, pertenecientes a 18 especies diferentes. Para la detección de los micovirus de la colección se utilizó un método basado en la afinidad de las fibras de celulosa por las moléculas de dsRNA. El análisis electroforético de los extractos de celulosa mostró presencia de diversos micovirus en aislados de las especies *F. joanfreemaniae*, *F. crassum*, *F. annulatum* y *F. metavorans*, provenientes de plantas con y sin síntomas de la enfermedad. Cabe destacar que hasta



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

Financiado por: Instituto Canario de Investigaciones Agrarias

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

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

¹ Universidad de Málaga, Málaga, España

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

Tipo Comunicación: PÓSTER

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

Resumen:

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

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



P.161. Combined effect of viral infection and temperature on the gene response of melon and zucchini plants with different levels of temperature tolerance

Celia de Moya Ruiz¹, María Pilar Rabadán², Pedro Gómez López¹

1 CEBAS-CSIC Murcia

2 IDEAGRO Lorquí

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: Heat stress, Temperature, Plant-environment interaction, Plant-viral infection, Plant resilience, Cucurbit crops.

Resumen:

Biotic and abiotic environmental factors shape plant responses. As such the interplay between viral infections and heat stress can trigger specific physiological and metabolic plant responses that lead to gene-specific changes in defense and development. While these plant gene expression patterns have been thoroughly studied under single stress, it remains unclear whether the combination of both stressors could modulate common or exclusive signaling pathways. Here, we examine the effect of watermelon mosaic virus infection and temperature variations (20, 26, and 32°C) on the gene response of two plant species (melon and zucchini), with high- and low-temperature tolerance by differential 3'mRNA-seq approach. Our comparative RNAseq analysis revealed that the combination of virus and heat had a greater impact on the thermo-susceptible plants of both species, where the percentage of differentially expressed genes (DEGs) and the viral accumulation of WMV were higher. Thus, a total of 236 and 511 genes of thermo-susceptible plants and 149 and 832 genes of thermo-tolerant plants were specifically regulated under the combination of both stresses at low temperatures and high temperatures, respectively. Among these significantly regulated genes, we observed that between 37% and 45% were related to biotic and/or abiotic stress, while the remainder have not been associated with these stresses. Furthermore, we found that 30 GO terms were involved in the response to combined stress from low temperatures and 23 GO terms for high temperatures, which are exclusive to thermotolerant varieties. Together, these results allowed the identification of orthologous genes expression and common pathways in thermotolerant varieties, regardless of species, as well as in thermosusceptible varieties. Understanding the effects of biotic and abiotic factors on plant responses is essential for unraveling the complexity of plant-pathogen-environment interactions and developing strategies to enhance plant resilience and productivity in changing environmental conditions.

Financiado por: PID2022-141108OB-I00 funded by MCIN/AEI/10.13039/501100011033/FEDER (EU)

AGROALNEXT programme funded by MCIN from NextGenerationEU (PRTR-C17.I1) Fundación Séneca from CARM.



P.162. Plataforma de fenotipado para detección temprana de *Xylella fastidiosa* en olivo mediante imágenes hiperespectrales

Valle Egea-Cobrero¹, José A. Jiménez-Berni¹, Alberto Hornero¹, Guillermo León-Ropero¹, Miguel Román-Écija¹, Pablo J. Zarco-Tejada², Juan A. Navas-Cortés¹, Blanca B. Landa¹

1 Instituto de Agricultura Sostenible, Consejo Superior de Investigaciones Científicas (IAS-CSIC). 14004 Córdoba. España.

2 School of Agriculture, Food and Ecosystem Sciences (SAFES), Faculty of Science, and Faculty of Engineering and Information Technology (FEIT), University of Melbourne. 3010 Parkville. Australia.

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: Detección temprana, *Xylella fastidiosa*, olivo, imágenes hiperespectrales, fenotipado

Resumen:

Xylella fastidiosa (Xf) es una bacteria de cuarentena en la UE que es capaz de causar diversas enfermedades en cultivos con capacidad para generar un gran impacto económico, social y medioambiental. Las infecciones asintomáticas, aparición de síntomas inespecíficos y el prolongado periodo de infección asintomática dificultan la detección de este patógeno. Las imágenes hiperespectrales y térmicas de alta resolución han demostrado su capacidad para cuantificar rasgos fisiológicos y bioquímicos de las plantas y sus respuestas a patógenos. Este estudio tiene como objetivo el desarrollo de una plataforma de fenotipado *ad hoc*, para ser utilizada en experimentos en condiciones controladas en invernadero. El sistema de fenotipado se basa en la obtención de imágenes hiperespectrales y una cadena automatizada de procesamiento de datos capaz de identificar rasgos espectrales, relacionados con indicadores fisiológicos, bioquímicos y estructurales asociados a la infección por Xf, antes de la aparición de síntomas visuales.

Una vez desarrollada la plataforma de adquisición, se han analizado imágenes de 11 variedades de olivo con distinto nivel de susceptibilidad a Xf, que han sido inoculadas artificialmente con dos cepas de Xf subsp. *pauca* (XYL1961 y CoDiRo) y una de Xf subsp. *multiplex* (XYL1966). La infección por Xf se confirmó por análisis qPCR en las plantas inoculadas en muestreos periódicos en hoja y tallo. Las imágenes hiperespectrales constan de 271 bandas en el rango visible e infrarrojo cercano (VNIR, 400 a 1000 nm) con una resolución espectral de 6 nm FWHM y una resolución espacial de 3,5 mm/px y desde la inoculación del patógeno se adquirieron imágenes cada 3 meses.

La cadena de procesamiento desarrollada permite de manera automatizada la conversión de las imágenes adquiridas a valores de reflectancia, así como su posterior segmentación para extraer píxeles puros de vegetación a partir de la definición de umbrales de regiones de interés y la utilización de algoritmos supervisados (*Support Vector Machine*) y no supervisados (*Kmeans*). Posteriormente, se lleva a cabo el cálculo de índices espectrales de vegetación (VIs) que se integran en algoritmos de clasificación supervisada basados en aprendizaje automático usando los datos de infección por Xf obtenidos mediante qPCR. El desarrollo de este sistema de fenotipado basado en imágenes hiperespectrales tiene un alto potencial para la identificación de la infección



por Xf en etapas tempranas asintomáticas, y podría permitir la selección temprana de genotipos de olivo resistentes a Xf en programas de mejora genética.

Financiado por: BeXyl Beyond Xylella (Grant ID 101060593, EU-Horizon Europe), PIE202240E067-CSIC y PTI-SolXyl-CSIC

P.163. Caracterización funcional de bacterias del xilema como agentes de control biológico de patógenos vasculares

Lucía Alonso-Villar¹, Noris J. Flores-Duarte², María del Pilar Velasco-Amo¹, Miguel Román-Écija¹, Concepción Olivares-García¹, Juan Antonio Navas-Cortés¹, Carmen María Haro-Mariscal¹, Blanca B. Landa del Castillo¹

¹ Instituto de Agricultura Sostenible del CSIC. Córdoba

² Universidad de Sevilla. Sevilla

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: *Xylella fastidiosa*, endoterapia, SynCom, caracterización, actividades enzimáticas, control biológico

Resumen:

El uso de microorganismos endófitos del xilema del olivo representa una estrategia prometedora para el control de enfermedades causadas por patógenos vasculares como *Xylella fastidiosa* (Xf) y *Verticillium dahliae* (Vd). Para evaluar el potencial de estos microorganismos como agentes de control biológico y su efecto en el crecimiento de plantas de olivo, es fundamental su caracterización funcional. Esto incluye la identificación de actividades y características relacionados con el biocontrol, así como el análisis de las interacciones con el microbioma autóctono del xilema. Mediante esta vía se puede optimizar la selección y desarrollo de comunidades bacterianas sintéticas (SynCom) que contribuyan a mejorar la resiliencia de las plantas a la infección por Xf y Vd.

El objetivo de este trabajo ha sido la caracterización funcional de 26 cepas bacterianas representativas de una colección de más de 100 cepas obtenidas del xilema de olivo. Se han caracterizado: i) la asimilación de fuentes de carbono y la tolerancia a distintos estreses como presencia de antibióticos, pH ácido o cloruro de sodio, ii) la capacidad de promover el crecimiento vegetal a través de la producción de sideróforos, ácido indol-3-acético, o fijación de nitrógeno, y iii) el antagonismo microbiano mediante la producción de enzimas antimicrobianas (amilasa, quitinasa, proteasa, etc.), o la inhibición del crecimiento de Xf.

Los resultados indicaron que las cepas *Bacillus safensis*, *Curtobacterium* spp., *Methylobacterium* sp. y *Novosphingobium* sp. mostraron crecimiento en un rango limitado de sustratos y sensibilidad ante algunos compuestos bioquímicos; *Pseudomonas stutzeri* mostró resistencia a todos los test de sensibilidad y *Methylobacterium* sp. C1 y *Sphingomonas* sp. mostraron sensibilidad en la mayoría de test bioquímicos. Los resultados indicaron que las cepas con mayor



número de actividades enzimáticas antimicrobianas y actividades PGP fueron *Curtobacterium* spp., varias cepas de *Bacillus* spp., *Sphingomonas* sp., *P. stutzeri*, y *Rhizobium pusense*. En los ensayos de inhibición contra Xf pertenecientes a distintas subespecies *B. safensis* fue la cepa más efectiva, seguida de tres cepas de *Bacillus* sp., *Nocardioides* sp. y *R. pusense*.

El antagonismo microbiano de estas cepas está siendo analizado en cámaras de microfluídica simulando haces de xilema con el objetivo de evaluar su comportamiento e interacción con Xf y Vd. Asimismo, se está caracterizando la capacidad para colonizar sistémicamente plantas de olivo. En conjunto, estos resultados permitirán la selección de cepas bacterianas para crear SynCom con el fin de caracterizar su potencial como agentes de control biológico frente a enfermedades vasculares del olivo.

Financiado por: MCIN/AEI/10.13039/501100011033 (PID2020-114917RB-100), MICIU/AEI/10.13039/501100011033 “Unión Europea Next Generation EU/PRTR” (TED2021-130110B-C41); BeXyl (Grant ID 101060593, EU-Horizon Europe) y QUAL21-023 IAS. Grant IJC2019-040423-I from the Spanish Ministry of Science and Innovation MCIN/AEI/10.13039/501100011033

P.164. Avances en la caracterización de la tolerancia a ToLCNDV en pepino

Sofía Ochoa¹, Alicia Sifres¹, Miguel Leiva-Brondo¹, Cristina Sáez², Carmelo López¹, Cristina Esteras¹

1 Instituto de Conservación y Mejora de la Agrodiversidad Valenciana (COMAV-UPV), Universitat Politècnica de València, 46022 Valencia

2 Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas UPM-INIA y E.T.S. Ingeniería Agronómica, Alimentaria y de Biosistemas, Universidad Politécnica de Madrid, 28031 Madrid

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: *Cucumis sativus*, Begomovirus, síntomas, carga viral, control genético, mejora, SNPs ligados

Resumen:

El virus de la hoja rizada del tomate de Nueva Delhi (ToLCNDV) es un begomovirus bipartito transmitido por la mosca blanca *Bemisia tabaci* que causa daños importantes en cultivos de la familia de las cucurbitáceas, principalmente calabacín (*Cucurbita pepo*), melón (*Cucumis melo*) y pepino (*Cucumis sativus*). Las prácticas culturales para reducir la incidencia del vector no están siendo efectivas para controlar la enfermedad. Por tanto, el empleo de cultivares portadores de genes de resistencia es aparentemente la mejor estrategia para el control de la enfermedad. En un trabajo anterior, se identificó resistencia a ToLCNDV en tres entradas de pepino procedentes de la India (CGN23089, CGN23423 y CGN23633) y el modelo de herencia de la resistencia se estudió cruzando plantas resistentes y plantas altamente susceptibles. Los híbridos F1 se autofecundaron y retrocruzaron hacia ambos parentales para obtener las poblaciones F2 y BCs.



Las poblaciones se fenotiparon por resistencia a ToLCNDV y se genotiparon con un panel de marcadores de SNPs repartidos por todo el genoma y se encontró un QTL mayor en el cromosoma 2 implicado en la resistencia a ToLCNDV. Ahora, para estudiar con más detalle este control genético hemos obtenido una población F2 derivada de la entrada susceptible BGV011742 y la resistente CGN23089. Las plantas se han evaluado tanto por sintomatología como por carga viral mediante PCR cuantitativa a 21 y 37 días post inoculación. Las plantas resistentes:susceptibles se ajustan a la proporción 1:3 esperada en un control monogénico recesivo. El genotipado realizado con marcadores SNPs corrobora implicación de la región del cromosoma 2 en el desarrollo de síntomas y la asociación de esa misma región y otra localizada en el cromosoma 1 con una menor carga viral. Actualmente, estamos tratando de acotar estas regiones con el fin de identificar genes candidatos y seleccionar SNPs necesarios para la introgresión de la resistencia en nuevos cultivares de pepino.

Financiado por: PID2021-125787OR-C33 financiado por MCIN/AEI /10.13039/501100011033/ y por FEDER Una manera de hacer Europa y por el proyecto PROMETEO para grupos de excelencia 2021/072 de la Conselleria d'Educació, Universitats i Ocupació (Generalitat Valenciana, Spain).

P.165. Cellular assessment of Mediterranean oat varieties and landraces reveals different defense strategies against crown rust

Gracia Montilla-Bascón¹, Francisco J Canales¹, Edyta Paczos-Grzeda², Sylwia Sowa², Elena Prats¹

¹ Instituto de Agricultura Sostenible-CSIC, Córdoba

² Institute of Plant Genetics, Breeding and Biotechnology. University of Life Sciences. Lublin. Poland

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: Oat, Crown Rust, Resistance, Cellular responses, Landraces

Resumen:

Oats encounter significant yield and quality challenges in the Mediterranean region, with crown rust being a primary biotic threat and crown rust populations in this area being notably more virulent than those found in central and northern Europe. Breeding resistant oat varieties is the most effective, economical, and environmentally friendly method to manage these biotic stresses. However, developing such varieties is a persistent challenge for breeders, as newly released varieties with specific major resistance genes are often rapidly overcome by new pathogen isolates. In this work, we used a collection of more than 700 *Avena sativa* and *Avena byzantina* varieties and landraces from the Mediterranean region to identify durable sources of resistance to a highly virulent Mediterranean rust isolate. The evaluations were carried out at both, seedling stage under controlled conditions and adult plant stage in field trials across three different environments. Based on macroscopic assessments, seventeen accessions identified as resistant were further analysed histologically to investigate the cellular responses responsible for the observed resistance. Microscopic assessment uncovered a variety of cellular responses that



inhibited fungal development at various stages of infection. These responses were observed before mesophyll penetration, during penetration, and after mesophyll cell penetration. When mesophyll cells were penetrated, an early or late hypersensitive response (HR) was triggered, leading to cell death and halting further fungal growth. Additionally, some accessions exhibited reduced colony size, possibly due to post-haustorial responses that did not involve cell death. Field evaluations showed an overall increase in resistance at the adult plant stage, with a more significant increase observed in *A. byzantina* compared to *A. sativa*. Identifying these resistance sources and characterizing the associated cellular responses is crucial for breeding programs. By incorporating both qualitative and quantitative resistance levels and combining various resistance mechanisms, we can enhance the durability of resistant varieties and potentially uncover the molecular bases of resistance.

Financiado por: This work was supported by the grant [PID2022-142574OB-I00] funded by MICIU/AEI /10.13039/501100011033, by FEDER, UE, and by Junta de Andalucía, Qualifica Project [QUAL21_023 IAS]

P.166. Unraveling stomatal and photosynthetic dysfunctions associated with resistance responses in oats: Implications for breeding stress-resistant varieties

Francisco José Canales¹, Elena Prats¹, Gracia Montilla Bascon¹

¹ Instituto de Agricultura Sostenible IAS-CSIC

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: Oat, Resistance cost, Yield, stomatal dysfunctions

Resumen:

Achieving optimal yield while activating plant defenses remains challenging due to the substantial cost on host fitness, which can sometimes lead to up to a 30% yield reduction. Addressing this issue requires a deep understanding of the resistance cost mechanisms. Previous research with barley isogenic lines, both resistant and susceptible to powdery mildew, revealed that stomata adjacent to epidermal cells undergoing a hypersensitive response (HR) were more likely to experience stomatal dysfunctions. Nonetheless, recent observations indicate that cell death is not a prerequisite for these dysfunctions, suggesting variability in stomatal alterations based on genetic backgrounds. In this study, we investigated physiological dysfunctions associated with different resistance responses across different genetic backgrounds. We selected 20 oat genotypes with diverse genetic backgrounds from a Mediterranean oat collection of over 700 accessions. Fourteen genotypes were highly resistant to powdery mildew, while six were susceptible. Twelve-day-old seedlings were inoculated with powdery mildew, and stomatal conductance and photosynthetic parameters were monitored using a LiCor Li-600 system. Results showed that after inoculation, many accessions exhibited reduced stomatal conductance during the diurnal



photoperiod, while it increased during the nocturnal photoperiod. Additionally, photoinhibition of PSII occurred very early in most accessions, even before changes in stomatal conductance were observed, but later stabilized. Electron fluxes were also altered, showing overall increases compared to healthy, non-inoculated controls. Notably, the severity of physiological dysfunctions varied across genotypes, influenced by their genetic background. This variability suggests that it is possible to breed more stress-resistant varieties that do not suffer from these dysfunctions. Consequently, the physiological resilience observed in certain genotypes provides valuable opportunities for developing crop varieties that maintain high resistance without compromising fitness.

Financiado por: This work was supported by the grant EMERGIA [EMC21 00346] funded by Junta de Andalucía, and by Junta de Andalucía, Qualifica Project [QUAL21_023 IAS]

P.167. Identifying genetic markers for yellow dwarf virus resistance in Mediterranean oats

Gracia Montilla Bascon¹, Francisco José Canales¹, Wubi A. Bekele², Catherine Howarth³, Tim Langdon³, Nicolas Rispail¹, Elena Prats¹

¹ CSIC, Institute for Sustainable Agriculture, Córdoba, Spain

² Ottawa Research and Development Centre, Agriculture and Agri-Food Canada, Ottawa, Canada

³ Institute of Biological, Environmental and Rural Sciences, Aberystwyth Univ., Aberystwyth, UK

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: Oat, GWAS, Resistance, Dwarf Virus

Resumen:

Oats provide essential nutrients and serve as staple food in many regions worldwide. In the Mediterranean area, oats play a significant role in both human and animal nutrition. However, the cultivation of oats in this region faces unique challenges due to the specific climatic and environmental stresses. Improved varieties better adapted to these stresses are essential to ensure sustainable oat production in the Mediterranean area. One major stress affecting oat cultivation in the Mediterranean is the barley yellow dwarf virus (BYDV). This virus is transmitted by aphids and can cause significant yield losses by stunting plant growth and reducing grain quality. BYDV is particularly problematic because it can spread rapidly through oat fields, leading to widespread crop damage. The virus's impact on the productivity and economic viability of oat farming underscores the need for effective strategies to breed oat varieties that are resistant to BYDV. Genome-wide association studies (GWAS) offer a powerful tool to address this challenge. By analyzing the genetic makeup of a large number of oat varieties, GWAS can identify genetic markers associated with resistance to YDV. These markers can then be used in breeding programs to develop oat varieties with enhanced resistance. Additionally, GWAS can help pinpoint candidate genes that may play a role in conferring resistance, providing deeper insights into the genetic mechanisms underlying this trait. In this work, we used a collection of 709 genetically diverse Mediterranean oat landraces and varieties, previously phenotyped under field conditions



in various Mediterranean environments to capture the full spectrum of responses to BYDV, to carry out a GWAS analysis, to identify relevant genetic markers associated with resistance. Our analysis revealed significant association between virus resistance and genomic sequences located very close to key genes that could be linked to this resistance. Specifically, we identified sequences 117 Kbp from a disease resistance protein RPM1, 55 Kbp from an ABC transporter, and 8 Kbp from a NAC domain-containing protein. These genes are known to be involved in plant defense mechanisms, playing crucial role in recognizing pathogen attack and triggering defense responses, in transporting various molecules across cell membranes, potentially including those related to pathogen defense and regulating gene expression in response to stress. The identified markers offer promising targets for further research and breeding efforts

Financiado por: This work was supported by the grant [PID2022-142574OB-I00] funded by MICIU/AEI /10.13039/501100011033, by FEDER, UE, and by Junta de Andalucía, Qualifica Project [QUAL21_023 IAS]

P.168. GWAS analysis reveals key genetic markers for crown rust resistance in Mediterranean oats

Francisco J Canales¹, Wubishet A Bekele², Catherine Howarth³, Tim Langdon³, Nicolas Rispaill¹, Gracia Montilla-Bascón¹, Elena Prats¹

1 Instituto de Agricultura Sostenible-CSIC, Córdoba

2 Ottawa Research and Development Centre, Agriculture and Agri-Food Canada, Ottawa, Canada

3 Institute of Biological, Environmental and Rural Sciences, Aberystwyth Univ., Aberystwyth, UK

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: Oat, Crown rust, Resistance, GWAS, genetic markers

Resumen:

Oats hold significant agricultural importance globally, particularly in the Mediterranean region, where they contribute to both human and animal diets. However, the Mediterranean climate, characterized by hot, dry summers and mild, wet winters, poses unique challenges for oat cultivation. Developing oat varieties that can withstand these environmental stresses is crucial for maintaining and improving oat production in this area. One of the primary challenges in Mediterranean oat cultivation is crown rust, a fungal disease caused by *Puccinia coronata* f. sp. avenae. Crown rust can severely impact oat yields, leading to substantial economic losses.

Genome-wide association studies (GWAS) provide a robust approach for identifying genetic factors associated with crown rust resistance. By examining the genetic variation across a broad spectrum of oat varieties, GWAS can pinpoint specific markers linked to resistance traits. These markers are invaluable for breeding programs aimed at developing crown rust-resistant oat varieties, as well as for understanding the underlying genetic mechanisms of resistance. In this work, we used a collection of 709 genetically diverse Mediterranean oat landraces and varieties phenotyped for crown rust resistance under field conditions across different Mediterranean



environments as a base for comprehensive GWAS analysis, to reveal genetic markers associated with crown rust resistance. Through our analysis, we identified genomic sequences closely linked to key genes that may confer crown rust resistance. GWAS analysis highlighted as significant markers a F-box/LRR-repeat protein, which has been previously related to protein degradation and pathogen recognition, a disease resistance protein RGA5-like, previously shown to play a critical role in pathogen defence responses and a kinesin-like protein associated with intracellular transport processes. The proximity of these sequences to our identified markers suggests their potential involvement in crown rust resistance, providing promising targets for further research and breeding initiatives.

Financiado por: This work was supported by the grant [PID2022-142574OB-I00] funded by MICIU/AEI /10.13039/501100011033, by FEDER, UE, and by Junta de Andalucía, Qualifica Project [QUAL21_023 IAS]

P.169. Clade I of the bZIP transcription factors are components of PepMV viral replication organelles

Jesús R Ubeda¹, Livia Donaire¹, Pascual Rodríguez-Sepulveda¹, Miguel A. Aranda¹

¹ Centro de Edafología y Biología Aplicada del Segura CEBAS-CSIC

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: bZIP, CRISPR-Cas9, host-virus interactions, potexvirus, triple gene block, VRO, tomato

Resumen:

The disease induced by pepino mosaic virus (PepMV; genus *Potexvirus*) in tomato crops causes serious economic losses worldwide due to the loss of marketability of infected tomato fruits. Viruses are obligate parasites that require host proteins to complete their viral cycles; identifying and studying these proteins is valuable from both applied and fundamental perspectives. Using a yeast two-hybrid screening, we identified SlbZIP-13, which interacts with the PepMV triple gene block (TGB) protein 1. TGB1 is a multifunctional protein with a pivotal role in viral movement, RNA silencing suppression, and viral replication organelles (VROs) formation.

The bZIP (basic Leucine Zipper) family is one of the largest and most diverse families of transcription factors (TFs) in plants, with 69 members identified in tomato. bZIP TFs play crucial roles in various biological processes, including growth, development, regulation of multiple metabolic processes, and responses to both abiotic and biotic stress. These TFs bind to target DNA as homo- or heterodimers through their central bZIP domain. SlbZIP-13 belongs to the I (IX) clade of the bZIP family and has N- and C-terminal intrinsically disordered regions (IDRs) with a prion-like domain in its C-terminal IDR. These low-complexity regions can lead to phase separation, a biophysical mechanism for the formation of membrane-less organelles, such as VROs in their initial stages. We employed the CRISPR/Cas9 technology to obtain *slbzip-13*



knock-out mutants in tomato cv. MicroTom. Edited plants were more susceptible to potexvirus infections, specifically to PepMV and potato virus X (PVX). Furthermore, we used transient expression of SlbZIP-13 fused to YFP in *Nicotiana benthamiana* and confocal laser scanning microscopy (CLSM) to study its subcellular localization when expressed alone, co-expressed with fluorescent-tagged TGB1, or with a PepMV clone tagged with tagRFP. We observed that SlbZIP-13 and TGB1 colocalized in the nuclei and cytoplasm of healthy cells, and both relocated to the VROs during PepMV infection. Additionally, we observed the interaction between these proteins occurring in both healthy and infected cells using the bimolecular fluorescent complementation (BiFC) technique. Furthermore, we also studied the localization of three other members of the same clade using CLSM and observed that all of them could relocate to VROs during viral infection, suggesting a general role for members of this clade during PepMV infection. Although our results suggest that SlbZIP-13 plays an antiviral role during PepMV infection in tomato, further investigation is necessary to elucidate the specific functions of bZIPs, especially SlbZIP-13, during PepMV infection.

Financiado por: PRE2019-089811 PID2021-125010OB-I00

P.170. Cucurbit plant species and virus infection shape the aphid-associated microbiome

Celia De Moya-Ruiz¹, Inmaculada Ferriol², Miguel Juárez³, Mónica A. Hurtado-Ruiz⁴, Pedro Gómez¹

¹ CEBAS-CSIC, Murcia

² ICA-CSIC, Madrid

³ Universidad Miguel Hernandez, Alicante

⁴ Universitat Jaume I, Castelló de la Plana

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: *Aphis gossypii*, microbiome, host species, cucurbit virus, plant crops

Resumen:

Aphis gossypii Glover, is a global agricultural insect pest that can damage cultivated plants directly via sap-sucking and indirectly by transmitting viral diseases. In particular, it is the most abundant aphid species colonizing cucurbit crops in the Mediterranean basin, with the subsequent occurrence of aphid-transmitted viruses. Accumulating evidence reveals that the insect-associated microbiome is an important component of the physiological fitness of pest insects, including aspects such as reproduction, development, growth, immunity, and behavior. This microbiome has also been linked to the transmission of plant viruses. However, it has yet to be explored how plant host species and viral infections could influence and shape the aphid microbiome. Here, we investigated the microbiome of two laboratory-reared *A. gossypii* clones before and after feeding on different cucurbit plants melon (*Cucumis melo* L.) and cucumber (*Cucumis sativus* L.), including infected melon plants with watermelon mosaic virus (WMV, non-persistent) and cucurbit aphid-borne yellows virus (CABYV, persistent) in single and mixed infections. Our



high-throughput sequencing of bacterial 16S ribosomal RNA gene analysis showed that the transfer to different plants (from melon to cucumber) resulted in a substantial decrease in the abundance of the primary symbiont *Buchnera* spp. (ranging from 99% to 89%). In parallel, an increase in the abundance of the secondary symbiont *Arsenophonus* spp. was observed (ranging from 1.7% to 9.8%), with varying levels of other taxa. Furthermore, *Buchnera* spp. was consistently the dominant taxon across all infected melon plants, ranging from 67.19% to 99.40%. However, we observed that aphids from CABYV-infected plants had a higher abundance of *Arsenophonus* spp. compared to healthy melon plants, while aphids from WMV-infected plants had a lower abundance. This study underlines the importance of the aphid microbiome, emphasizing the need for further investigation into microbial resource-based strategies that allow the sustainable management of this pest and associated viral diseases in agriculture.

Financiado por: This work was supported by MCIN (Ref. PID2022-141108OB-I00, MCIN/AEI/10.13039/501100011033/FEDER (EU)). CDMR was supported by Fundación Séneca within a PhD program (SENECA 21417/FPI/20).

P.171. Desarrollo de la marchitez tardía del maíz (*Magnaporthiopsis maydis*) en diferentes sustratos y aproximaciones a la microscopía de la infección

Pilar Zomeño¹, Azahara Martín¹, Luca Testi¹, Inmaculada León¹, Ana Belén García Carneros¹, Leire Molinero Ruiz¹

¹ Instituto de Agricultura Sostenible, Córdoba

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: clima mediterráneo, estructura del suelo, histología, hongos vasculares, patógeno de suelo, suelo

Resumen:

Magnaporthiopsis maydis es un hongo de suelo que causa la marchitez tardía (MT) del maíz. Esta enfermedad limita enormemente la producción en zonas de clima cálido. Su severidad depende mucho de las condiciones ambientales (temperatura y humedad relativa) y del manejo del cultivo (riego). También se ha reportado la influencia del tipo de suelo (estructura). En este trabajo hemos estudiado el efecto que pueden tener distintas mezclas artificiales de suelo sobre el desarrollo de la enfermedad en fases tempranas. Además, hemos puesto a punto una técnica de microscopía para poder caracterizar histológicamente el progreso del patógeno en los tejidos internos de las plantas susceptibles. Llevamos a cabo dos experimentos en invernadero (2022 y 2024), con un diseño factorial y 6 semanas de duración cada uno. Como sustratos, utilizamos seis combinaciones de arena, limo, perlita y/o vermiculita en diferentes proporciones. Evaluamos variables de crecimiento subterráneo (pesos fresco y seco de raíces) y aéreo (altura, número de hojas, diámetro, pesos fresco y seco de partes aéreas) de las plantas. En 2024 también evaluamos índice de área foliar y estructura de las raíces. Además, durante este segundo año, tomamos muestras de raíz de



controles y plantas inoculadas para su estudio histológico. En general, en 2022 el efecto tratamiento (control o inoculado) fue significativo para todas las variables y, en algunos casos (pesos de raíz, número de hojas y diámetro) enmascaró la significación de la interacción sustrato×tratamiento. En 2022 la mezcla arena-limo-perlita fue la más favorable para el desarrollo de MT. En 2024 la interacción sustrato×tratamiento fue significativa en el caso de altura, diámetro y pesos de raíz de las plantas. La mezcla arena:vermiculita se asoció a un mejor desarrollo de las plantas y menor severidad de síntomas. En arena-limo-perlita y, en particular, en arena:perlita, se observaron las máximas diferencias de altura y de peso de raíces entre las plantas control y las plantas inoculadas. El índice de área foliar no dependió de los sustratos arena:perlita o arena:limo:perlita. En lo referente a la caracterización histológica del patógeno en el tejido interno del maíz, fue imposible la identificación inequívoca de *M. maydis* debido a la presencia de diversos tipos de hifas, resultado de la coexistencia de varios hongos en el suelo. Utilizaremos el protocolo desarrollado en este trabajo para llevar a cabo estudios microscópicos en condiciones completamente inertes. Esto nos permitirá, en el futuro, identificar inequívocamente a *M. maydis* en condiciones de invernadero.

Financiado por: Trabajo financiado por el proyecto Qualifica (QUAL21_023 IAS) y el programa EMERGIA [MRA02] de la Junta de Andalucía, y por el programa Fundecor-Univergem financiado por el Instituto Andaluz de la Mujer.

P.172. Simulación de procesos de colonización vascular y de interacciones existentes entre *Xylella fastidiosa* y el microbioma xilemático mediante la utilización de cámaras de microfluídica

Maria Pilar Velasco-Amo¹, Jaime D. López-Alcalá², Lucía Alonso-Villar¹, Miguel Román-Écija¹, Blanca B. Landa¹

1 Instituto de Agricultura Sostenible (IAS), Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), Córdoba

2 Center for Integrative Genomics, Faculty of Biology and Medicine, University of Lausanne, Lausanne, Switzerland

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: Cámaras de microfluidos, biopelículas, fuerza de adhesión, división celular, motilidad

Resumen:

Las cámaras de microfluidos permiten simular nichos ecológicos microbianos a escalas micrométricas y crear un microambiente controlable al inyectar fluidos de composición variada con un flujo regulado a diferentes presiones y velocidades a través de un canal. En contraste con los métodos convencionales, que requieren tiempo y un gran consumo de materiales, las cámaras de microfluidos ofrecen beneficios como la miniaturización, mayor rendimiento y rapidez y menor consumo de materiales y reactivos. En los últimos años, estos sistemas se han desarrollado y aplicado al estudio de especies de microorganismos no cultivables que habitan nichos



ecológicos

complejos.

En este trabajo, se han utilizado cámaras de microfluidos, fabricadas en nuestro laboratorio o disponibles comercialmente, para simular las interacciones existentes entre componentes del microbioma presente en los haces vasculares del xilema de las plantas incluyendo la bacteria fitopatógena *Xylella fastidiosa* (*Xf*). Esta bacteria puede infectar los haces vasculares del xilema de más de 700 especies vegetales y causar enfermedades importantes en especies de gran interés agrícola como la vid, el almendro y el olivo. Mediante las cámaras de microfluidos se han caracterizado diversos procesos asociados con la colonización vascular de diferentes subespecies de *Xf* incluyendo: la fuerza de adhesión, formación de biopelículas, movilidad y división celular. Además, se ha comenzado a caracterizar las mismas propiedades en una selección de bacterias aisladas del xilema del olivo, pertenecientes a 10 géneros diferentes. Por otro lado, mediante inoculaciones combinadas de *Xf* con estas bacterias transformadas con diversas proteínas fluorescentes se está determinando la existencia de competición por espacio o nutrientes y/o de antagonismo microbiano para evaluar el uso potencial de estas bacterias como agentes de control biológico de *Xf*.

Financiado por: MCIN/AEI/10.13039/501100011033 (PID2020-114917RB-100), MICIU/AEI/10.13039/501100011033 “Unión Europea Next Generation EU/PRTR” (TED2021-130110B-C41); BeXyl (Grant ID 101060593, EU-Horizon Europe)

P.174 Osmac characterisation of the main secreted metabolites from *Fusarium Oxysporum* f. sp. pisi race 1.

Nicolas Rispaill¹, Christian Molinares - Pacheco¹, M.T. Russo², Marco Massi², Beatriz Pérez - López¹, Diego Rubiales¹, Alessio Cimmino²

¹ Instituto de Agricultura Sostenible - CSIC, 14004 Córdoba

² Università di Napoli Federico II, 80126 Naples, Italia

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: Acido fusarico, Fitotoxins, *Fusarium Oxysporum*, pathogenicity, pea, virulence determinant,

Resumen:

Fusarium Oxysporum f. sp. *pisi* (*Fop*) is an important pathogen of field pea (*Pisum sativum*). At present four races of *Fop* have been described, races 1, 2, 5 and 6. Among them, race 1 and 2 are the most widely distributed, being a recurrent problem for pea breeders worldwide. Despite their importance, the key factors controlling virulence and pathogenicity of *Fop* race 1 and 2 isolates are still poorly understood. Among the pathogenicity factors, secreted toxins have been reported to play important role in virulence in several pathogenic fungi. Fusaric acid (FA) and its closely related derivative 9,10-dihydrofusaric acid (DFA) have been identified as the main secreted toxins of *Fop* race 2 isolates. Further study reported a strong correlation between the amount of secreted FA and DFA and the strain virulence supporting the important role of these toxins in *Fop* race 2 virulence. By contrast, neither FA nor DFA have been detected from *Fop* race 1 isolates grown



in the same condition suggesting that virulence may be controlled differently in these isolates. To rule out the involvement of secreted toxins in the *Fop* race 1 infection process and identify the main metabolites secreted by these isolates in axenic culture, an OSMAC approach was applied on one isolate of *Fop* race 1. Three different growth medium (Czapeck, PDB and malt extract) and two distinct incubation temperatures (25 and 28°C) were tested. To obtain a global view of the metabolic profile of *Fop* race 1 isolates, these secretomes were then extracted with ethyl acetate at two different pH (pH 2.5 and 7) and all fractions were tested on detached leaf assays to determine their toxicity and drive purification of active metabolites. For comparison, the secretome of additional *F. oxysporum* isolates infecting other legumes were also collected and analysed. Preliminary results show large quantitative differences between medium and differences in their toxicity profiles while growth temperature had lower impact. In addition, small amount of FA could be detected in *Fop* race 1 grown on malt medium but not in PDB and Czapek. This contrast with the huge amount of FA detected for other *F. oxysporum* isolates. This point to huge differences in the secreted metabolite profiles and in the pathogenicity processes of these strains which can have important consequences for their control.

Financiado por: This work was supported by the Grant PID2020-113153RB-I00 funded by MICIU/AEI/ 10.13039/501100011033 and the QUALIFICA project from Junta de Andalucía. B. P-L is supported by grant from the INVESTIGO program from Junta de Andalucía.

P.175 Role Of Root Exudate On The Specificity Of The Pea - *Fusarium Oxysporum* Interaction And On The Resistance To *Fusarium* Wilt

Nicolas Rispaill¹, Beatriz Perez López¹, María Inmaculada Gama - Ruíz¹, T. Pannullo², Diego Rubiales¹, Marco Massi², Alessio Cimmino²

1 Instituto de Agricultura Sostenible - CSIC, 14004 Córdoba

2 Università di Napoli Federico II, 80126 Naples, Italia

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: *Fusarium* Wilt, *Fusarium Oxysporum*, Pea, Pre-Penetration Mechanism, Resistance Mechanism, Root Exudate

Resumen:

Fusarium wilt caused by the soilborne pathogen *Fusarium Oxysporum* f. sp. *lisi* (*Fop*) is one of the main constraints of pea (*Pisum sativum* L.) worldwide. The most effective control method is the use of resistant variety. Monogenic sources of resistance have been described and successfully used in breeding programs. However, this type of resistance is at risk of breakdown by the constant evolution of the pathogen that already led to the emergence of four different races of *Fop*. To increase the durability and resilience of resistance it is important to increase the genetic base of resistance and to improve our understanding of the resistance mechanisms available in pea to control the disease. Among these mechanisms, a pre-penetration mechanism has been recently detected in some pea accessions that can reduce the pathogenic pressure in the soil by partially inhibiting *Fop* germination. This mechanism, mediated by some root exudate



components, was efficient against race 2 isolates of *Fop*. Pea root exudates extraction, fractionation, purification and HPLC analysis related the observed inhibition of *Fop* conidia germination with the content of the root exudates, identifying pisatin, the main pea phytoalexin, as the main factor of this pre-penetration resistance mechanism although additional unknown compounds might also be involved. The identity of these additional metabolites and the efficiency of pisatin to inhibit germination of other races of *Fop* are currently unknown. In parallel, preliminary experiment suggested the involvement of root exudate in the specificity of the plant - *F. oxysporum* interaction. In the present study we have analysed further the pea root exudate content and activity to identify additional compounds with potential inhibiting activities on *Fop* race 1 or 2 isolates and to determined the impact of pea root exudates on *F. oxysporum* isolates from other *formae speciales*. The main results obtained from the detailed examination of pea root exudates will be presented and discussed.

Financiado por: This work was supported by the Grant PID2020-113153RB-I00 funded by MICIU/AEI/ 10.13039/501100011033 and the QUALIFICA project from Junta de Andalucía. B. P-L is supported by a grant from the INVESTIGO program from Junta de Andalucía.

P.176. Translation of *Tomato brown rugose fruit virus* viral proteins

José Daniel Guillén Martínez¹, Miguel Aranda Regules¹, Verónica Truniger Rietmann¹

¹ Grupo de Patología Vegetal. Centro de Edafología y Biología Aplicada del Segura (CEBAS-CSIC). Apdo correos 164, 30100 Espinardo, Murcia, Spain

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: ToBRFV, protein translation, RNA stability, 5-cap, pseudoknot, tRNA-like structure, NMD

Resumen:

Tomato brown rugose fruit virus (ToBRFV), belongs to the genus *Tobamovirus*, family *Virgaviridae*. Its main hosts are tomato and pepper. Discovered in 2015 it has spread very fast to many other countries entailing substantial economic losses. Viral mRNAs have evolved numerous mechanisms to recruit the host translational machinery, allowing them to compete with host mRNAs and avoid defence mechanisms that act at the level of translation. Thus, while most plant-encoded mRNAs contain a -m⁷GTP (5-cap) and a 3- poly(A)-tail at their 5- and 3'-ends, respectively, that act synergistically to stimulate translation, ~80% of known positive-strand RNA plant viruses lack one or both of these features in their genomic and subgenomic RNAs. The ToBRFV RNA genome ends, like that of other tobamoviruses, contain a 5-cap but no 3-poly(A)-tail. We have studied the role of the ToBRFV 5- and 3-untranslated regions (UTRs) on protein translation and can conclude that both UTRs are important for efficient cap-dependent and cap-independent translation. In its 3-UTR two RNA elements can be identified: a region including three pseudoknots and a tRNA-like structure. We can conclude that the pseudoknot region is more



important for efficient translation than the tRNA-like structure. RNA elements may affect protein translation efficiency indirectly by increasing RNA stability or directly by interacting with proteins required in the translation process. We are analyzing the role of these RNA elements on RNA stability and will identify host proteins interacting with them, to study the mechanism of ToBRFV protein synthesis in the host cell. Additionally, we are studying if the host mechanism against aberrant RNAs called nonsense-mediated decay (NMD), affecting RNAs with long 3-UTRs, acts on the ToBRFV genome. To date our results show that ToBRFV genomic and subgenomic RNAs are resistant to NMD.

Financiado por: Ayudas para contratos predoctorales para la formación de doctores/as
Referencia de la ayuda: PRE2022-102506. Referencia del proyecto: PID2021-125010OB-I00

P.177. Caracterización de genes de resistencia del olivo frente a *Spilocaea oleagina*, causante del Repilo

Cristina Estudillo¹, Adrián Pérez Rial², Concepción Muñoz Díez¹, Juan Moral¹, Jose V Diez²

1 Departamento de Agronomía (Unidad de Excelencia Maria de Maeztu), Universidad de Córdoba, Campus de Rabanales, 14071 Córdoba, España.

2 Departamento de Genética, Universidad de Córdoba, Campus de Rabanales, 14071 Córdoba, España.

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: *Venturia oleaginea*, Repilo, homología, genes candidatos, olivo, ontología génica, In silico

Resumen:

El género fúngico *Venturia* está constituido por especies pseudobióticas altamente especializadas en su huésped que causan enfermedades como el Repilo del olivo (anamorfo *Spilocaea oleagina*) o la Sarna del manzano (*V. inaequalis*). Uno de los métodos de control más importantes de la Sarna del manzano es el uso de variedades resistentes, pero en el caso del Repilo la resistencia genética ha sido poco estudiada. En el manzano, considerado aquí como patosistema modelo para el olivo, se han descrito 20 genes de resistencia a *V. inaequalis*, denominados genes Rvi. En este estudio, realizamos una búsqueda de genes homólogos a los Rvi en olivo para estudiar su organización funcional y caracterización de su expresión in silico. Para ello, se realizó una revisión sistemática de artículos sobre Rvi en manzano en las bases de datos del NCBI, EBI y PRG, identificándose los QTL Rvi1, Rvi3, Rvi5 y Rvi12. Mediante búsquedas BLASTP se identificaron las secuencias homólogas correspondientes en el genoma del olivo (GCA_902713445.1, NCBI), utilizando un límite de identidad del 30%, una cobertura mínima del 70% de la secuencia más grande y un e-value < 1,0E. -10. A pesar de la distancia filogenética entre el manzano y el olivo, el análisis de los QTLs de las regiones Rvi1, Rvi3, Rvi5 y Rvi12 en manzano, redujo la lista a 28 secuencias homólogas en olivo. Con estas secuencias, se realizó un análisis adicional basado en la anotación funcional, utilizando la metodología Blas2GO implementada en el software OmicsBox. La distribución de los términos GO asociados a los procesos biológicos de cada secuencia, fueron implicados en distintas categorías de interés como:



respuestas a estrés, ocho secuencias; respuestas a estímulos bióticos, tres secuencias; o señales de transducción, siete secuencias; entre otros. Finalmente, el nivel de expresión (TPM) se determinó in silico utilizando las secuencias de la base de datos Olive Tree Database, mediante un BLASTP recíproco (Rstudio) de las 28 secuencias de proteínas seleccionadas y se identificaron un total de 21 secuencias relacionadas con estreses bióticos y abióticos en hojas de olivo. Estos resultados subrayan la importancia de estudiar los mecanismos de resistencia compartidos entre las especies de plantas leñosas para mejorar la protección de los cultivos arbóreos contra enfermedades.

Financiado por: PROLIVE (Transmisiones (AEI-CDTI) Ref. PLEC2023-010225; GEN4OLIVE. Ref. H2020-IA-SFS-2020-101000427; FPI 2022

P.178. Explorando la biodiversidad microbiana de la rizosfera de aguacate: agricultura ecológica frente convencional.

Blanca Ruiz-Muñoz^{1,2}, Sandra Tienda^{1,2}, Francisco M. Cazorla^{1,2}, José Antonio Gutiérrez-Barranquero^{1,2}

1 Departamento de Microbiología, Universidad de Málaga, Málaga

2 Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea La Mayora, IHSM-UMA-CSIC

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: Aguacate, patógenos fúngicos, agricultura ecológica, manejo convencional, microbioma, diversidad microbiana

Resumen:

El aguacate (*Persea americana* Mill.) es un cultivo subtropical relevante desde el punto de vista comercial. La región de la Axarquía, situada en la provincia de Málaga, es la principal zona productora en Europa debido a su clima subtropical. Sin embargo, este cultivo se enfrenta a importantes desafíos tanto, de origen biótico (patógenos fúngicos de suelo y aéreos) como abiótico (principalmente estrés por sequía), que amenazan su rendimiento y supervivencia. El manejo ecológico y convencional de este cultivo conviven en la zona. En este trabajo comparamos los efectos a largo plazo de las prácticas de manejo ecológico y convencional sobre árboles de aguacate, y del impacto que estos manejos pueden ejercer sobre las comunidades microbianas de la rizosfera del aguacate. Para ello, se seleccionaron dos fincas comerciales de aguacate en la comarca de la Axarquía que han estado bajo estos dos tipos de manejo durante más de 20 años. Se recogieron muestras de rizosfera a lo largo de una campaña, en cuatro momentos de muestreo diferentes que se corresponden con los principales estados fenológicos de la planta de aguacate (febrero, mayo, julio y octubre). Se evaluó la estructura de la comunidad microbiana, mediante secuenciación de regiones específicas del gen de ARN ribosómico 16S para procariotas y de la región ITS para eucariotas. A nivel procariota, el tratamiento ecológico mostró una tendencia hacia una mayor -diversidad. Además, la composición de las poblaciones procariotas y eucariotas mostraron diferencias según el manejo utilizado, y dependientes del tiempo de muestreo. De manera muy interesante, el manejo ecológico dio lugar a un reclutamiento específico de microorganismos con efectos potencialmente beneficiosos para la salud de la planta.



Este estudio pone de manifiesto el papel tan relevante que pueden jugar las prácticas de manejo agrícola sobre la composición del microbioma del aguacate, proporcionando nuevas perspectivas para mejorar la sostenibilidad de los agroecosistemas mediante el impulso de microorganismos beneficiosos.

Financiado por: Este trabajo está siendo financiado por el proyecto PID2021-123713OB-I00 del MINISTERIO DE CIENCIA E INNOVACIÓN.

P.181. Generation of viral vectors derived from Pepper vein yellows virus-5, a polerovirus threatening pepper cultivation

Miryam Pérez-Cañamás¹, Marc Balanzá¹, Alicia Torralba¹, Ana García-Gosp¹, Carmen Hernández¹

¹ Instituto de Biología Molecular y Celular de Plantas

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: Pepper vein yellows virus-5, polerovirus, viral infectious clone, pepper, minor coat protein, major coat protein, read-through domain, GFP-tagging

Resumen:

Pepper vein yellows virus-5 (PeVYV-5) is a pathogen belonging to a group of emergent poleroviruses that threaten pepper cultivation worldwide. This kind of viruses is phloem restricted and has particles with icosahedral symmetry, which may impose structural restrictions to changes in genome length. Moreover, poleroviruses have small and compacted RNA genomes with most, if not all, encoded proteins being required for successful infection and/or aphid transmission. The latter property essentially lies in the major coat protein (CP or P3) and the minor CP (CP-RT or P3-P5) which is expressed as a readthrough (RT) product of the major CP. Though the RT domain has been also involved in virus movement in some poleroviruses, it is a priori the most flexible genomic region to accommodate modifications. Taking into consideration this potential flexibility, here we report the construction of an infectious PeVYV-5 clone and of two derived green fluorescent protein (GFP)-tagged versions of it. The GFP gene was inserted into two positions of the RT domain, and the infectivity, movement capability and stability of the resulting viruses were studied. The results have shown that PeVYV-5 can be engineered to express heterologous genes and have provide additional information on the requirement of polerovirus RT domain for successful virus infection.

Financiado por: Generalitat Valenciana, Proyecto Prometeo CIPROM/2022/21



P.182. Analysis of trade-offs between vertical and horizontal transmission in plant-virus interactions

German Dunger¹, Rocío Galán-Cubero², María Plaza², Aranzazu Moreno², Israel Pagán¹

¹ Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas UPN-INIA CSIC, Madrid

² Instituto de Ciencias Agrarias ICA-CSIC, Madrid

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: cucumber mosaic virus, turnip mosaic virus, *Arabidopsis thaliana*, aphid transmission, virulence, seed transmission, trade-offs

Resumen:

Pathogens have a variety of mechanisms to be transmitted to new susceptible hosts, which can be largely grouped in two main modes: vertical (i.e., from parents to the offspring) and horizontal (i.e., between hosts regardless of descent). Because between-host dispersal is a key trait for pathogen fitness, scientists studying host-pathogen interactions have been long interested in understanding the evolution of their transmission mode(s). Most work in this regard has been theoretical, which resulted in the development of the Continuum hypothesis. This theory states that because vertically transmitted pathogens require the host to reproduce, the evolution of this mode of transmission will involve reduced virulence (i.e., the effect of infection on host fecundity) in order to allow maximal production of host viable progeny. Conversely, the evolution of horizontal transmission does not have this limitation and pathogens with this mode of transmission will evolve higher virulence. Therefore, a trade-off between both modes of transmission across a continuum of virulence values is predicted, with each transmission mode located at the extremes of the continuum. Notably, experimental analyses for this hypothesis are scant, particularly in the case of plant pathogens.

To address this question, we used turnip mosaic virus (TuMV) and cucumber mosaic virus (CMV), and their natural host *Arabidopsis thaliana* as model systems. For each virus, we performed serial passages of vertical (through seeds) and horizontal (through aphids) transmission. After passages, we quantified multiplication, virulence and both vertical and horizontal transmission rates of the evolved viruses, and we compare these values with those of the ancestral genotype. We also mapped mutations in the CMV and TuMV genomes accumulated after passages. Results show that serial passages of vertical transmission increased virus multiplication in reproductive structures and reduced virulence. In parallel, seed transmission increased whereas aphid transmission was not affected. Mutations in the virus genome potentially associated with virus adaptation to the transmission mode clustered in genes and non-coding regions that affect virus replication and protein transcription. These observations support only partially the predictions of the Continuum hypothesis and shed light on how plant viruses evolve their transmission mode.

Financiado por: This work was supported by Agencia Estatal de Investigación from Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades, Spain (Plan Estatal I+D+i grant number: PID2022-141836OB-I00 to IP)



P.183. Análisis transcriptómico de plantas de olivo tras la exposición al filtrado de *Rosellinia necatrix*.

Beatriz Santos Casanova¹, Isabel Narváez Jurado², Elsa Martínez Ferri¹, Laia Ribalta Campos², Fernando Pliego Alfaro², Elena Palomo Ríos², Clara Pliego Prieto¹

1 Instituto Andaluz de Investigación y Formación Agraria, Pesquera, Alimentaria y de la Producción Ecológica (IFAPA), Málaga

2 Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea “La Mayora”, IHSM -UMA- CSIC, Málaga

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: Olivo, *Rosellinia necatrix*, RNAseq, variaciones somaclonales, tolerancia

Resumen:

La línea R2-L3, derivada de callo embriogénico de una semilla de la variedad Picual, se seleccionó por su resistencia al filtrado crudo (FC) (60% v/v) del hongo *Rosellinia necatrix*, un patógeno muy extendido por el sur de España causante de la podredumbre blanca radicular (PBR) en aguacate y olivo. A partir de esta línea, y de la línea control P1 (sin exponer a FC de *R. necatrix*) se regeneraron plantas y se aclimataron en invernadero para llevar a cabo la caracterización de su crecimiento y comportamiento tras la inoculación con el patógeno. Las plantas de la línea R2-L3 mostraron una mayor longitud de tallos y mayor número de ramas laterales, viéndose reflejado en una mayor biomasa con respecto a las plantas control P1. Además, 40 días después de la inoculación, las plantas R2-L3 mostraron un 50% menos de síntomas relacionados con la PBR en relación al control P1. Finalmente, con el fin de identificar genes del olivo relacionados con la tolerancia a este ascomiceto, se llevó a cabo un análisis transcriptómico mediante RNAseq de la línea tolerante R2-L3 expuesta a FC vs control P1. El número de genes desregulados (DEGs) fue mayor al exponer la línea susceptible al FC (5190 DEGs) en comparación a la línea tolerante (3587 DEGs), indicando una mejor adaptación de ésta última a sobrevivir en presencia de toxinas liberadas por el hongo. Estos resultados apoyan otros estudios realizados en el patosistema olivo/*Verticillium dahliae*, donde el número de DEGs fue mayor en genotipos susceptibles vs tolerantes tras la infección con el patógeno. Paralelamente se llevó a cabo el análisis transcriptómico de plantas regeneradas de la línea tolerante expuestas al micelio del hongo. Se observó que la exposición de la línea tolerante al micelio del hongo y al filtrado de éste, indujo genes relacionados con inhibidores de proteasas, genes de resistencia a patógenos, síntesis de hormonas y factores de transcripción como los NAC (NAM, ATAF1/2 y CUC2) o WRYK (WRKYGQK), previamente relacionados con la tolerancia del aguacate a la PBR. Estos resultados suponen un avance en el conocimiento de los mecanismos de defensa del olivo frente a este patógeno.



P.184. Wheat fungal endophytes as biological control agents against *Zymoseptoria tritici*

Agustina De Francesco¹, Pilar Vesga¹, Rocio Tirado Conejo¹, Inés Vegas¹, Federico López Moya², Deniz Akdemir¹, Alejandro Dominguez¹, Julio Isidro y Sánchez¹, Andrea Sánchez-Vallet¹

1 Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas, Universidad Politécnica de Madrid (UPM) - Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria (INIA/CSIC), Pozuelo de Alarcón, Spain

2 Department of Marine Sciences and Applied Biology, University of Alicante, Alicante, Spain

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: Wheat, *Septoria tritici* blotch (STB), *Zymoseptoria tritici*, biocontrol agents (BCAs), integrated disease management, genome-wide association studies (GWAS)

Resumen:

Wheat is a main staple crop worldwide, with Spain producing 7,1 million tons of bread wheat and 0.82 million tons of durum wheat. *Septoria tritici* blotch (STB) is the most damaging fungal foliar disease in Europe, caused by the fast-evolving pathogen *Zymoseptoria tritici*. Traditional control methods, such as genetic resistance and fungicides, are losing efficacy against this pathogen. Therefore, integrated disease management combining various approaches emerges as a promising alternative.

This study aims to identify biological control agents (BCAs) adapted to durum wheat in Spain and to determine the evolutionary potential of *Z. tritici* to erode BCA-based control. A collection of 300 endophytic fungi isolated from local wheat varieties was created. We determined the potential antagonistic effect of the endophytes against *Z. tritici* by performing *in vitro* confrontation assays and we identified 30 potential inhibitors of the pathogen. Two promising candidates (R3E3 and R3E5) which showed *in vitro* inhibition were also tested *in planta*, by performing pre-treatments in either seeds or leaf seedlings of durum wheat with the endophytes prior to the inoculation with *Z. tritici*. Different levels of STB protection were found depending on the treatment and the endophyte: R3E3 significantly reduced STB lesions when pre-treating the seeds with this endophyte. R3E5 produced a significant decrease of symptom development when applying the endophyte on the leaves. These findings suggest that R3E3 and R3E5 are potential BCA candidates, as they inhibited growth of *Z. tritici* under axenic conditions and provided effective protection against the pathogen's infection. Moreover, we questioned whether the observed antagonism occurs similarly at the population level for *Z. tritici*. To address this question, a collection of 100 Spanish *Z. tritici* isolates were confronted with R3E3, showing variation in the inhibition area depending on the strain. Genome-wide association studies revealed a significant locus associated with tolerance towards R3E3. This research offers valuable insights into wheat endophyte communities and their interaction with the pathogen *Z. tritici*, underscoring the potential of the resident wheat microbiota for management of STB.

Financiado por: This work was supported by the Spanish Ministry of Science, Innovation and Universities ("Proyectos de Transición Ecológica y Transición Digital" TED2021-132093BI00). ADF obtained the "Ayudas María Zambrano para la atracción de talento internacional"



Postdoctoral Fellowship funded by the Spanish Ministry of Science, Innovation and Universities - Next Generation EU. PV was the recipient of the Margarita Salas (UPM UP2021-035, 2023). ASV was the recipient of the RYC2018-025530-I grant from MCIN/AEI and European Social Fund.

P.185. ToFBV: a Blunervirus with systemic movement capability in its natural host

Esmeralda Sanahuja-Edo¹, Mikhail Oliveira Leastro², Jesús Ángel Sánchez-Navarro², Ana Alfaro-Fernández¹, M^a Isabel Font-San-Ambrosio¹

1 Instituto Agroforestal Mediterráneo. Universitat Politècnica de València. Cno. Vera s/n. 46022, Valencia.

2 Instituto de Biología Molecular y Celular de Plantas, CPI-UPV, C/ del Ingeniero Fausto Elio, s/n, Algirós, 46011 Valencia.

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: cell-to-cell viral spread, Kitaviridae, movement protein (MP), systemic movement, tomato.

Resumen:

Tomato fruit blotch virus (ToFBV, *Blunervirus solani*, genus *Blunervirus*, family *Kitaviridae*), was first reported in Italy in 2018. ToFBV-infected tomato plants revealed uneven blotchy ripening and irregular rings on fruits; however, no clear virus-like symptoms were observed in leaves. In general, kitaviruses are characterized for producing locally restricted infections and showing deficient systemic movement probably due to suboptimal interactions with their hosts. The aim of this work was to determine the capacity of ToFBV to move systemically through its natural host. The activity of ToFBV-encoded movement protein for the cell-to-cell and systemic spread was experimentally tested using two distinct approaches: *trans*- and *cis*-movement complementation analyses. For the *trans*-movement complementation assay, agrobacterium culture transformed with a binary vector carrying the ToFBV MP was co-infiltrated with cultures containing tomato mosaic virus (ToMV)-GFP-MP (an MP defective ToMV clone carrying a GFP reporter gene substitution for the CP gene). At 6 days post-infection (dpi), the formation of GFP infectious foci confirmed the ToFBV MP cell-to-cell activity. To test whether ToFBV MP supports the movement of additional positive-stranded RNA viruses outside the 30K superfamily, we conducted similar *trans*-complementation assays with potato virus X (PVX)-GFP-p25, a p25-defective PVX mutant containing a GFP reporter gene. At 3dpi, an extensive GFP signal was visualized in several leaf zones indicating the capacity of this MP to rescue the defective movement of PVX. Finally, we tested the systemic activity of the ToFBV MP. To this end, the

ToFBV MP gene was inserted into the tobacco mosaic virus (TMV) infectious construction that expresses the DsRed, fused with the C-terminal 56 amino acids of the TMV MP (A56) by exchanging the TMV MP gene expressing the N-terminal residues. *In vitro*, transcripts from this heterologous construction were mechanically inoculated in *Nicotiana benthamiana*. Several DsRed fluorescence was reported in upper non-inoculated leaves, confirming the capacity of



ToFBV MP to support viral systemic transport. To confirm the systemic movement of the entire virus in its natural host, seeds from a ToFBV-contaminated tomato were grown under controlled conditions. Two months after sowing, a total of 400 emerged plants were grouped into sub-samples of 10 plants each, and the apical leaflet of the first fully developed leaf was analysed by RT-PCR with specific primers of a fragment of the RNA1. Four samples were positive to ToFBV, which constitute a transmission rate of 0.015%. This assay confirms the ability of ToFBV for systemic movement and the seed transmission of this kitiviridae member.

Financiado por: This work was supported by grant TED2021-131949B-I00 from the Spanish Ministerio de Ciencia y Educacion and Next Generation EU.

P.186. Characterization of the antifungal effect of *Bacillus amyloliquefaciens* against *Fusarium Oxysporum*

Aurora Yáñez Vilches¹, Carmen Ruiz Roldán¹, Antonio Di Pietro¹

¹ Departamento de Genética, Universidad de Córdoba

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: *Fusarium Oxysporum*, phytopathogens, biocontrol agents, *Bacillus amyloliquefaciens*, fungal pathogens

Resumen:

Fungal pathogens represent a major threat to productivity in agriculture. A promising alternative to chemical control is the use of biocontrol agents (BCAs) that compete with the pathogen or improve plant defence. The soil-borne ascomycete *Fusarium Oxysporum* comprises a large number of clonal isolates that cause devastating vascular wilt disease on more than 150 different crops. The bacterial BCA *Bacillus amyloliquefaciens* BO7 secretes antifungal lipopeptides (LPs) with strong inhibitory effect against *F. oxysporum* both in vitro and in the rhizosphere of tomato plants (Romano et al. 2011, J Nat Prod). The aim of this study is to understand the inhibitory mechanism of the LPs secreted by BO7 for its use in biocontrol and for the development of new control strategies against *Fusarium* wilt. For that purpose, the morphogenetic effect of BO7 lipopeptides on *Fusarium* was analyzed by microscopy and a variety of phenotypic assays such as drop tests or cellophane penetration assay. LPs trigger a rapid response in *Fusarium* and exhibit a synergistic effect in combination with cell wall destabilizing agents. The morphological and developmental changes elicited by LPs negatively affect the invasive ability of the fungus, causing reduced pathogenicity. In conclusion, *B. amyloliquefaciens* BO7 produces lipopeptides that reduce the pathogenicity of *F. oxysporum* making it a highly promising BCA.

Financiado por: Ministerio de Ciencia e Innovación, Agencia Estatal de Investigación



P.187. Antagonistic effect of volatile organic compounds from olive roots endophytic bacteria against the tomato vascular wilt pathogen *Fusarium Oxysporum*

Carlos Navarro Laguna¹, M. José Cardador Dueñas¹, Lourdes Arce Jiménez¹, Carmen Ruiz Roldán¹

¹ Campus Universitario de Rabanales, Córdoba

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: volatile organic compound, bacterial control agent, *Fusarium*, biological control

Resumen:

Fusarium Oxysporum (Fo) is a fungal phytopathogen that causes vascular wilt to numerous crops worldwide. Chemical fungicides play an important role in the prevention of plant diseases caused by fungal infections in plants, but their use entails important disadvantages. Currently, biological control with bacterial control agents (BCA) is one of the most promising alternatives. Recent research suggests that volatile organic compounds (VOCs) produced by rhizosphere microorganisms play important roles in signalling and biocontrol. In this study, the phenotypic effect of VOCs emitted by olive root bacterial BCAs (*Pseudomonas*) on Fo 4287 spore germination was analyzed using a sandwich plate assay. The results showed a significant reduction of Fo 4287 germination in response to VOCs emitted by *Pseudomonas* strains PICF6 and PICF7. In addition, emitted VOCs were identified by gas chromatography coupled to ion mobility spectrometry (GC-IMS) and mass spectrometry (GC-MS). The antifungal action of the pure identified VOCs was tested against Fo 4287 microconidia. The results suggest the existence of VOCs mediated molecular communication mechanisms between both microorganisms that could be of great interest for the biological control of Fo 4287. Additionally, the effectiveness of single VOCs previously identified against plant infection by Fo 4287 is currently being tested

Financiado por: Esta investigación ha sido financiada por el Ministerio de Ciencia e Innovación del Gobierno de España (proyecto TED2021-130262B-I00) y por la Universidad de Córdoba.



P.188. Genomics-assisted directed evolution for the development of biocontrol strains in the plant pathogen *Fusarium Oxysporum*

Cristina López Díaz¹, Dilay Hazal Ayhan², Juan Carlos Carmona Sánchez¹¹, Li-Jun Ma², Antonio Di Pietro¹

¹ Department of Genetics, University of Córdoba, Spain

² Department of Biochemistry and Molecular Biology, University of Massachusetts, Amherst, USA

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: Evolution, adaptation, NGS, biocontrol, mutation, pathogenicity

Resumen:

Root infecting vascular wilt fungi attack hundreds of crops worldwide and are extremely difficult to control by chemical fungicides. *Fusarium Oxysporum* comprises a species complex that causes vascular wilt disease in more than 150 different crops, provoking devastating losses in global agriculture. The evolutionary mechanisms underlying host adaptation and host range dynamics in this pathogen remain poorly understood. In an experimental evolution experiment, we obtained multiple independently evolved lines from a tomato pathogenic clone of *F. oxysporum* by performing serial passage on plates with different growth media. Interestingly, the plate-passaged lines displayed striking phenotypic differences compared to the initial clone, including a significant increase in colony growth speed and conidiation and a dramatic reduction in pathogenicity. Furthermore, some of these lines strongly outcompeted the ancestral pathogenic isolate when co-inoculated on tomato roots and effectively protected plants from vascular wilt disease. Re-sequencing of these lines revealed that the trajectories of mutational events leading to plate adaptation and concomitant loss of pathogenicity are highly reproducible and thus predictable. Currently, re-evolution experiments through tomato plants are carried out with the previously evolved lines to test the potential reversibility of the attenuated virulence phenotype upon successive passages under selective pressure on the plant host. Our findings suggest that genomics-assisted directed evolution of fungal root pathogens could be used to generate new non-transgenic biocontrol strains that offer a promising alternative to chemical fungicides for protection of crops against vascular wilt disease.

P.189. Intra- and inter- species Quorum Sensing in the vascular wilt fungi *Fusarium Oxysporum* and *Verticillium dahliae*

Alexandra Panagou¹, Ana Rodríguez López¹, Rafael Lucena Marín¹, Antonio Di Pietro¹

¹ Universidad de Córdoba

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: *Fusarium Oxysporum*, *Verticillium dahliae*, Fungal pathogen, Pathogenesis, Quorum sensing, Spore germination



Resumen:

Controlling plant pathogenic fungi such as *Fusarium Oxysporum* and *Verticillium dahliae* is extremely challenging due to their high persistence and tremendous adaptability. Identifying cellular processes that can serve as potential antifungal targets is a priority, achieved by studying both the interactions within the complex system of microbes and plants, as well as intermicrobial communication. A key process in microbial communication is “Quorum Sensing” (QS), a term that refers to the ability to chemically detect the surrounding population density through extracellular molecules. Spore germination in *F. oxysporum* is inhibited at high cell densities through a QS mechanism mediated, in part, by the small secreted peptide alpha-pheromone and its cognate membrane receptor (Vitale et al. 2019, Nat Microbiol). Here we analyzed liquid cultures and supernatants of *F. oxysporum* and *V. dahliae* for their ability to inhibit spore germination in *V. dahliae*. Our findings suggest the presence of a cellular dialogue based on intra- and interspecies QS signal molecules between these two vascular pathogens. Because QS affects fundamental biological processes in fungi such as germination, development and infection, our findings could identify potential targets for controlling fungal infections.

Financiado por: Ministerio de Ciencia e Innovación

P.190. An experimental evolution approach to study germination mechanisms in *Fusarium Oxysporum*

Rafael Lucena Marín¹, Pilar Gutiérrez Escribano¹, Aurora Yáñez Vilches¹, Jesús Mercado Blanco¹, Carmen Ruiz Roldán¹, Antonio Di Pietro¹

¹ Departamento de Genética, Facultad de Ciencias, Universidad de Córdoba, Campus de Excelencia Agroalimentario (ceiA3), Córdoba, España

² Department of Soil and Plant Microbiology, Estación Experimental del Zaidín, Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), Granada, Spain.

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: *Fusarium Oxysporum*, quorum sensing, spores, biocontrol, auxin, nonanoic acid, *Pseudomonas*

Resumen:

In pathogenic fungi, spore germination plays a pivotal role in the infection cycle making it a crucial target for antifungal control measures. The soil-borne ascomycete *Fusarium Oxysporum* poses a significant threat to global agriculture due to its ability to cause vascular wilt disease in more than 150 plant species, resulting in substantial economic losses. In this study, we tested the inhibitory effect of bioactive compounds on the germination of *F. oxysporum* microconidia. Our findings indicate that the fungal metabolite nonanoic acid, the phytohormone auxin, and the rhizosphere bacterium *Pseudomonas simiae* PICF7 exhibit a marked inhibitory effect on spore germination. Currently, we are using experimental evolution to understand the molecular mechanisms underlying the inhibitory effect on spore germination. The genes and cellular



pathways targeted by these compounds represent potential new targets for the control of fungal plant diseases.

Financiado por: Ayuda FPU22/04091

P.191. Cytosolic pH as a new mechanism of control in fungal virulence

Melani Mariscal¹, Tânia R. Fernandes², Antonio Di Pietro¹

1 Departamento de Genética, Universidad de Córdoba, Campus de Rabanales, 14014 Córdoba, Spain

2 GreenUPorto Sustainable Agrifood Production Research Centre / Inov4Agro & DGAOT, Faculty of Sciences, University of Porto, Campus de Vairão, 4485-646 Vairão, Portugal

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: fungal plant pathogen, *Fusarium Oxysporum*, cytosolic pH, pathogenicity, H⁺-ATPase, casein kinase

Resumen:

In fungi, pH acts a key player in development and virulence. We previously found that ambient pH governs plant infection in the vascular wilt pathogen *Fusarium Oxysporum* by reprogramming phosphorylation levels of mitogen-activated protein kinases (MAPKs). Using the ratiometric GFP-based pH sensor pHluorin, we found that *F. oxysporum* responds to extracellular alkalization and acidification with a transitory shift in cytosolic pH (pH_c). How pH_c control is linked to MAPK signaling is currently unknown. The essential plasma membrane H⁺-ATPase Pma1 is the major regulator of pH_c homeostasis in fungi. Pharmacological inhibition of Pma1 with Diethylstilbestrol (DES) triggers a rapid and sustained decrease of pH_c accompanied by rapid and transitory changes in MAPK phosphorylation. Here we used a combination of reverse genetics and live-cell imaging to investigate the role of the H⁺-ATPase Pma1 in pH_c homeostasis and virulence. A gene knockout of *F. oxysporum* casein kinase 1, which acts a negative regulator of Pma1, resulted in a marked increase of Pma1 activity accompanied by extracellular acidification and altered MAPK phosphorylation levels. Interestingly, the *ck1*⁻ mutants exhibited reduced growth and were impaired in invasive hyphal growth through cellophane membranes and in pathogenicity on tomato plants. Live-cell imaging of fluorescent Pma1-Clover revealed that this plasma membrane-localized H⁺-ATPase is excluded from the hyphal tip, suggesting a possible role in regulation of polarized growth. Overall, our results shed light on the regulation of pH_c and its role in development and virulence of fungal pathogens.

Financiado por: This work was supported by grants from the Spanish Ministry of Science and Innovation (MICINN, grant PID2019-108045RB-I00) and Junta de Andalucía (P20_00179) to A.D.P.; M.M. was supported by PhD fellowship BES-2017-082775 from MICINN. T.R.F. was supported by the Marie Curie ITN FUNGIBRAIN (FP7-PEOPLE-ITN-607963).