

FITOPATOLOGÍA

Publicación oficial de la Sociedad Española de Fitopatología



Año 2022

Número 7

XX CONGRESO DE LA SOCIEDAD ESPAÑOLA DE FITOPATOLOGÍA

24 - 26 Octubre 2022

Universitat Politècnica de València

vlcsef2022.com



ISSN (versión digital): 2659-2975

© SEF - Sociedad Española de Fitopatología
Dpto. de Protección Vegetal
Instituto Nacional de Investigación y
Tecnología Agraria y Alimentaria (INIA).
Ctra. de La Coruña Km 7,5, Madrid-28040.

Página web del Congreso:
<https://vlcsef2022.com/>

Secretaría técnica del congreso:
Equipo globalCOMUNICA S.L.

El Comité Organizador agradece la colaboración de los voluntarios Lorena Corachán, Víctor González, Carmen Grech, María Saiz, Pedro Serra y David Villar.

La responsabilidad del contenido de las colaboraciones publicadas en la revista corresponderá a sus autores, quienes autorizan la reproducción de sus artículos a la SEF exclusivamente para esta edición. La SEF no hace necesariamente suyas las opiniones o los criterios expresados por sus colaboradores.

Publicación Oficial de la Sociedad Española de Fitopatología.



ENTIDADES ORGANIZADORAS

Sociedad Española de Fitopatología (SEF)

Instituto Agroforestal Mediterráneo (IAM)

Instituto de Biología Molecular y Celular de Plantas (IBMCP)

Institut Valencià d'Investigacions Agràries (IVIA)

Universitat Politècnica de València (UPV)



UNIVERSITAT
POLITÈCNICA
DE VALÈNCIA

ENTIDADES PATROCINADORAS



CARTA DE BIENVENIDA

Queridos compañeros:

Después de dos intentos, 2020 y 2021, por fin podemos daros la bienvenida al XX Congreso de la Sociedad Española de Fitopatología (SEF), que se celebrará los días 24-26 de octubre de 2022 en Valencia. Como todos sabéis este Congreso estaba programado para el año 2020, año que la Asamblea General de las Naciones Unidas (UNGA) había declarado como el año Internacional de la Sanidad Vegetal “para aumentar la conciencia mundial sobre la sanidad vegetal y su papel en la mejora de la seguridad alimentaria”. Estos dos últimos años han sido especialmente difíciles para todos tanto profesional como socialmente. Constituye para el Comité Organizador una inmensa satisfacción y un gran honor acogeros en el incomparable marco de la Universidad Politécnica de Valencia como punto de inflexión que nos permita reactivar las relaciones profesionales entre los fitopatólogos y que la pandemia ha imposibilitado en los últimos años.

Uno de los principales fines estatutarios de la SEF es el de fomentar, facilitar, aunar y difundir trabajos en los diferentes aspectos de la Fitopatología. Y esto lo hacemos esencialmente en los congresos bienales de la Sociedad. Nuestros Congresos son pues los principales nichos para el intercambio de conocimiento, experiencias y tecnologías generados en el estudio de las enfermedades de las plantas en España. En un escenario de cambio global que va a condicionar los recursos energéticos, agroalimentarios y, en última instancia, nuestra forma de vida y nuestras relaciones con el ecosistema, los fitopatólogos nos enfrentamos al gran reto de conocer cómo este nuevo escenario modula o modifica el triángulo (o pirámide) de la enfermedad y por tanto necesitamos de una investigación más colaborativa que debe ser incentivada en estas ocasiones.

El Congreso se estructura en sesiones que abarcan los ámbitos fundamentales de la Fitopatología (Control, Resistencia a enfermedades, Manejo integrado, Detección y diagnóstico, Epidemiología, Interacción planta-patógeno, Manejo de enfermedades en la era genómica, Enfermedades emergentes, etc.) desde un punto de vista multidisciplinar, incluyendo abordajes agronómicos, moleculares, celulares y bioquímicos, entre otros.

Además de a nuestros expertos nacionales, hemos invitado a ponentes de reconocido prestigio internacional en las temáticas más actuales y posibilitado que nuestros jóvenes fitopatólogos tengan la oportunidad de presentar sus principales progresos en las más de 70 comunicaciones orales programadas o entre los más de 250 posters que estarán expuestos. Como es costumbre, queremos reconocer el esfuerzo y dedicación a estas presentaciones con los habituales premios a la mejor comunicación, al mejor póster y a la mejor fotografía científica y con el objeto de incentivar la divulgación de la Fitopatología, hemos convocado por segunda vez el premio de relatos cortos en Fitopatología (Fito-Relatos).

La ciudad de Valencia es una ciudad acogedora, luminosa y afable, en la que es posible degustar algo más que una paella y que alberga uno de los cascos históricos más grandes de Europa en el que se pueden percibir las confluencias de las diferentes culturas que la han moldeado.

Os animamos a que disfrutéis, científica y socialmente, del XX Congreso de la SEF y que, entre todos, ayudemos a que la Patología Vegetal tenga el reconocimiento social que se merece.

Recibid un cordial saludo en nombre
del Comité Organizador del XX Congreso SEF

Vicente Pallás

Presidente del Comité Organizador

Pág.	ÍNDICE
010	COMITÉ ORGANIZADOR
011	COMITÉ CIENTÍFICO
012	JUNTA DIRECTIVA SEF
013	PROGRAMA RESUMIDO
015	PROGRAMA COMPLETO
033	PONENCIAS
044	COMUNICACIONES ORALES
112	PÓSTERES GESTIÓN DE ENFERMEDADES
210	PÓSTERES EPIDEMIOLOGÍA
250	PÓSTERES INTERACCIÓN PLANTA PATÓGENO
320	PÓSTERES DETECCIÓN Y DIAGNÓSTICO





— COMITÉS

Comité organizador

Comité científico

COMITÉ ORGANIZADOR

Presidente	Vicente Pallás
Vicepresidente	Josep Armengol
Secretaría	Ester Marco
Tesoreros	Jesús Sánchez-Navarro Carmen Hernández
Vocales	Paloma Abad Ana Alfaro Mónica Berbegal José A. Daròs M ^a Isabel Font Carmelo López Antonio Olmos Lluís Palou Antonio Vicent



COMITÉ CIENTÍFICO

Presidente Vicente Pallás

Vicepresidente Josep Armengol

Secretaria Ester Marco

Vocales

- Paloma Abad
- Ana Alfaro
- Mónica Berbegal
- José A. Daròs
- M^a Isabel Font
- Carmelo López
- Antonio Olmos
- Lluís Palou
- Antonio Vicent
- Jesus Sánchez-Navarro
- Carmen Hernández
- Nieves Capote
- Francisco Cazorla
- Carolina Escobar
- Arancha Moreno
- Diego Olmo
- Soledad Sacristán



JUNTA DIRECTIVA SEF

Presidente	Vicente Pallás
Vicepresidenta	Carolina Escobar
Tesorero	Francisco Manuel Cazorla López
Secretaria	Aránzazu Moreno Lozano
Vocales	Nieves Capote Carmen Hernández Diego Olmo Soledad Sacristán Antonio Vicent



— PROGRAMA

Resumido

LUNES 24 OCTUBRE

- 09:30—13:00 SIMPOSIO FITORES | Registro participantes congreso
13:00—15:00 Recepción, cóctel de bienvenida y colocación de pósteres
15:00—15:45 Inauguración oficial del congreso
15:45—16:30 Ponencia Plenaria I
16:30—17:15 Ponencia Plenaria II
17:15—17:45 Café
17:45—18:45 Sesión Plenaria I: Amenazas Emergentes

MARTES 25 OCTUBRE

- 09:00—9:45 Ponencia Plenaria III
09:45—10:30 Ponencia Plenaria IV
10:30—11:00 Ponencia Invitada I
11:00—12:00 Café y Sesión de pósteres
12:00—13:00 Sesión Plenaria II: Interacción Planta-Patógeno
13:00—15:00 Comida
15:00—16:30 Sesiones Simultáneas 1
16:30—17:00 Café
17:00—18:30 Sesiones Simultáneas 2
18:45—20:00 Asamblea General de Socios y Renovación Junta Directiva SEF

MIÉRCOLES 26 OCTUBRE

- 09:00—9:45 Ponencia Plenaria V
09:45—10:15 Ponencia Invitada II
10:15—10:45 Ponencia Invitada III
10:45—12:00 Café y Sesión de pósteres
12:00—13:00 Sesión Plenaria III: Control de Enfermedades
13:00—15:00 Comida
15:00—16:30 Sesiones Simultáneas 3
16:30—17:00 Café
17:00—17:30 Ponencia Invitada IV
17:30—18:30 Ponencia Extraordinaria
18:30—18:45 Clausura Oficial del Congreso y Presentación del XXI Congreso SEF
21:00 Cena de Gala y Entrega de Premios (Rte. La Ferradura)



— PROGRAMA

Completo



PROGRAMA COMPLETO

Localización de salas:

-  Salón de actos edificio NEXUS
-  Salón de actos cubo AZUL
-  Salón de actos cubo ROJO
-  Salón de actos cubo AMARILLO

LUNES 24 DE OCTUBRE



09:30—13:00

SIMPOSIO FITORES

Retos actuales del control químico de enfermedades:
gestión de resistencias, aspectos regulatorios y uso sostenible

Registro de participantes en el congreso SEF y entrega de documentación



13:00—15:00

Recepción, cóctel de bienvenida
y colocación de pósteres



15:00—15:45

Inauguración oficial del congreso



15:45—16:30

Ponencia Plenaria I

Presentación por parte de Ester Marco (IVIA, Valencia)

- **Angela SESSITSCH** (Austrian Institute of Technology [AIT], Vienna)

The plant microbiome: ecology, functions, and benefits for crop production



16:30—17:15 Ponencia Plenaria II

Presentación por parte de Carmen Hernández (IBMCP, UPV-CSIC, Valencia)

- **Leandro PEÑA** (IBMCP, UPV-CSIC, Valencia)
Huanglongbing, the most threatening citrus disease is approaching the Mediterranean

17:15—17:45 Café



17:45—18:45 Sesión Plenaria I: Amenazas Emergentes

Moderadores: Jaime Cubero e Isabel Font

- **Martina Cendoya** (IVIA, Valencia)
*Efecto de las barreras de dispersión en la distribución de *Xylella fastidiosa* en Alicante mediante modelos espaciales no estacionarios*
- **Laura Montesinos Barreda** (Universitat de Girona)
*Control de infecciones causadas por *Xylella fastidiosa*, *Ca. Liberibacter* spp. y otras bacterias fitopatógenas mediante un péptido bifuncional con actividad lítica y estimuladora de defensas*
- **Ana Alfaro-Fernández** (UPV, Valencia)
Nuevo tobamovirus en pimiento: caracterización molecular y avances en su epidemiología
- **Sara García Figuera** (UC, Davis, California)
Collective action for huanglongbing management in California



MARTES 25 DE OCTUBRE



9:00—9:45

Ponencia Plenaria III

Presentación por parte de Carolina Escobar (Universidad Castilla La Mancha, Toledo)

- **Godelieve GHEYSEN** (Ghent University, Belgium)
Plant-parasitic nematodes, do they interact with their hosts as herbivores or biotrophic pathogens?



9:45—10:30

Ponencia Plenaria IV

Presentación por parte de José A. Daròs (IBMCP, UPV-CSIC, Valencia)

- **Kristiina MÄKINEN** (University of Helsinki, Finland)
Protein complex involved in potyvirus RNA functions and its potential in resistance breeding



10:30—11:00

Ponencia Invitada I

Presentación por parte de Antonio Vicent (IVIA, Valencia)



- **Emilio RODRÍGUEZ CEREZO** (Joint Research Centre [JRC], Sevilla)
Status of new genomic techniques as a tool for breeding resistant crop varieties



11:00—12:00 Café y Sesión de pósteres



12:00—13:00 Sesión Plenaria II: Interacción Planta-Patógeno

Moderadores: Gustavo Gómez y Montserrat Martín

- **Virginia Casado del Castillo** (Univ. de Salamanca-CIALE)
FOSP1G_05432, ortólogo de Bcin04g03490 en Botrytis cinerea, nuevo factor de patogenicidad en Fusarium oxysporum
- **Fernando Ponz** (CBGP, Madrid)
Mutual interdependence between plant development stage and developmental traits with viral infection of RNA viruses: from floral induction and fertility to secondary cell wall deposition
- **José S. Rufián** (IHSM-UMA-CSIC, Málaga)
Factores de virulencia conservados en bacterias fitopatógenas alteran el metabolismo del azufre en plantas durante la interacción planta-patógeno
- **José A. Navarro** (IBMCP, CSIC-UPV, Valencia)
The mitochondrial and chloroplast dual targeting of a multifunctional plant viral protein modulates chloroplast-to-nucleus communication, RNA silencing suppressor activity, encapsidation, pathogenesis and tissue tropism



13:00—15:00 COMIDA



15:00—16:30 Sesiones Simultáneas 1



SS1.1: Interacción Planta-Patógeno

Moderadores: Emilia López Solanilla y Juan J. López Moya

- **Víctor J. Carrión** (IHSM-UMA-CSIC, Málaga)
Unlocking the secrets of plant microbiomes
- **Jorge Poveda Arias** (Universidad Pública de Navarra)
Desarrollo de múltiples mecanismos de acción por aislados endófitos
- **Carla Lavado-Benito** (IHSM-CSIC-UMA, Málaga)
*El sistema de dos componentes GacS/GacA regula la expresión de factores de virulencia y patogenicidad en *Pseudomonas savastanoi* pv. *savastanoi* NCPPB3335*
- **Claudia Sanchis López** (Universidad Politécnica de Madrid)
Prevalence and specificity of chemoreceptor profiles in plant-associated bacteria
- **Francisco Borja Cuevas-Fernández** (Universidad de Salamanca-CIALE)
*The *Colletotrichum graminicola*-specific effector CgEP3 takes part in virulence during the early development of maize anthracnose*
- **Ana López-Moral** (Universidad de Córdoba)
*Efecto de desequilibrios nutricionales de N y K en la infección de *Verticillium dahliae* en olivo*



15:00—16:30 Sesiones Simultáneas 1



SS1.2: Detección y Diagnóstico/ Gestión de Enfermedades

Moderadores: Diego Olmo y Ana Alfaro

- **Pilar Sabuquillo** (INIA, Madrid)
Detección de células viables y no viables de Xanthomonas arboricola pv. pruni
- **María Victoria Berlanga Clavero** (IHSM-CSIC-UMA, Málaga)
Fengicina y la proteína amiloide TasA de Bacillus subtilis estimulan el crecimiento y la inmunización de las plantas actuando sobre reservas de la semilla
- **Laura Romero-Cuadrado** (IFAPA Centro Las Torres, Sevilla)
Hacia un control más sostenible de las enfermedades de madera del almendro
- **Antonio Olmos** (IVIA, Valencia)
El estudio del viroma del olivo mediante secuenciación masiva permite el avance de la taxonomía viral y plantea nuevos interrogantes
- **Jorge Martín** (Universidad de Valladolid)
Efecto antagonista de hongos nematófagos contra el nemátodo de la madera del pino (Bursaphelenchus xylophilus)
- **Enrique Moriones** (IHSM-UMA-CSIC, Málaga)
Control of the crinivirus tomato chlorosis virus in tomato: host plant resistance to the virus and to the whitefly vector



15:00—16:30 Sesiones Simultáneas 1



SS1.3: Epidemiología

Moderadores: Mónica Berbegal y Elena Lázaro

- **Gemma Pons-Solé** (IRTA, Barcelona)
*Modelización del inóculo aéreo de *Polystigma amygdalinum* para optimizar el control de la mancha ocre del almendro*
- **Ilenia Clavero Camacho** (IAS-CSIC, Córdoba)
*Prevalencia y factores ecológicos que determinan la distribución de nematodos fitoparásitos en plantaciones de *Prunus* en España*
- **Pilar Rabadán** (CEBAS-CSIC, Murcia)
Long-term monitoring and genetic dynamics of cucurbit aphid-borne yellows virus and watermelon mosaic virus in melon and zucchini crops
- **Antonio Archidona Yuste** (IFAPA, Córdoba)
Limitaciones de la agricultura ecológica en la conservación de la diversidad de nematodos del suelo e implicaciones en el manejo de nematodos fitoparásitos
- **Àlex Giménez-Romero** (IFISC, Palma de Mallorca)
Global risk predictions for Pierce's disease of grapevines
- **Elisa González Domínguez** (UCSC, Piacenza, Italy)
*Biocontrol of *Botrytis cinerea* as influenced by environmental conditions*



16:30—17:00 Café



17:00—18:30 Sesiones Simultáneas 2



SS 2.1: Interacción Planta-Patógeno. Hongos

Moderadores: José F. Marcos y Rosario Torres

- **María Villarino Pérez** (INIA-CSIC, Madrid)
Metabolismo secundario de Monilinia laxa implicado en su fase inicial de infección en nectarinas
- **Martina Cardoni** (IAS-CSIC, Córdoba)
¿Cómo afecta la introducción de dos agentes de control biológico efectivos frente a la verticilosis a la microbiota de la raíz de olivo?
- **Pierre Hohmann** (FiBL/BETA/IRTA, Vic)
Host-dependent microbiome attributes provide markers for resistance against pathogen complexes
- **Luis V. López Llorca y Federico López-Moya** (Universidad de Alicante) *Biocontrol Fungi, Chitosan and Plant Pathogens: Crop immunity and trojan horses*
- **Julio J. Díez** (Universidad de Valladolid)
Identificación, caracterización y análisis funcional de los ARNncl en Pinus radiata en respuesta a la infección por Fusarium circinatum
- **Francisco Beluzán Flores** (UPV-IAM, Valencia)
Patogenicidad de especies de oomicetos a diferentes portainjertos híbridos de Prunus



17:00—18:30 Sesiones Simultáneas 2



SS2.2: Gestión de Enfermedades

Moderadores: Luis González Candelas y Nieves Capote

- **María Luisa Domingo-Calap** (Tragsa-IVIA, Valencia)
*Bacteriófagos para el control de la bacteria fitopatógena *Xylella fastidiosa**
- **Rafael Villar Moreno** (Universidad de Málaga)
*Construcción de una comunidad sintética de tres *Pseudomonas chlororaphis* como modelo de estudio de interacciones bacteria-bacteria y planta-bacteria*
- **Ana Márquez-Caro** (Universidad de Sevilla)
Optimización del uso de residuos orgánicos en la desinfestación anaeróbica de suelo contra la podredumbre carbonosa en fresa
- **Ana-Rosa Ballester** (IATA-CSIC, Valencia)
*Desarrollo de cepas no micotoxigénicas de *Aspergillus carbonarius* como posibles agentes de biocontrol*
- **Miriam Díaz-Díaz** (CBQ-UCLV, Cuba)
*Actinobacterias como potenciales agentes de biocontrol frente a *Macrophomina phaseolina* y *Rhizoctonia solani* asociados con la podredumbre de raíz y tallo de la judía común*
- **Alberto Fereres** (ICA-CSIC, Madrid)
*Cultural strategies to disrupt landing and settlement of the HLB vector *Trioza erytreae**



17:00—18:30 Sesiones Simultáneas 2



SS2.3.: Interacción Planta-Patógeno. Virus

Moderadores: M^a Ángeles Ayllón y José A. Navarro

- **Ana Ruiz-Padilla** (INIA-UPM, Madrid)
Construcción del clon infeccioso de Botrytis virus F y caracterización en Botrytis cinerea
- **Isabel M. Fortes** (IHSM-UMA-CSIC, Málaga)
The crinivirus tomato chlorosis virus enhances the breakdown of Ty-1-based begomovirus resistance in tomato plants
- **Helena Martín Rivilla** (CBGP-UPM-INIA, Madrid)
Relationship between cell wall and virulence in plant-virus interactions
- **Adriana Cisneros** (IBMCP, CSIC-UPV, Valencia)
Downregulation of tomato STEROL GLYCOSYLTRANSFERASE 1 perturbs plant development and facilitates viroid infection
- **Miryam Pérez-Cañamás** (IBMCP, CSIC-UPV, Valencia)
Protein P0 of Pepper vein yellows virus 5: natural variability and mechanisms underlying its RNA silencing suppressor activity
- **Cristina Sáez** (I2SysBio, UV-CSIC, Valencia)
Identification and functional validation of a candidate gene linked to Tomato leaf curl New Delhi virus resistance in melon



18:45—20:00 Asamblea General de Socios y Renovación Junta Directiva SEF



MIÉRCOLES 26 DE OCTUBRE



9:00—9:45

Ponencia Plenaria V

Presentación por parte de Josep Armengol (UPV-IAM, Valencia)

- **Renaud IOOS** (ANSES, Nancy, France)
A new European Union Reference Laboratory on pathogenic fungi, what for?



9:45—10:15

Ponencia Invitada II

Presentación por parte de Lluís Palou (IVIA, Valencia)

- **Neus TEIXIDÓ** (IRTA, Lleida)
Estrategias alternativas para el control de las podredumbres de postcosecha en fruta: ¿es el momento oportuno para su introducción a nivel comercial?



10:15—10:45

Ponencia Invitada III

Presentación por parte de Arancha Moreno (ICA-CSIC, Madrid)



- **Blanca LANDA** (IAS-CSIC, Córdoba)
Main collective efforts among research groups contributed to answer key aspects for Xylella fastidiosa management at European level



10:45—12:00 Café y Sesión de pósteres



12:00—13:00 Sesión Plenaria III: Control de Enfermedades

Moderadores: Julio J. Díez-Casero y Soledad Sacristán

- **David Gramaje** (ICVV, Logroño)
Protección de heridas de poda contra infecciones naturales por hongos de la madera de la vid.
- **Irene Villar Rúa** (CRAG, Barcelona)
Niemann Pick Protein C1, a cholesterol transporter involved in Cucumber mosaic virus infection in melon.
- **Adrià Bugada** (CRAG, Barcelona)
Improving the biotechnological production of fungal AFPs in plants for crop and postharvest protection.
- **Jonatan Niño Sánchez** (UCA, Riverside, USA)
Spray-induced gene silencing through artificial nanovesicles for plant protection.



13:00—15:00 COMIDA



15:00—16:30 Sesiones Simultáneas 3



SS3.1: Interacción Planta-Patógeno

Moderadores: Israel Pagán y Carolina Escobar

- **Manuel Anguita-Maeso** (IAS-CSIC, Córdoba)
Factores determinantes y modificadores asociados a las comunidades microbianas presentes en el xilema del olivo
- **Nieves López-Pagán** (IHSM-UMA-CSIC, Málaga)
*Contribution of phenotypic heterogeneity to plant colonization by *Pseudomonas syringae**
- **Clara Gálvez Roldán** (CBGP-UPM, Madrid)
*Characterization of *Dickeya dadantii* 3937 Chemoreceptors and their involvement in virulence*
- **Sara Cuesta-Morrondo** (INIA/CSIC, Madrid)
*Comportamiento de *Xanthomonas arboricola* pvs. *pruni*, *juglandis* y *corylina* ante diferentes condiciones bióticas y ambientales*
- **Gustavo Gómez** (I2SysBio, CSIC-UV, Valencia)
Functional evidence supporting the potential coding capacity of exogenous circular RNAs in plants
- **Araceli G. Castillo** (IHSM-UMA-CSIC, Málaga)
Complex interaction among virus-plant-vector in the tomato yellow leaf curl disease (TYLCD)



15:00—16:30 Sesiones Simultáneas 3



SS3.2: Gestión de Enfermedades

Moderadores: David Gramaje y M^a Luisa Domingo-Calap

- **Luis González-Candelas** (IATA-CSIC, Valencia)
¿Puede ser la quelación de metales una alternativa para el control de podredumbres fúngicas postcosecha de frutos?
- **Ana Ruiz Padilla** (CBGP-UPM-INIA, Madrid)
Caracterización del micoviroma de Botrytis cinerea aislado de viñedos infectados de España e Italia
- **Eva Sánchez-Hernández** (Universidad de Valladolid)
Nanotransportadores basados en quitosano y nitruro de carbono para el control de enfermedades de la madera de la vid
- **Lluís Palou** (CTP-IVIA, Valencia)
Recubrimientos comestibles antifúngicos para la preservación de fruta fresca en poscosecha
- **Jordi Cabrefiga** (IRTA, Cabriels)
Epidemiología y control de la Alternariosis del manzano
- **Aïda Magdalena Fullana Pons** (UPC, Barcelona)
La rotación de germoplasma resistente a Meloidogyne es útil para gestionar poblaciones (a)virulentas al gen Mi1.2 de tomate y reducir las pérdidas de producción



15:00—16:30 Sesiones Simultáneas 3



SS3.3.: Epidemiología

Moderadores: Juan A. Navas y Elisa González Domínguez

- **Rafael De Andrés Torán** (UPM, Madrid)
Factores que determinan la eficacia de Nicotiana glauca como reservorio de un patógeno importante de cultivos: el virus del mosaico verde atenuado del tabaco (TMGMV)
- **Rocío Galán-Cubero** (ICA-CSIC, Madrid)
Virus de transmisión circulativa y no circulativa acentúan sus efectos en infección mixta sobre sus pulgones vectores
- **Luis F. Arias-Giraldo** (IAS-CSIC, Córdoba)
Modelización de los factores ambientales que determinan la incidencia y distribución potencial de patógenos vasculares del olivo en Andalucía
- **Adrián D. Zamfir Velea** (UPM-INIA, Madrid)
Efecto de la heterogeneidad ecológica en los patrones de infección y gama de huéspedes de virus de plantas
- **Rafael Campos Figueras** (Universidad de Córdoba)
Impacto de la vibración del árbol en la dispersión de conidios de Venturia oleaginea, agente causal del Repilo del olivo
- **Ariadna Giné Blasco** (UPC, Barcelona)
Dinámica de población de Meloidogyne incognita y M. javanica en tomate sin injertar e injertado en Solanum torvum y pérdidas de producción



16:30—17:00 Café





17:00—17:30 Ponencia Invitada IV

Presentación por parte de Paloma Abad (UPV-IAM, Valencia)

- **Dolores FERNÁNDEZ-ORTUÑO** (UMA, Málaga)
¿Pueden los oligonucleótidos convertirse en una alternativa a los fungicidas convencionales para el control de hongos fitopatógenos?



17:30—18:30 Ponencia Extraordinaria

Presentación por parte de Vicente Pallás (IBMCP, CSIC-UPV, Valencia)

- **Fernando GARCÍA-ARENAL** (CBGP, Madrid)
Virus evolution, virus emergence, and the control of viral diseases in crops



18:30—18:45 Clausura Oficial del Congreso y Presentacion del XXI Congreso SEF

21:00 **Cena de Gala y Entrega de Premios**
Rte. La Ferradura, Alborai (Valencia)



— PONENCIAS

Ponencias plenarias,
ponencias invitadas y
ponencias extraordinarias

The plant microbiome: ecology, functions, and benefits for crop production

Angela Sessitsch, Stéphane Compant, Friederike Trognitz & Günter Brader
angela.sessitsch@ait.ac.at,

AIT Austrian Institute of Technology GmbH, Health & Environment Department, Bioresources Unit, 3430
Konrad-Lorenz-Strasse 34, 3430 Tulln, Austria

The plant microbiome is considered as an accessory genome for plant providing complementary functions to their host such as nutrient mobilization and acquisition or functions to better cope with biotic and abiotic stresses. A number of microorganisms has been identified and selected for application as biofertilizer, plant strengthener or biopesticide and benefits seen in lab and greenhouse trials are highly promising. Nevertheless, field application remains a challenge. Reasons for this include the extreme complexity of plant-associated microbiota with which an inoculant strain has to compete or the poor availability of suitable delivery approaches for microbial inoculants. Furthermore, still mechanistic understanding on plant-microbe interactions or on holobiont interactions is missing. Ecological understanding, science-driven product development and smart delivery approaches are likely to improve plant microbiome applications and will pave the way to the integration of microbiome functions in smart agricultural systems. In this talk different aspects on microbiome understanding and applications will be provided together with a view on how to address current challenges in this field.



Huanglongbing, the most threatening citrus disease is approaching the Mediterranean

Leandro PEÑA

IBMCP, CSIC-UPV, Valencia

“Huanglongbing” (HLB) refers to a citrus disease whose most distinctive symptoms are easily confused with nutritional deficiencies. It was originated in Southeast Asia/India, but now HLB is expanding to new areas in Africa and the Americas. HLB is considered the most devastating citrus disease due to (i) its rapid dispersal, (ii) the aggressiveness of its symptoms, (iii) the high losses in production and fruit quality (iv) the cost and difficulty of preventing new infections and (v) the absence of durable control mechanisms. HLB is associated to phloem-restricted Gram-negative α -proteobacteria ‘*Candidatus Liberibacter asiaticus*’ (CLas) and ‘*Ca. L. africanus*’ (CLaf) species, named in reference to the continent where they were first detected, being CLas the most aggressive. HLB associated bacteria are transmitted from infected material by grafting and insect psyllid vectors *Trioza erytreae* (mostly in Africa) and *Diaphorina citri* (mostly in Asia and America), both able to transmit CLas and CLaf. In the last 15 years, CLas has expanded to almost all citrus regions worldwide except the Mediterranean basin while CLaf is currently restricted to Africa and the Arabian Peninsula. Despite both vectors have been listed as quarantine pests in the EU for years, *T. erytreae* entered Canary Islands, Madeira and it is currently spreading across the northwest of the Iberian Peninsula while *D. citri* has been found in 2021 in Netanya area (Israel). HLB is considered as one of the 20 priority pests of the EU and among the 3 most concerning ones in terms of potential incidence. HLB economic impact is devastating. For example, Florida (USA), where the infected trees are not removed, HLB infection has increased production costs by 283% while production has decreased by 74%, and the number of citrus growers, juice processing facilities, and packinghouses have downsized more than 60%. In the case of the Mediterranean, the arrival of HLB could be even more dramatic because small plantings of less than 1 Ha predominate and the spread of the disease would be more difficult to control. Prevention, mitigation and control mechanisms proposed for the EU citrus will be outlined.



Plant-parasitic nematodes, do they interact with their hosts as herbivores or biotrophic pathogens?

Godelieve Gheysen

Dept. Biotechnology, Ghent University, Ghent, Belgium.

Plant-parasitic nematodes are microscopic animals that infect plants, and the sedentary nematodes engage in a sophisticated long-term biotrophic interaction with their host. Our research focuses on rice (*Oryza sativa*) and tomato (*Solanum lycopersicum*) to analyse the interaction with nematodes at the cellular and molecular level.

To get a comprehensive overview of the compatible plant response to nematode infection, mRNA sequencing was performed on rice after nematode infection. Local infected tissue was compared with systemic tissue after infection by the root-knot nematode *Meloidogyne graminicola* and with control tissue of the same developmental stage. One of the results is the downregulation of plant defense genes locally and systemically after root-knot nematode infection. Interestingly, both the jasmonate and salicylate biosynthetic pathways were strongly downregulated at the infection sites (called giant cells) of the root-knot nematodes. In contrast to the prevailing idea at that time, these pathways are not antagonistic in the rice-*Meloidogyne* interaction.

Nematode effectors secreted in the plant by the nematode are essential for successful parasitism. In our research, we are also analyzing how nematode effectors suppress the plant defense response and interfere with plant hormone pathways.

As underground hidden pests, nematodes are often underestimated as causes of yield loss in rice cultivation. In aerobic rice cultivation however, it is clear that *Meloidogyne graminicola* is one of the reasons for yield decline. Our research indicates that *M. graminicola* infection can also predispose the rice plant to other diseases.



Protein complex involved in potyvirus RNA functions and its potential in resistance breeding

Kristiina Mäkinen

Department of Microbiology and Viikki Plant Science Centre, University of Helsinki, Finland

The complexity of the processes involved in the replication, translation and spread of viruses in plants has become apparent in recent years. Hundreds of host proteins that either promote or combat viral infection are involved. Potyviruses represent a large group of viruses with a single-stranded, positive-sense RNA genome and flexuous, filamentous particles. They cause devastating diseases in many crops globally and endanger food safety at some geographical locations. Novel solutions to combat potyviral diseases in crop plants are needed. We have collected data on the composition of a protein complex associated with PVA infection and functionally analyzed its role in stability, translation, and encapsidation of PVA RNA. The PVA proteins VPg, HCPro and CI as well as the host proteins ribosomal P0, eIF(iso)4E, ARGONAUTE 1 and VARICOSE form an interaction network that directs PVA RNA to a pathway that bypasses RNA silencing and results in active viral protein synthesis on polysomes. Interestingly, the effect of the above proteins also extends to the systemic spread and transmission of viral infection, possibly since the interactions between them stabilize the parts of the particle that protect the 5' end of the PVA RNA. I will discuss the prospects of engineering the discovered susceptibility genes for durable potyvirus resistance.



Nuevas técnicas genómicas como herramienta para la obtención de variedades resistentes

Emilio Rodríguez Cerezo
Comisión Europea, JRC (*Joint Research Centre*)

Se presentará un estudio^[1] de las aplicaciones comerciales de las nuevas técnicas genómicas (NGT). Las NGT se definen a los efectos de este estudio como “técnicas que pueden alterar el material genético de un organismo, desarrolladas tras la publicación de la Directiva 2001/18/CE de la UE”.

Las NGT pueden clasificarse con arreglo a varios criterios, por ejemplo según su mecanismo de acción : (1) técnicas que crean una ruptura de doble cadena en el ADN, incluidas las técnicas de nucleasas dirigidas (SDN) como CRISPR, TALEN, ZFN y otras, cuyo uso puede conducir a la mutagénesis (aplicaciones comúnmente denominadas SDN-1 y SDN-2) y también a la cisgénesis, intragénesis o transgénesis (aplicaciones denominadas SDN-3) y (2) técnicas que implican una ruptura del ADN de una sola cadena (ssDNA) o ninguna ruptura en el ADN, como la mutagénesis dirigida por oligonucleótidos (ODM), o los editores de base.

Otros grupos de técnicas más recientes no alteran el genoma sino que pretenden modificar el epigenoma o directamente el ARN. Sin embargo, su aplicación comercial es todavía prácticamente inexistente de acuerdo con nuestros resultados.

La ponencia se enfocará a los resultados relevantes para la agricultura (plantas y algunos microorganismos) y en concreto en las aplicaciones identificadas como desarrollo de variedades resistentes a plagas y enfermedades.

[1] Parisi, C. and Rodríguez Cerezo, E., Current and future market applications of new genomic techniques, EUR 30589 EN, Publications Office of the European Union, Luxembourg, 2021, ISBN 978-92-76-30206-3, doi:10.2760/02472, JRC123830.



A new European Union Reference Laboratory on pathogenic fungi, what for?

Renaud Ioos (renaud.ioos@anses.fr)

Director of European Union Reference Laboratory for fungi and oomycetes French Agency for Food, Environmental and Occupational Health & Safety (ANSES), Nancy, France

Faced with the dangers posed to Europe by emerging pests, the European Union has recently changed its plant health regulation. Among the measures taken, the EU has called for application and selected European reference laboratories (EURL) in the field of plant health, in virology, entomology, nematology, bacteriology and mycology. The major objectives of these EURLs are to prepare the Europe Union better for the potential outbreaks of pests and diseases and to avoid the introduction of exotic pathogens. The EURLs have to coordinate a network of national reference laboratories (NRLs) to ensure that all laboratories in Europe use the same standards for fast and accurate detection of diseases and pests. The EURL mandate for fungi and oomycetes is held by ANSES, in France. The main missions of the EURL are to validate and promote analytical methods, to organize technical training and annual workshops, to maintain and disseminate reference strains of regulated fungi, to organize inter-laboratory proficiency tests, and to assist EU member states in emergency diagnosis. Finally, the EURL carries out scientific monitoring and disseminates information on regulated or emerging pests to its network of EU national reference laboratories via a website and a newsletter.



Estrategias alternativas para el control de las podredumbres de postcosecha en fruta: ¿es el momento oportuno para su introducción a nivel comercial?

Neus Teixidó, Carla Casals, Josep Usall y Rosario Torres

IRTA, Programa de Postcollita, Edificio Fruitcentre, Parque Científico y Tecnológico Agroalimentario de Lleida, Parque de Gardeny, 25003 Lleida

Tradicionalmente y hasta la actualidad, los fungicidas químicos han sido la forma comúnmente utilizada para el control de las podredumbres de la fruta. Y aunque llevamos tiempo explicando que existe cada vez una mayor preocupación por el medio ambiente, la salud humana y los riesgos asociados al uso de pesticidas, hasta el momento las estrategias alternativas han tenido un nivel de uso bajo comercialmente. Sin embargo, los nuevos retos que nos marca el “Green Deal” para el 2030: un aumento de la agricultura ecológica (25%) y una disminución del 50% de los pesticidas químicos, hace que la necesidad de estrategias eficaces de control alternativas sea inminente.

Durante los últimos 25 años se ha hecho un esfuerzo de investigación muy importante para desarrollar sistemas de control de patógenos respetuosos con el medio ambiente, con un número espectacular de publicaciones asociadas. El control biológico, las sustancias naturales, los químicos de bajo riesgo y los tratamientos físicos, han sido las principales aproximaciones trabajadas, con diferentes niveles de éxito, pero poca aplicación en el mercado. Las razones del bajo éxito son la inconsistencia y variabilidad de resultados, el estrecho espectro de acción, las dificultades en la formulación en el caso del biocontrol y en especial las limitaciones regulatorias. La solución real necesita integrar las diferentes herramientas y conocimientos para conseguir el control deseado.

El objetivo de esta ponencia es hacer una revisión de los esfuerzos de nuestro grupo para desarrollar estrategias de control alternativas para el control de enfermedades fúngicas de postcosecha de fruta.



Main collective efforts among research groups contributed to answer key aspects for *Xylella fastidiosa* management at European level

Blanca B. Landa

Filiación: Departamento de Protección de Cultivos, Instituto de Agricultura Sostenible (IAS), Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), 14004, Córdoba, España.

Outbreaks of the quarantine plant pathogenic bacterium *Xylella fastidiosa* (*Xf*) in Europe are the best example of the devastating consequences that the introduction of an emerging plant pathogen can originate when it establishes and spreads in a naïve region. The situation caused by *Xf* shaped the new EU Plant Health Law (Regulation EU 2016/2031), now with more emphasis on border control, early detection, information and crisis preparedness. In the last 7 years, collective efforts among research groups within two international research consortia (POnTE and XF-ACTORS) supported by the EU Commission, and research initiatives at national and regional level in Spain (e.g. E-RTA2017-00004-C06) contributed to fill several knowledge gaps on *Xf* in Europe and develop fundamental information on several key aspects for *Xf* management, some of which will be presented in this talk: i) Characterizing the genetic population structure of *Xf* in the different EU outbreaks and linking the genetics of the bacterium with its pathways of entry, ii) understanding the epidemiology of *Xf* diseases through modeling its development and risk assessment; iii) testing and developing new diagnostic tools based on molecular and proximal- and remote-sensing approaches; and iv) searching for new control tools targeting the bacterium in the plant (plant microbiome) or searching for host resistance. Nevertheless, although these findings answered some important questions, they brought up additional ones, illustrating that there is still much to be studied, in particular on the pathogen-host interactions and host resistance/tolerance and search for new innovative, sustainable approaches for pathogen control which is expected to be covered by 'BeXyl' a new Horizon Europe Project leaded by IAS-CSIC.



¿Pueden los oligonucleótidos convertirse en una alternativa a los fungicidas convencionales para el control de hongos fitopatógenos?

Dolores Fernández-Ortuño^{1,2*}

¹Dpto. de Microbiología, Facultad de Ciencias, Universidad de Málaga; Email: dfernandez-ortuno@uma.es

²Dpto. de Microbiología y Protección de Cultivos, Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea (IHSM-UMA-CSIC) "La Mayora", Campus de Teatinos, Málaga. Email: dfernandez-ortuno@ihsm.uma-csic.es

La producción agrícola sigue siendo afectada por una gran cantidad de plagas y enfermedades que reducen considerablemente el rendimiento de los cultivos. Para tratar de evitar estas pérdidas y mejorar su productividad, en algunos cultivos es imprescindible el uso de agroquímicos sintéticos. Sin embargo, la diversidad de pesticidas disponibles para los productores podría verse más restringida, no solo por la actual legislación europea sobre pesticidas [Directiva 2009/128/EC y Reglamento (EC) 1107/2009] sino también por el Pacto Verde Europeo y la estrategia "de la granja a la mesa", con la que se pretende reducir al 50% el uso de estos compuestos para 2030. Aunque lo más sostenible y deseable sería una agricultura libre de pesticidas, la realidad es que hay enfermedades como la botritis, causada por el hongo *Botrytis cinerea*, cuyo control es muy dependiente de fungicidas. Desafortunadamente, este hongo es capaz de desarrollar resistencia a estos compuestos de forma rápida y, con las medidas expuestas anteriormente, este hecho podría verse aún más potenciado en un futuro. Con nuestras investigaciones, pretendemos comprobar si ciertas estrategias emergentes como la tecnología del ARN interferente, el uso de aptámeros y la nanoencapsulación de estas moléculas para mejorar su aplicación y eficacia en la naturaleza, podrían ser soluciones sostenibles válidas y alternativas al uso de fungicidas químicos convencionales, para el control de *B. cinerea*. Hoy, más que nunca, necesitamos disponer de nuevas moléculas, obtenidas a través de nuevas herramientas de fitoprotección, para su inclusión en las rotaciones de los diferentes programas de control de la botritis.

Fuente de financiación: AYUDAS A LA I+D+i, EN EL ÁMBITO DEL PLAN ANDALUZ DE INVESTIGACIÓN, DESARROLLO E INNOVACIÓN (PAIDI 2020). Código del proyecto: PY20_00048



Virus evolution, virus emergence, and the control of viral diseases in crops

Fernando García-Arenal

Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas UPM-INIA(CSIC & E. T. S. de Ingeniería Agronómica, Agroambiental y de Biosistemas (ETSAAB), Universidad Politécnica de Madrid. Spain.

Viruses are the main group of emerging pathogens and in crops they cause serious diseases. A major control strategy to control plant viral diseases is the use of resistant crop varieties. The durability of resistance is challenged by resistance-breaking, that is, the appearance of new viral genotypes towards which resistance is not effective, a very serious phytopathological problem. Understanding resistance durability has been the leading question since I started my career. Resistance-breaking is a particular case of virus emergence, a process involving multiple evolutionary and ecological factors. The study of these factors has kept me busy for more than forty years.

First, my group undertook the study of the diversity and genetic structure of virus populations. Our work put emphasis on the analysis of the genetic diversity of virus populations in the field, and on the use of population genetics to characterise the structure of virus populations in crops and to identify the factors that shaped it. This led to quantify mutation and recombination rates as sources of genetic variation, and the occurrence of bottlenecks along the virus life cycle as a source of random genetic drift, as opposed to selection. Long-term analyses of the genetic structure of viruses and host plants, showed the need to consider the genetics of the host population to understand virus evolution. A major topic was the analysis fitness costs of resistance-breaking mutations, and how these modulate its evolution.

This research led to the study of host-pathogen coevolution, at two different levels: the interaction between plant viruses and their parasitic satellite RNAs, and the interaction between host plants and their parasitic viruses. The study of plant-virus coevolution requires focussing on wild systems. We developed the system *Arabidopsis thaliana*-cucumber mosaic virus (CMV) based on long-term analyses of the dynamics of virus infection in wild *Arabidopsis* populations. Studies on this system showed the selection pressure that virus infection may exert on wild plants, and unveiled the major role of tolerance in plant virus interactions.

The evolution of plant virus interactions cannot be understood without the ecological context. We studied the impact of plant community diversity on plant virus interactions focussing on wild peppers. Results showed that ecological diversity impacts on virus incidence, diversity and virulence, and on plant defence. Moving along these lines, we undertook the characterisation of multi-host – multi-virus interactions at the landscape scale, and how it is impacted by human land usage. This is our current interest, in which we use high-throughput sequencing and computational tools to characterise viromes, and to identify reservoirs and ecological compartments that limit inoculum fluxes and may impact emergence.

The different topics outlined above have been approached with a combination of field studies, often long-term, molecular and genetic analyses, and computer models and simulations.



— COMUNICACIONES ORALES

Efecto de las barreras de dispersión en la distribución de *Xylella fastidiosa* en Alicante mediante modelos espaciales no estacionarios

Martina Cendoya¹, Ana Hubel¹, David Conesa² y Antonio Vicent¹

¹ Centre de Protecció Vegetal i Biotecnologia, Institut Valencià d'Investigacions Agràries (IVIA), 46113 Moncada, Valencia, España.

² Valencia Bayesian Research Group (VaBaR), Departament d'Estadística i Investigació Operativa, Universitat de València. C/ Dr. Moliner 50, 46100 Burjassot (València), España.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Oral

RESUMEN

Los modelos espaciales de distribución de especies suelen asumir isotropía y estacionariedad, es decir, la dependencia espacial entre las observaciones es invariante a la dirección y uniforme en dominio espacial. Sin embargo, estos supuestos se incumplen cuando existen barreras de dispersión, como accidentes geográficos o medidas de control. El objetivo de este estudio fue evaluar la influencia de este tipo de barreras en la distribución de *Xylella fastidiosa* (*Xf*) en la zona demarcada de Alicante. Los datos de ocurrencia de 2018 se analizaron mediante modelos espaciales jerárquicos bayesianos. El modelo estacionario, que ilustra un escenario sin barreras, se comparó con tres modelos no estacionarios: un modelo con montañas como barreras físicas, y dos modelos con un cordón sanitario continuo o discontinuo representando hipotéticas medidas de control. La incorporación del cordón sanitario supuso una disminución de la probabilidad de presencia de *Xf* en la zona exterior de la barrera. La probabilidad de presencia de *Xf* en las brechas del cordón discontinuo estuvo relacionada con la cantidad de datos, siendo mayor en las zonas de baja intensidad de muestreo. Estos resultados pueden ayudar a priorizar las zonas para la aplicación de las medidas de control. Además, el rango espacial (distancia mínima a la cual se asume independencia espacial entre las observaciones) permitirá dimensionar una zona tampón específica para el área demarcada de Alicante. Por otra parte, se destaca la importancia de considerar la presencia de barreras de dispersión en los modelos, pudiendo ser limitantes a la presencia de hospedantes o vectores.



Control de infecciones causadas por *Xylella fastidiosa*, *Ca. Liberibacter* spp. y otras bacterias fitopatógenas mediante un péptido bifuncional con actividad lítica y estimuladora de defensas

Laura Montesinos¹, Aina Baró¹, Bea Gascón¹, Lluís Moll¹, Esther Badosa¹, Anna Bonaterra¹, Marta Planas², Lidia Feliu², Emilio Montesinos¹

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

²LIPPSO, Departamento de Química, Universidad de Girona, Girona.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Oral

RESUMEN

Las enfermedades causadas por bacterias fitopatógenas emergentes como *Xylella fastidiosa* y *Ca. Liberibacter* spp., que son bacterias de cuarentena en la UE son de difícil control y causan un gran impacto económico. Sin embargo, no existe cura para las plantas o árboles enfermos ya que se trata de patógenos que se establecen en el sistema conductor de la planta, hecho que dificulta que la mayoría de los bactericidas puedan acceder a éste. Los péptidos funcionales representan una opción sostenible para el control de estas enfermedades. El péptido híbrido BP178 (KKLFKKILKYLGPAGIGKFLHSKKDEL-OH), derivado de BP100 (KKLFKKILKYL) y un fragmento de magainina, diseñado para su expresión en plantas, muestra una potente actividad bactericida contra numerosas bacterias fitopatógenas, causando la lisis celular. La aplicación del péptido mediante endoterapia en plantas de almendro y *Nicotiana benthamiana*, así como en tomate mediante pulverización, produce un potente efecto inductor de numerosos genes implicados en la respuesta de defensa de las plantas. Dicho péptido fue eficaz en el control de infecciones por *X. fastidiosa* en almendro y *N. benthamiana*, así como por *Xanthomonas campestris* pv. *vesicatoria* y *Pseudomonas syringae* pv. *syringae* en tomate. Se concluye que el mecanismo de acción de BP178 se debe tanto a su actividad bactericida como a la capacidad para inducir una respuesta de defensa en la planta huésped. Actualmente se están realizando ensayos de control de *Huanglongbing* en Brasil (Fundecitrus Proyecto Pre-HLB) y se prevén ensayos de campo contra *X. fastidiosa* en Mallorca (Proyecto H2020 BeXyl).



Nuevo tobamovirus en pimiento: caracterización molecular y avances en su epidemiología

Ana Alfaro-Fernández¹, Mikel Ojinaga², Clara Ontañón³, Anastasiia Reva¹, Alba Losa¹, Rosario Herebia¹, Esmeralda Sanahuja¹, Sofia Bertacca⁴, Santiago Laregla², Andoni Zabala Eguskiza⁵, José Manuel Estévez⁶, M. Isabel Font-San-Ambrosio¹, Vicente Pallás³, Jesús Sánchez-Navarro³
¹Grupo de Virología. Instituto Agroforestal Mediterráneo. Universitat Politècnica de València.

² Producción y Protección Vegetal, Instituto Vasco de Investigación y Desarrollo Agrario (NEIKER)-Centro de Derio-ko Zentroa.

³ Grupo de Virología Molecular de Plantas. Instituto de Biología Molecular y Celular de Plantas. CSIC- Universitat Politècnica de València.

⁴ Università degli Studi di Palermo.

⁵ Centro de Protección Vegetal. Servicio Agrícola. Diputación Foral de Bizkaia / Bizkaiko Foru Aldundia

⁶ Granada La Palma S. Coop. And.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Oral

RESUMEN

Entre 2018 y 2019, se observaron en cultivos de pimiento en invernaderos de Granada y del País Vasco, mosaicos en arabesco verde claro en hojas. Los análisis serológicos (DAS-ELISA) indicaron la posible presencia de un tobamovirus que se confirmó mediante RT-PCR utilizando cebadores degenerados. Las secuencias obtenidas presentaban alta identidad nucleotídica (>99.1%) con el aislado de chili pepper mild mottle virus (CPMMoV, GenBank No. Acc. MN164455). Se trataba de la primera detección de este tobamovirus en Europa. La secuencia de nt del aislado español de CPMMoV presenta una longitud total de 6405 nt, conteniendo 22 nt extra en el extremo 5' frente al aislado depositado en la base de datos. Ambos aislados presentan un porcentaje de identidad nucleotídica del 99,5 %. La generación de clones infecciosos puso de manifiesto que los 22 nt extra del extremo 5' caracterizados en el aislado español de CPMMoV son críticos para la infección viral.

Los ensayos de transmisión por semilla realizados a partir de cinco grupos de semillas procedentes de frutos infectados, mediante germinación y posterior análisis por hibridación molecular, determinó un porcentaje de transmisión que osciló entre 0,9 y 8,5 %. En este trabajo se presentan también la localización del virus en las semillas contaminadas.

Finalmente, el ensayo de infección de CPMMoV en diferentes variedades de pimiento sin resistencia e híbridos con alelos 'L' de resistencia a tobamovirus mostró que: las variedades con los genes L2, L3 y L4 eran resistentes, las variedades L1 eran parcialmente resistentes y las variedades sin resistencia presentaron una alta susceptibilidad.



Collective action for huanglongbing management in California

Sara García Figuera, Neil McRoberts.

Department of Plant Pathology, University of California -Davis

TIPO DE PRESENTACIÓN: Oral

RESUMEN

Huanglongbing (HLB), a bacterial disease associated with “*Candidatus Liberibacter asiaticus*” and vectored by *Diaphorina citri*, has been threatening citrus production in California since it was first detected in 2012. Previous epidemiological research in other citrus-producing areas showed that the best approach to limit HLB spread was to adopt an area-wide management strategy, in which management measures are implemented on a regional scale. However, it can be very challenging for growers and other citrus stakeholders to act together and collectively apply management measures across property boundaries, as some individuals might decide not to contribute to the collective effort and jeopardize the management outcome for others. This type of collective action problem is ubiquitous in human societies, yet it has rarely been characterized in the context of plant health. We used collective action theory to analyze the institutional approaches that have been implemented to manage HLB in citrus-producing areas in Brazil, the United States, Mexico and Argentina. Those areas that followed more of the institutional design principles for sustained collective action seemed to be more successful in mobilizing citrus stakeholders to limit HLB spread, contributing to an emerging literature on the social dimensions of plant health problems. Focusing on California, we used a survey distributed to citrus stakeholders and an empirical record of their participation in coordinated insecticide treatments against *D. citri* to characterize some of the individual and group-level variables that could impact collective action for HLB management, which might be worth considering for the future design of area-wide management strategies.



FOSP1G_05432, ortólogo de Bcin04g03490 en *Botrytis cinerea*, nuevo factor de patogenicidad en *Fusarium oxysporum*

Virginia Casado del Castillo, Jenny Jasbleidy Molina Imbachi, Ernesto Pérez Benito, José María Díaz Mínguez

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

TIPO DE PRESENTACIÓN: Oral

RESUMEN

El gen *Bcin04g04390* de *Botrytis cinerea* codifica un factor de transcripción implicado en el desarrollo y la patogenicidad de este hongo necrótrofo. El gen ortólogo en el complejo de especies *Fusarium oxysporum*, *FOSP1G_05432*, es un *locus* único ubicado en el cromosoma 7 del genoma central. Codifica una proteína de 680 aminoácidos con dos dominios funcionales: un dominio de unión a ADN de tipo GAL4 Zn(II)₂Cys₆ y un dominio acetiltransferasa.

Hemos obtenido y caracterizado mutantes con reemplazamiento génico de *FOSP1G_05432* en las formas especiales *phaseoli* y *lycopersici*. Las estirpes Δ FOSP1G_05432 de *phaseoli* muestran un incremento en el crecimiento radial en cultivo *in vitro*. Las colonias presentan un micelio aéreo muy escaso con una marcada reducción en la hidrofobicidad superficial. Este fenotipo recuerda al mostrado por las estirpes alteradas en la utilización de nitrato y en el complejo *velvet*. Sin embargo, a diferencia de lo que ocurre en estas últimas, la producción de microconidios en las estirpes Δ FOSP1G_05432 está drásticamente reducida y, en condiciones de iluminación permanente, la formación de macroconidios es significativamente mayor que en el aislado silvestre FOP-SP1. El micelio de las estirpes Δ FOSP1G_05432 presenta una pigmentación violeta muy intensa tras 4-5 días de crecimiento en medio sólido, característica de las colonias envejecidas de estirpes silvestres.

Los ensayos de patogenicidad llevados a cabo en plantas de judía común y tomate indican que la anulación de la expresión del gen determina una drástica reducción en la virulencia de las estirpes mutantes.



Mutual interdependence between plant development stage and developmental traits with viral infection of RNA viruses: from floral induction and fertility to secondary cell wall deposition

Fernando Ponz

Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas (UPM-INIA/CSIC). Autopista M-40, km 38. Campus Montegancedo. Pozuelo de Alarcón. 28223 Madrid.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Oral

RESUMEN

That virus infections alter the plant developmental plan, and that the stage of plant development has an influence on the outcome of the infections are observations long recognized by plant virologists, breeders and farmers. However, systematic studies of this mutual interdependence are scarce. So, we currently lack a global picture of the way and mechanisms underlying the reciprocal interactions. In our group, we have addressed this issue taking advantage of the differential characteristics of viral infections and specific plant developmental traits displayed by a small selected group of RNA viruses and strains.

I will present an overview of the results obtained over the years with *Turnip mosaic virus* and *Oilseed rape mosaic virus* infecting *Arabidopsis thaliana* plants. In these pathosystems, the interdependence between developmental stage and virus infection is not only evident, but quite different. The specific developmental traits affected, the developmental stage of the plant upon infection, the alterations in plant gene expression, and the viral proteins acting as mediators have been analyzed providing some hitherto uncovered and unsuspected interactions.



Factores de virulencia conservados en bacterias fitopatógenas alteran el metabolismo del azufre en plantas durante la interacción planta-patógeno

José S. Rufián¹, Javier Ruiz-Albert¹, Alberto P. Macho².

1 Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea, Universidad de Málaga-Consejo Superior de Investigaciones Científicas (IHSM-UMA-CSIC), Depto. Biología Celular, Genética y Fisiología, Campus de Teatinos, Málaga

2 Shanghai Center for Plant Stress Biology, CAS Center for Excellence in Molecular Plant Sciences, Chinese Academy of Sciences, Shanghai, 201602, China.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Oral

RESUMEN

En los últimos años se ha progresado ampliamente en el conocimiento de la percepción de patógenos por parte de las plantas y su consecuente activación de señalización inmune. En este sentido, la utilización de efectores -proteínas de patógenos que actúan como factores de virulencia-, como sondas ha sido fundamental para la identificación de los componentes moleculares que inician la respuesta inmune.

Las bacterias fitopatógenas *Ralstonia solanacearum* y *Pseudomonas syringae* son dos de las bacterias más relevantes a nivel agronómico y académico debido a sus amplios rangos de hospedador y a las grandes pérdidas que causan en diferentes cultivos. Los ciclos de vida y nichos de infección de *R. solanacearum* y *P. syringae* presentan importantes diferencias. Sin embargo, entre el amplio arsenal de efectores que codifican, hay un pequeño número de efectores de *R. solanacearum* que presentan ortólogos en *P. syringae*. El objetivo de este trabajo es el estudio de estos efectores conservados, que pueden tener un potencial impacto durante la interacción planta-patógeno.

Uno de estos efectores, Rip15, es esencial para la virulencia de *R. solanacearum* en tomate. Un análisis transcriptómico de plantas transgénicas de *Arabidopsis thaliana* expresando constitutivamente Rip15 mostró que Rip15 induce una respuesta relacionada con la deficiencia de azufre en planta. *P. syringae* pv. phaseolicola, el agente causal de la grasa de la judía, presenta un efector ortólogo a Rip15, llamado HopAV. En este trabajo presentamos las posibles dianas moleculares de Rip15/HopAV así como la relevancia de la alteración del metabolismo del azufre en la interacción planta-patógeno.



The mitochondrial and chloroplast dual targeting of a multifunctional plant viral protein modulates chloroplast-to-nucleus communication, RNA silencing suppressor activity, encapsidation, pathogenesis and tissue tropism

Jose Antonio Navarro*, Maria Saiz-Bonilla, Jesus A. Sánchez-Navarro and Vicente Pallás*

Department of Molecular and Evolutionary Plant Virology. Institute for Plant Molecular and Cell Biology. Consejo Superior de Investigaciones Científicas-Universitat Politècnica de València, Valencia, Spain.

*Corresponding authors: janavarr@ibmcp.upv.es and vpallas@ibmcp.upv.es

TIPO DE PRESENTACIÓN: Oral

RESUMEN

Plant defense against melon necrotic spot virus (MNSV) is triggered by the viral auxiliary replicase p29 that is targeted to mitochondrial membranes causing morphological alterations, oxidative burst, and necrosis. Here we show that MNSV coat protein (CP) was also targeted to mitochondria and mitochondrial-derived replication complexes (VRC), in close association with p29, in addition to chloroplasts. CP import resulted in the cleavage of the R/arm domain previously implicated in genome binding during encapsidation and RNA silencing suppression (RSS). We also show that CP organelle import inhibition enhanced RSS activity, CP accumulation, and VRC biogenesis but resulted in inhibition of systemic spreading, indicating that MNSV whole-plant infection requires CP organelle import. We hypothesize that to alleviate the p29 impact on host physiology, MNSV could moderate its replication and p29 accumulation by regulating CP RSS activity through organelle targeting and, consequently, eluding early-triggered antiviral response. Cellular and molecular events also suggested that S/P domains, which correspond to processed CP in chloroplast stroma or mitochondrion matrix, could mitigate host response inhibiting p29-induced necrosis. S/P deletion mainly resulted in a precarious balance between defense and counter-defense responses, generating either cytopathic alterations and MNSV cell-to-cell movement restriction or some degree of local movement. In addition, local necrosis and defense responses were dampened when RSS activity but not S/P organelle targeting was affected. Based on a robust biochemical and cellular analysis, we established that the mitochondrial and chloroplast dual targeting of MNSV CP profoundly impacts the viral infection cycle.



Unlocking the secrets of plant microbiomes

Víctor J. Carrión

Departamento de Microbiología, Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea 'La Mayora', Universidad de Málaga-Consejo Superior de Investigaciones Científicas (IHSM-UMA-CSIC), Universidad de Málaga, Málaga, Spain

Institute of Biology, Leiden University, Leiden, the Netherlands

Department of Microbial Ecology, Netherlands Institute of Ecology (NIOO-KNAW), Wageningen, the Netherlands

TIPO DE PRESENTACIÓN: Oral

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 (MicroLife) to explore large-scale genomic datasets and to identify genes as well as biosynthetic gene clusters (BGCs) associated with specific microbial lifestyles. Using MicroLife, 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.



Desarrollo de múltiples mecanismos de acción por aislados endófitos locales de *Bacillus* en el control biológico de *Botrytis cinerea* y *Verticillium dahliae* en pimiento IGP PF-B

Jorge Poveda^{1,2,3}, Javier Calvo², Marcia Barquero², Fernando González-Andrés²

¹Institute for Multidisciplinary Research in Applied Biology (IMAB), Universidad Pública de Navarra, Pamplona, Spain

²Institute of Environment, Natural Resources and Biodiversity, University of León, León, Spain

³Instituto de Estudios Zamoranos “Florián de Ocampo” (IEZFO), Zamora, Spain

TIPO DE PRESENTACIÓN: Oral

RESUMEN

La Indicación Geográfica Protegida (IGP) Pimiento de Fresno-Benavente (F-BP) es un cultivo hortícola desarrollado en la región de Castilla y León (España). Es un pimiento tipo “nariz de vaca”, caracterizado por su gran importancia agronómica, económica y cultural en la zona. Su sistema de producción está amenazado principalmente por las enfermedades fúngicas marchitez o tristeza en campo (causada por *Verticillium dahliae*) y moho gris en poscosecha (causada por *Botrytis cinerea*). Al realizar un estudio de antagonismo *in vitro*, determinamos que las cepas pertenecientes a las especies *Bacillus siamensis* y *B. proteolyticus*, mediante mecanismos de acción como producción de enzimas líticas o metabolitos secundarios, y competencia por el espacio y los nutrientes. Posteriormente, en ensayos *in vivo* (frutos), *B. thuringiensis*, *B. siamensis* y *B. pumilus* (SCFC 1-2) controlaron *B. cinerea* en los frutos de pimiento mediante una acción directa y una activación local de las defensas de la planta. En ensayos in planta, infectando raíces de pimiento con *V. dahliae*, las raíces de las plantas inoculadas con *B. siamensis* y *B. proteolyticus* fueron capaces de disminuir significativamente la aparición de la enfermedad a través de la acción directa y la activación local de una respuesta defensiva mediada por ácido jasmónico. Por lo tanto, proponemos que *B. siamensis* pudiera utilizarse para controlar *B. cinerea* y *V. dahliae* en frutos y plantas de F-BP, a través de mecanismos directos así como de la inducción de respuestas locales de defensa de la planta.



El sistema de dos componentes GacS/GacA regula la expresión de factores de virulencia y patogenicidad en *Pseudomonas savastanoi* pv. *savastanoi* NCPPB3335

Carla Lavado-Benito^{1,2}, Marta Martínez-Gil^{1,2}, Jesús Murillo³, Cayo Ramos^{1,2}, Luis Rodríguez-Moreno^{1,2}.

¹Área de Genética, Facultad de Ciencias, Campus Teatinos s/n, Universidad de Málaga, E-29010 Málaga, España

²Microbiología y Protección de Cultivos, Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea "La Mayora", Extensión Campus de Teatinos, Universidad de Málaga-Consejo Superior de Investigaciones Científicas (IHSM-UMA-CSIC), 29010 Málaga, España

³IMAB, Universidad Pública de Navarra, Mutilva Baja, E-31192 Pamplona, España

TIPO DE PRESENTACIÓN: Oral

RESUMEN

El sistema regulador de dos componentes GacS/GacA es uno de los principales mecanismos de regulación global en bacterias gram negativas. Trabajos previos realizados con bacterias patógenas de plantas herbáceas han descrito cómo el sistema GacS/GacA interviene en la regulación de diversos factores de virulencia. Sin embargo, la regulación de estos factores muestra variabilidad no solo entre especies, sino también entre cepas. En este trabajo, hemos estudiado el papel regulador del sistema GacS/GacA en la virulencia y patogenicidad de la cepa modelo *P. savastanoi* pv. *savastanoi* (Psv) NCPPB 3335, principal agente causal de la enfermedad del tumor en olivo. Para ello, se construyó un mutante por delección del gen *gacA*, en la cepa Psv NCPPB3335, cuyo perfil transcriptómico se analizó más a fondo mediante una estrategia de secuenciación masiva de ARN (RNA-seq). El análisis bioinformático de los datos de RNA-seq mostró que el sistema Psv GacS/GacA regula la expresión de genes relacionados con el T3SS, síntesis de auxinas, locomoción y quimiotaxis bacteriana, y degradación de compuestos fenólicos asociada con huéspedes leñosos, todos ellos factores de virulencia y patogenicidad descritos en Psv por nuestro grupo. Además, se identificaron pequeños ARN de tipo Rsm y proteínas reguladoras (RsmA) en la cascada reguladora del sistema GacS/GacA. Finalmente, se han llevado a cabo también ensayos fenotípicos complementantes, para estudiar más a fondo la implicación de algunos de los factores de virulencia de Psv NCPP 3335, como ensayos de virulencia en plantas, inducción de respuesta hipersensible, sensibilidad a peróxido de hidrógeno y translocación de efectores tipo III. Actualmente seguimos realizando mas ensayos para caracterizar la regulación global por el sistema GacS/GacA.



Prevalence and specificity of chemoreceptor profiles in plant-associated bacteria

Claudia Sanchis-López^a, Jean Paul Cerna-Vargas^a, Saray Santamaría-Hernando^a, Cayo Ramos^b, Tino Krell^c, Pablo Rodríguez-Palenzuela^{a,d}, Emilia López-Solanilla^{a,d}, Jaime Huerta-Cepas^{a,*} and José J. Rodríguez-Herva^{a,d,*}

^a Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas (CBGP),. Universidad Politécnica de Madrid (UPM) - Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria (INIA).), Parque Científico y Tecnológico de la UPM, 28223 - Pozuelo de Alarcón, Madrid, Spain.

^b Área de Genética, Facultad de Ciencias, Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea 'La Mayora', Universidad de Málaga-Consejo Superior de Investigaciones Científicas (IHSM-UMA-CSIC), Málaga, Spain.

^c Department of Environmental Protection, Estación Experimental del Zaidín, Consejo Superior de Investigaciones Científicas, Granada, Spain.

^d Departamento de Biotecnología-Biología Vegetal. Escuela Técnica Superior de Ingeniería Agronómica, Alimentaria y de Biosistemas. , Universidad Politécnica de Madrid (UPM).), Avda. Complutense s/n, 28040 - Madrid, Spain.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Oral

RESUMEN

Chemoreceptors (CRs) are proteins able to detect environmental changes by binding specific signals to their ligand binding domain (LBD), initiating a signal transduction cascade that controls a variety of cell processes. However, although CRs play a central role for microbiome interactions, little is known about their phylogenetic and ecological specificity. Considering the enormous variety of LBDs at sensor proteins, an important question resides in establishing the forces that have driven their evolution and selection.

Here, I will present our recent work on the systematic analysis and classification of plant-related CRs, covering more than 82,000 chemosensing sequences extracted from 11,806 representative microbial species. To do so, we classified CRs according to their LBD type using a de novo homology clustering method. Through phylogenomic analysis, we identified hundreds of LBDs that are present predominantly in plant-associated bacteria, finding that the taxonomic distribution of these LBD types is only partially explained by phylogeny. Our results show that the profile of LBD types in a given genome is related to the lifestyle specialization, with plant symbionts and phytopathogens showing the highest number of niche-specific LBDs.

These findings offer a number of research opportunities in the field of signal transduction, such as the exploration of similar relationships in CRs of bacteria with a different lifestyle (e.g. human intestine). In this talk, I will also present our follow-up work on the topic, where we extended our analyses to global metagenomics data, covering CR and LBD distributions across dozens of environments and different hosts.



The *Colletotrichum graminicola*-specific effector CgEP3 takes part in virulence during the early development of maize anthracnose

Francisco Borja Cuevas-Fernández¹, Riccardo Baroncelli^{1,2}, Sioly Becerra¹, José María Sanz-Martín¹, Pablo García-Rodríguez¹, Jossue Mizaël Ortiz-Álvarez³, Thaís Regina Bouffleur⁴, Ernesto Pérez Benito¹, Richard J. O'Connell⁵, Michael R. Thon¹, Serenella A. Sukno¹.

Filiación: ¹Institute for Agrobiotechnology Research (CIALE), University of Salamanca, Villamayor, Spain. ²Department of Agricultural and Food Sciences (DISTAL), University of Bologna, Viale Fanin 44, 40126 Bologna, Italy. ³Investigadoras e Investigadores por México. Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACyT), Mexico. ⁴Department of Plant Pathology and Nematology, University of São Paulo, ESALQ, São Paulo, Brazil. ⁵UMR 1290 BIOGER, INRAE, AgroParisTech, Thiverval-Grignon, France.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Oral

RESUMEN

The phytopathogenic fungus *Colletotrichum graminicola* causes maize anthracnose which produces significant yield losses worldwide. Fungal effector proteins are important for disabling plant defence components and promote successful infection. We have identified a candidate effector *C. graminicola* effector protein 3 (CgEP3) which is a novel pre-penetration effector specific to *C. graminicola*. *In silico* analysis reveals that CgEP3 localizes to the plant nucleus. Preliminary evidence using heterologous transient expression in tobacco plants suggests that CgEP3 is localized to the nucleus and cytoplasm of host cells. *In silico* predictions showed that CgEP3 is a secreted protein whose structure contains a partial nucleoside-phosphorylase-like domain. Phylogenetic analysis revealed that *CgEP3* may have evolved from an ancestral nucleoside-phosphorylase encoding gene through gene duplication and diverged to encode an effector protein. Furthermore, synteny analysis revealed that the *CgEP3* genomic region could have evolved quickly, possibly as a result of ectopic recombination between different parts of the genome. We also performed a transcriptomic analysis to understand the plant response to CgEP3 during the colonization of maize leaves revealed that CgEP3 could help to counteract the preinvasion defence mechanisms of maize, and thus, colonization could be carried out with less effort. Our results show that CgEP3 plays a role in virulence during the early stages of infection of *C. graminicola* in maize. To the best of our knowledge, this is the first species-specific effector described in *C. graminicola*.



Efecto de desequilibrios nutricionales de N y K en la infección de *Verticillium dahliae* en olivo

Ana López-Moral, Carlos Agustí-Brisach, Cristina Ruiz-Blancas, Begoña I. Antón-Domínguez, Esteban Alcántara, Antonio Trapero

Departamento de Agronomía, Unidad de Excelencia María de Maeztu 2020-23, ETSIAM, Universidad de Córdoba, Campus de Rabanales, Edif. C4, 14071 Córdoba

TIPO DE PRESENTACIÓN: Oral

RESUMEN

El efecto de la nutrición mineral en el desarrollo de marchiteces vasculares ha sido previamente descrito en diversidad de huéspedes herbáceos; mientras que el conocimiento de este efecto sobre el desarrollo de la verticilosis del olivo (*Olea europaea*), causada por *Verticillium dahliae*, es incierto. Hasta la fecha, las observaciones de campo sugieren que el exceso de nitrógeno (N) o los desequilibrios de N-potasio (K) favorecen las epidemias de la enfermedad, aunque esta hipótesis no ha sido contrastada científicamente. En este sentido, el objetivo de este estudio es evaluar la influencia de los desequilibrios nutricionales de N y K en la infección del olivo por *V. dahliae*. Para ello, se ajustaron tratamientos nutricionales con exceso de N ($\uparrow N + \uparrow Na$), déficit de K ($\downarrow K$) y su combinación ($\uparrow N + \uparrow Na + \downarrow K$), y se evaluó su efecto sobre la viabilidad de microesclerocios de *V. dahliae*, así como sobre el desarrollo de la enfermedad en plantones de olivo inoculados con el patógeno. A su vez, se evaluó el efecto de los exudados radicales de plantas sometidas a los tratamientos nutricionales sobre la viabilidad de conidios y microesclerocios de *V. dahliae*. Los tratamientos $\uparrow N + \uparrow Na$ y $\uparrow N + \uparrow Na + \downarrow K$ disminuyeron la germinación de microesclerocios y el progreso de la enfermedad; mientras que $\downarrow K$ incrementó significativamente ambos parámetros en comparación con el control sin tratar. Los exudados de raíces de las plantas tratadas aumentaron la germinación de conidios de *V. dahliae* pero redujeron la germinación de microesclerocios. Estos resultados resaltan el papel de la nutrición del olivo en el control de la enfermedad.



Detección de células viables y no viables de *Xanthomonas arboricola* pv. *Pruni*

Pilar Sabuquillo^{*1}, Isabel M^a Berruete², Ana Palacio-Bielsa² y Jaime Cubero¹

¹Grupo de Bacteriología del Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria (INIA). Madrid. *mpsc@inia.es

²Dpto. Sistemas Agrícolas, Forestales y Medio Ambiente, Centro de Investigación y Tecnología Agroalimentaria de Aragón, Instituto Agroalimentario de Aragón-IA2 (CITA-Universidad de Zaragoza). Zaragoza

TIPO DE PRESENTACIÓN: Oral

RESUMEN

Xanthomonas arboricola incluye diversos patovares que afectan a diferentes especies de plantas, provocando importantes pérdidas económicas para la agricultura. Nuestros estudios se centran en *X. arboricola* pv. *pruni* (Xap), agente causal de la mancha bacteriana de frutales de hueso y del almendro.

Los protocolos de detección y diagnóstico basados en las técnicas de PCR contribuyen a reducir el riesgo de infecciones y permiten establecer recomendaciones para la gestión sanitaria del material vegetal. Sin embargo, estas técnicas por si solas no permiten determinar la viabilidad de los patógenos, lo que, en ocasiones, suscita dudas sobre el riesgo epidemiológico que suponen las muestras positivas detectadas.

En este trabajo se ha puesto a punto una técnica de PCR mediante el uso de agentes intercalantes que contribuye a la detección específica de células viables. Estos agentes se unen al ADN cuando no está protegido por una pared celular íntegra como la de las bacterias vivas, e impide su amplificación. Se han establecido las condiciones de uso de estos agentes para la discriminación de Xap en estado viable y no viable, tanto en cultivos bacterianos como en plantas inoculadas, estudiando la dinámica poblacional del patógeno en ellas.

La implementación de estas técnicas permite el estudio más preciso de las poblaciones de Xap en planta, considerando solo aquellas que suponen un riesgo epidemiológico.

Los resultados presentados son parte del proyecto de I+D+i / RTI2018-96018-R-C31, financiado por MCIN/AEI/10.13039/501100011033/ "FEDER Una manera de hacer Europa".



Fengicina y la proteína amiloide TasA de *Bacillus subtilis* estimulan el crecimiento y la inmunización de las plantas actuando sobre reservas de la semilla

María Victoria Berlanga-Clavero¹, Carlos Molina-Santiago¹, Andrés Mauricio Caraballo-Rodríguez², Daniel Petras^{2,3}, Luis Díaz-Martínez¹, Alejandro Pérez-García¹, Antonio de Vicente¹, Víctor J. Carrión^{3,4}, Pieter. C. Dorrestein^{2,6} & Diego. Romero¹

¹ Departamento de Microbiología, Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea 'La Mayora', Universidad de Málaga-Consejo Superior de Investigaciones Científicas (IHSM-UMA-CSIC), Universidad de Málaga, Málaga, Spain.

² Collaborative Mass Spectrometry Innovation Center, Skaggs School of Pharmacy and Pharmaceutical Sciences, University of California San Diego, La Jolla, CA, USA.

³ CMFI Cluster of Excellence, Interfaculty Institute of Microbiology and Medicine, University of Tuebingen, Tuebingen, Germany.

⁴ Institute of Biology, Leiden University, Leiden, the Netherlands.

⁵ Department of Microbial Ecology, Netherlands Institute of Ecology (NIOO-KNAW), Wageningen, the Netherlands.

⁶ Center for Microbiome Innovation, University of California at San Diego, La Jolla, CA, USA.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Oral

RESUMEN:

Bacillus subtilis es una bacteria comúnmente utilizada en estrategias agrícolas sostenibles ya que establece relaciones mutualistas con plantas. Su contribución beneficiosa es multifactorial, por lo que definir los factores bacterianos involucrados en esta interacción es de vital importancia para poder potenciar su actividad. En este contexto, trabajos previos del grupo han demostrado la versatilidad de la matriz extracelular (ECM), el entramado donde se encuentran embebidas las células en las comunidades de *Bacillus*, en la ecología bacteriana de la filosfera.

En este trabajo multidisciplinar basado en microscopía, transcriptómica y metabolómica demostramos que la ECM es esencial para la actividad de promoción de crecimiento inducida por *Bacillus* tras ser aplicado a las semillas. Esta función radica en dos acciones complementarias: i) favorecer la colonización y persistencia bacteriana y ii) mediar la comunicación química con tejidos internos de la semilla. En este último aspecto, hemos demostrado que los componentes fengicina y TasA actúan diferencialmente modulando los niveles de especies reactivas de oxígeno y la movilización de reservas lipídicas de la semilla dando lugar a cambios específicos en el metabolismo o la acumulación de moléculas antioxidantes. Como resultado, se estimulan distintos programas de crecimiento en la planta: i) mayor desarrollo radicular en la plántula o ii) mayor crecimiento a largo plazo acompañado de la inmunización frente al agente fitopatógeno *Botrytis cinerea*. Estos hallazgos demuestran la relevancia de la ECM en el establecimiento de relaciones mutualistas *Bacillus*-planta y aporta nuevas perspectivas en el uso de *B. subtilis* como agente de biocontrol.



Hacia un control más sostenible de las enfermedades de madera del almendro

María Cinta Picos¹, Laura Romero-Cuadrado¹, Ana Hernández¹, María Camacho², Nieves Capote^{1*} (marian.capote@juntadeandalucia.es)

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

² Área de Recursos Naturales y Forestales, Instituto Andaluz de Investigación y Formación Agraria, Pesquera, Alimentaria y de la Producción Ecológica (IFAPA) Centro Las Torres, Alcalá del Río, Sevilla.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Oral

RESUMEN:

El almendro es el segundo cultivo leñoso en superficie cultivada en España. Su cultivo ha sufrido una revolución con la aplicación de nuevas técnicas de manejo (riego controlado, fertilización, sistemas de poda, mecanización, nuevas variedades y cultivos de alta densidad). Ello ha provocado un aumento de la productividad y la aparición de nuevas enfermedades, como las causadas por hongos de la familia *Botryosphaeriaceae*. Los síntomas consisten en chancros en el tronco, gomosis, necrosis del tejido interno y muerte ocasional de la planta. Los métodos de control se basan en prácticas culturales y en la búsqueda de variedades resistentes; los basados en el control biológico son escasos o no suficientemente efectivos. En este trabajo se han obtenido y caracterizado dos colecciones de bacterias, rizosféricas y endófitas, como potenciales agentes de control biológico (ACB) de enfermedades de madera del almendro. Para ello, se ha evaluado la capacidad antagonista *in vitro* e *in planta* de 22 cepas bacterianas frente a *Botryosphaeria dothidea*, *Neofusicoccum parvum*, *Diplodia seriata* y *Macrophomina phaseolina*. Las cepas FC17 y ACH16 de *Bacillus velezensis*, AC17 de *Pseudomonas aeruginosa* (rizosféricas), Sol 1-2 de *B. mobilis* y Bel 2-6 de *B. safensis* subsp. *safensis* (endófitas) fueron las más efectivas en el control *in vitro* de las 4 especies patógenas. Las cepas ACH16, AC17, Hvs6 y Sol 1-2 redujeron la longitud de las lesiones provocadas por *B. dothidea* y *N. parvum* en brotes escindidos de almendro. La producción de enzimas hidrolíticas podría estar relacionada con el mecanismo de acción de estos potenciales ACB.



El estudio del viroma del olivo mediante secuenciación masiva permite el avance de la taxonomía viral y plantea nuevos interrogantes

Ana Belén Ruiz-García, Félix Morán Villamizar y Antonio Olmos.

Grupo de virología de especies vegetales leñosas, Departamento de Virología, Centro de Protección Vegetal y Biotecnología, Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias (IVIA)

TIPO DE PRESENTACIÓN: Oral

RESUMEN

Se ha descrito por primera vez la secuencia completa de 16700 nt del virus asociado al amarilleamiento de la hoja de olivo (OLYaV), un closterovirus que no estaba asignado a género y de cuyo genoma solo se conocían 4605 nt. El descubrimiento de la organización del genoma y las relaciones filogenéticas con todos los miembros de la familia *Closteroviridae* en las proteínas compartidas (ORF1a, ORF1b, HSP70h, HSP90h y CP) ha permitido la propuesta y creación del nuevo género *Olivavirus* compuesto por este virus y otras dos especies virales no asignadas a género, que comparten su proximidad filogenética en todas las proteínas, la codificación de una proteína de la familia de las taumatinas y la ausencia de la proteína menor de la cápsida (CPm). El análisis de olivos españoles con síntomas asociados a la enfermedad del amarilleamiento de la hoja de olivo, como la decoloración y el amarilleamiento de hojas, la defoliación y/o el declive, ha proporcionado la descripción de otra secuencia completa de OLYaV, así como la detección del virus también en un posible vector, el psílido *Euphyllura olivina*. Además, el estudio del viroma en árboles de olivo ha mostrado la presencia en España de un nuevo genínivir, *olea europaea geminivirus* (OEGV), y la descripción de la secuencia completa de dos aislados españoles, obtenidos tanto por secuenciación HTS y como por secuenciación Sanger, así como la detección de otras secuencias virales relacionadas con el virus latente del olivo 3 (OLV-3) y el ARN satélite viral del olivo.



Efecto antagonista de hongos nematófagos contra el nemátodo de la madera del pino (*Bursaphelenchus xylophilus*)

Tamara Sánchez¹, Paula Zamora², Julio J. Díez¹ y Jorge Martín-García¹

¹Universidad de Valladolid

²Junta de Castilla y León

TIPO DE PRESENTACIÓN: Oral

RESUMEN

Los bosques de coníferas se hallan bajo una grave amenaza a nivel mundial: el nemátodo de la madera del pino (*Bursaphelenchus xylophilus*). Este patógeno es el responsable de la enfermedad del marchitamiento del pino, que provoca un decaimiento repentino y una muerte rápida de los árboles. Hasta ahora, el control de la enfermedad se ha basado en el manejo de los insectos vectores del nemátodo (*Monochamus* spp.). Concretamente, el grupo de Entomología Forestal de la UVA patentó la feromona atrayente (Galloprotect 2D) y desarrolló un dispositivo de autoinfección basado en el uso de hongos entomopatógenos (*Beauveria* spp.) para reducir las poblaciones del vector. Sin embargo, para el manejo integrado de la enfermedad, se requiere controlar no sólo al vector, sino también al nemátodo. Con este objetivo fueron testados 8 hongos potencialmente nematófagos para comprobar si la tasa de reproducción del nemátodo decrecía en su presencia. Varios tratamientos mostraron una fuerte reducción en la tasa de reproducción. De hecho, las dos especies testadas del género *Beauveria*, junto con *Trichoderma citrinoviridae*, mostraron también efecto nematicida. Aunque más ensayos son necesarios, este estudio apunta que este método de control biológico podría ser implementado para la gestión integrada de la enfermedad.



Control of the crinivirus tomato chlorosis virus in tomato: host plant resistance to the virus and to the whitefly vector

Isabel M. Fortes, Jesús Navas-Castillo, Rafael Fernández-Muñoz, Enrique Moriones.
Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea "La Mayora" (IHSM), UMA-CSIC, Málaga, Spain
(moriones@eelm.csic.es)

TIPO DE PRESENTACIÓN: Oral

RESUMEN

Tomato chlorosis virus (ToCV, genus *Crinivirus*, family Closteroviridae) is rapidly emerging world-wide causing damage to tomato crops. The virus is transmitted in a semipersistent manner by several whitefly (Hemiptera: Aleyrodidae) species and is expanding its geographical and host ranges associated with the emergence of whiteflies of the *Bemisia tabaci* complex. Control of this virus is exclusively based on containment measures and intensive insecticide applications against the insect vector but mostly ineffective. No virus resistant or tolerant commercial tomato cultivars are available. We have reported sources of resistance from wild tomato relatives that could be donors to breed resistant tomatoes. However, recent studies on ToCV population diversity have shown the presence of more aggressive virus isolates which are better adapted to those resistance sources. Additional efforts have then been conducted to localize new and more effective sources of resistance to the virus. Also, recently, *B. tabaci*-resistance based on type IV leaf glandular trichomes and secretion of acylsucroses introgressed into cultivated tomato from the wild tomato *Solanum pimpinellifolium*, was shown to effectively control the spread of the begomovirus (genus *Begomovirus*, family Geminiviridae) tomato yellow leaf curl virus, persistently-transmitted by this insect. The use of this *B. tabaci*-resistant line to control spread of the semipersistently-transmitted ToCV was also investigated. The combination of host plant resistance to the virus and to whiteflies to limit spread of ToCV opens new alternatives for a more effective control of this virus to reduce the damage caused to tomato crops.



Modelización del inóculo aéreo de *Polystigma amygdalinum* para optimizar el control de la mancha ocre del almendro

Gemma Pons-Solé¹, Elena Lázaro², Laura Torguet³, Xavier Miarnau³, Antonio Vicent², Jordi Luque¹.

¹Programa de Protecció Vegetal Sostenible, Institut de Recerca i Tecnologia Agroalimentàries (IRTA), Ctra. de Cabriels km 2, 08348 Cabriels. ²Centro de Protección Vegetal y Biotecnología, Institut Valencià d'Investigacions Agràries (IVIA), Ctra. CV-315 km 10.7, 46113 Moncada. ³Programa de Fruticultura, Institut de Recerca i Tecnologia Agroalimentàries (IRTA), PCITaL, Parque Gardeny, Edificio Fruitcentre, 25003 Lleida

TIPO DE PRESENTACIÓN: Oral

RESUMEN

La mancha ocre del almendro, causada por el ascomiceto *Polystigma amygdalinum*, es una de las enfermedades foliares más importantes de este cultivo en la cuenca mediterránea. El patógeno pasa el invierno en la hojarasca, donde maduran peritecios y ascosporas. Las ascosporas se liberan en primavera, dando lugar a nuevas infecciones. La principal estrategia de control de esta enfermedad consiste en la aplicación periódica de fungicidas.

El objetivo de este trabajo consistió en desarrollar un modelo matemático para predecir la liberación de ascosporas a lo largo de la temporada del cultivo. Entre 2019 y 2021 se monitorizó la liberación de ascosporas de *P. amygdalinum* en dos parcelas afectadas por mancha ocre en Lleida. En cada parcela se instaló un captador aerobiológico (tipo Hirst), cuyas cintas se analizaron mediante qPCR para cuantificar los niveles diarios de ascosporas. Mediante modelos mixtos bayesianos de regresión beta, se evaluó el rendimiento de las distintas combinaciones de variables meteorológicas en la predicción de la liberación del inóculo.

El modelo con mejor comportamiento predictivo incluyó las variables *ADD* (grados día acumulados) y *ADDwet* (*ADD* considerando la precipitación y el déficit de presión de vapor). Con este modelo, la regresión lineal entre los valores observados y predichos explicó el 78% de la variabilidad de los datos, con un error absoluto medio de 0.1415. Actualmente se está trabajando en la validación del modelo para su incorporación en un sistema de ayuda en la toma de decisiones, para una programación más eficiente de los tratamientos fungicidas.

Financiación: Proyectos RTA2017-00009-C04-01 (INIA) y PID2020-114648RR-C31 (AEI). Gemma Pons-Solé es beneficiaria de una beca predoctoral (PRE2018-085207) de la AEI.



Prevalencia y factores ecológicos que determinan la distribución de nematodos fitoparásitos en plantaciones de *Prunus* en España

Ilenia Clavero-Camacho¹, Carolina Cantalapiedra-Navarrete¹, Antonio Archidona-Yuste², Pablo Castillo¹, Juan Emilio Palomares-Rius¹.

¹Instituto de Agricultura Sostenible (IAS), Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), Avenida Menéndez Pidal s/n, 14004 Córdoba, Campus de Excelencia Internacional Agroalimentario, ceiA3, España.

²Instituto Andaluz de Investigación Agraria, Pesquera, Alimentaria y de la Producción Ecológica (IFAPA), Centro Alameda del Obispo, Córdoba, Spain.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Oral

RESUMEN

Los cultivos de especies de *Prunus* (melocotón, almendro, albaricoque, etc...) constituyen sistemas productivos importantes en muchas regiones de España. Estas especies están injertadas sobre patrones para mejorar el cultivo frente a estreses abióticos (sequía, asfixia radical y niveles altos de caliza activa) y bióticos (enfermedades fúngicas y nematodos). Entre las especies de nematodos más importantes citadas en estos cultivos están los nematodos noduladores (*Meloidogyne* spp.) y los lesionadores (*Pratylenchus* spp.) de raíz. Actualmente la aplicación de nematicidas no está autorizada en este grupo de cultivos. En este estudio se han realizado muestreos para conocer la problemática causada por nematodos fitoparásitos y los factores que determinan su distribución en las zonas de mayor importancia de cultivos de *Prunus* en España basándonos en 5 cuencas fluviales (Almanzora, Ebro, Guadalquivir, Júcar y Segura). Se han analizado un total de 218 muestras de suelo (186 parcelas). El diagnóstico nematológico reveló la presencia de las principales especies de nematodos noduladores tales como *M. incognita*, *M. javanica* y *M. arenaria*, y en algunos la presencia combinada de algunas de ellas. No se ha detectado la presencia de otras especies citadas anteriormente afectando a *Prunus* en España como *M. hispanica*, ni la presencia de otras especies muy patógenas para *Prunus* mundialmente, como *M. enterolobii* o *M. floridensis*. Se ha confirmado la presencia de *Pratylenchus vulnus* y *P. penetrans*. Asimismo, se han detectado elevados niveles de otros ectoparásitos migratorios como *Criconemoides xenoplax*, *Helicotylenchus digonicus*, *H. microlobus*, *Paratylenchus hamatus*, *P. tenuicaudatus*, y *Xiphinema pachtaicum*.



Long-term monitoring and genetic dynamics of cucurbit aphid-borne yellows virus and watermelon mosaic virus in melon and zucchini crops

M.P. Rabadán¹, M. Juárez² and P. Gómez¹

¹Centro de Edafología y Biología Aplicada del Segura (CEBAS)- CSIC, Departamento de Biología del Estrés y Patología Vegetal, PO Box 164, 30100, Murcia, Spain.

²Escuela Politécnica Superior de Orihuela, Universidad Miguel Hernández de Elche, Orihuela 03312, Alicante, Spain.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Oral

RESUMEN

Understanding the emergence and prevalence of viral diseases in crops requires a systematic epidemiological surveillance, in addition to examine how ecological and evolutionary process combine to influence viral population dynamics. Here, we monitored extensively the occurrence of six aphid-borne viruses in symptomatic melon and zucchini plants for ten consecutive (2011-2020) cropping seasons in Spain. Cucurbit aphid-borne yellows virus (CABYV) and watermelon mosaic virus (WMV) were the most common viruses affecting these crops, with a recurrent co-detection of both viruses in mixed infections. Our statistical analysis showed that the association among CABYV and WMV was non-dependent of their frequencies in single infections or the plant. We then carried out a comprehensive genetic characterization of the full-length genome sequences of a random set of CABYV and WMV isolates by using the single-molecule real-time (SMRT, PacBio) high-throughput technology in order to assess the genetic variation and structure of the CABYV and WMV populations at whole genome viral entity. CABYV population displayed seven codons under positive selection, and although most isolates clustered in the Mediterranean clade, with no genetic differentiation among host and location, a subsequent analysis of molecular variance (AMOVA) revealed a significant fine-scale temporal structure that was in part explained by the level of the genetic variance among isolates from single and mixed infections. In contrast, WMV population genetic analysis showed that most the isolates grouped into the Emergent clade, with no genetic differentiation and under purifying selection. Our results underlie the epidemiological relevance of mixed infections on the CABYV evolutionary dynamics.



Limitaciones de la agricultura ecológica en la conservación de la diversidad de nematodos del suelo e implicaciones en el manejo de nematodos fitoparásitos

Antonio Archidona-Yuste¹, Carolina Puerta-Piñero^{2,3}, Miguel Talavera-Rubia¹.

¹Instituto Andaluz de Investigación Agraria, Pesquera, Alimentaria y de la Producción Ecológica (IFAPA), Centro Alameda del Obispo, Córdoba, Spain.

²Instituto Andaluz de Investigación Agraria, Pesquera, Alimentaria y de la Producción Ecológica (IFAPA), Centro Camino de Purchil, Granada, Spain.

³ Present address: European Commission, Joint Research Centre (JRC), Ispra, Italy

TIPO DE PRESENTACIÓN: Oral

RESUMEN

La degradación de la biodiversidad del suelo asociada a la intensificación en los ecosistemas agrícolas ha contribuido a un creciente interés por los sistemas de agricultura ecológica, dado su potencial valor en la conservación de la biodiversidad lo cual implica una regulación en las complejas interacciones en la red trófica y un efecto positivo sobre el servicio ecosistémico de supresividad de enfermedades y plagas.

El objetivo planteado fue evaluar si el manejo ecológico de explotaciones de vid influye positivamente en la conservación de la biodiversidad de nematodos de suelo y en la estructura de la red trófica edáfica. Para ello, hemos evaluado el efecto del manejo ecológico y convencional en 25 explotaciones de vid en Andalucía sobre los procesos de homogenización biótica y su influencia en la prevalencia de nematodos fitoparásitos.

Detectamos una homogenización biótica en comunidades de nematodos en agricultura ecológica frente a convencional, con abundancias similares de nematodos fitoparásitos en ambos sistemas de cultivo. La hipótesis de que este efecto podría estar condicionado por las habituales prácticas de laboreo en ambos sistemas de cultivo fue confirmada por nuestros análisis estadísticos.

Describimos nuevas perspectivas y limitaciones en el uso de la agricultura ecológica como sistema de conservación de la biodiversidad de suelo y control de nematodos fitoparásitos. Los resultados encontrados indican la necesidad de evaluación en mayor profundidad del laboreo en sistemas de producción ecológica.



Global risk prediction for Pierce's disease of grapevines

Alex Giménez-Romero¹, Javier Galván¹, Marina Montesinos², Joan Bauzá³, Martin Godefroid⁴, Alberto Fereres⁴, José J. Ramasco¹, Manuel A. Matías¹, Eduardo Moralejo²

¹Instituto de Física Interdisciplinar y Sistemas Complejos IFISC (UIB-CSIC), 07122 Palma de Mallorca, Spain.

²Tragsa, Passatge Cala Figuera 6, 07009 Palma de Mallorca, Spain.

³Departamento de Geografía, Universidad de las Islas Baleares, Campus UIB, 07122 Palma de Mallorca, Spain.

⁴Instituto de Ciencias Agrarias, Consejo Superior de Investigaciones Científicas, ICA-CSIC, 28006 Madrid, Spain.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Oral

RESUMEN:

The clonal lineage of the bacterium *Xylella fastidiosa* (Xf) responsible for Pierce's disease (PD) poses a threat to viticulture worldwide. Although this vector-transmitted disease has remained mainly restricted to the United States, recent introductions on the islands of Majorca and Taiwan have raised concerns about the risk of spreading worldwide. To assess this risk, we build a climate-driven epidemiological model that simulates PD progression. The model considers the temperature-dependent infection process based on a 3-year inoculation assay and assume local disease propagation. The model was successfully validated with spatiotemporal data of the PD distribution in the US yielding a remarkable ~90% accuracy. Thereafter the model was applied to the main winegrowing regions worldwide, specially focusing in Europe as a case study based on the distribution of the main vector, *Philaenus spumarius*. Our model reveals that most wine-quality producing areas in China, Europe, Argentina, Chile, South Africa, and Australia currently thrive in non-risk zones. To a lesser extent, epidemic-risk zones with low to moderate risk indices appear in coastal zones such as Mallorca and Apulia, where Xf outbreaks have been already detected. The European case shows how models assuming a vector heterogeneous distribution yield lesser extended epidemic-risk zones than previous risk maps. Overall, a global expansion of PD epidemic-risk zones is projected for 2050, although with low increase in risk indices. Our study highlights the importance of considering climate variability and an invasive criterion to obtain precise risk maps for plant health decision-making.



Biocontrol of *Botrytis cinerea* as influenced by environmental conditions

Elisa González-Domínguez¹, Giorgia Fedele², Vittorio Rossi².

Filiación: ¹Horta srl, Piacenza, Italy; ²DiProVeS, Università Cattolica del Sacro Cuore, Piacenza, Italy.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Oral

RESUMEN:

An increasing number of commercial BCAs are coming available for the control of Botrytis bunch rot (BBR) on grapevines, caused by *Botrytis cinerea*, but their practical use is still limited. One likely reason is the inconsistent efficacy of BCAs under field conditions, which may be related to the complex interactions among the target pathogen, the host plant, and the BCA population in a changing environment. To achieve an effective integration of BCAs in a disease management program is relevant to know: i) the life cycle of the pathogen and the BCA; ii) the mode of action of the BCA against the target; and iii) how both are influenced by the environment.

Recently, a generic mathematical model for the biocontrol of foliar disease were applied to grapevine-*Botrytis* pathosystem and BCAs. The variance in simulated biocontrol efficacy highlighted that the most important factors affecting BCA efficacy were those related to environmental conditions.

In a recent experiment, commercial BCAs for the biocontrol of BBR were applied to different substrates (i.e., bunch trash and artificial substrates simulating the chemical composition of grape berries) and were then incubated at different conditions of T and RH for 1 to 13 days. For each substrate, equations were developed accounting for the combined effects of the environmental conditions and BCA colonization period on the number of colony forming units (CFUs). After field validation, the equations could help farmers in the selection of the BCA for any specific application based on grape growth stages and weather forecast.



Metabolismo secundario de *Monilinia laxa* implicado en su fase inicial de infección en nectarinas

Maria Villarino¹, Silvia Rodríguez-Pires², Elena Requena¹, Paloma Melgarejo³, Antonieta De Cal¹, Eduardo A. Espeso².

¹Grupo Hongos Fitopatógenos, Departamento de Protección Vegetal, Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria (Consejo Superior de Investigaciones Científicas), Madrid, España.

²Laboratorio de Biología Celular de *Aspergillus*, Departamento de Biología Celular y Molecular, Centro de Investigaciones Biológicas Margarita Salas-Consejo Superior de Investigaciones Científicas, Madrid, España.

³Dirección General de Producciones y Mercados Agrarios, Ministerio de Agricultura, Pesca y Alimentación, Madrid, Spain.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Oral

RESUMEN:

El hongo patógeno necrótrofo *Monilinia laxa* causa la enfermedad de la podredumbre parda en fruta de hueso generando importantes pérdidas de rendimiento. Hasta ahora, se ha descrito un número limitado de factores de virulencia en *Monilinia* spp. relacionados con patogénesis.

Utilizando datos de RNA-seq de la cepa virulenta *M. laxa* ML8L en las primeras etapas de la infección (6, 14, 24 y 48 hpi) en nectarina y la base de datos Pathogen-Host-Interactions (PHI), identificamos genes altamente expresados a las 6 hpi cuya expresión disminuyó hasta niveles casi indetectables entre las 14 y las 48 hpi. Entre estos genes encontramos a *Monilinia*_061040 que codifica una sintetasa peptídica no ribosómica (NRPS) y que junto con otros cinco genes forman un cluster de metabolismo secundario (MS) potencialmente implicado en la producción de la toxina epipolythiodioxopiperazine (ETP). Los datos de qPCR confirmaron los resultados del RNA-seq de ML8L.

En una cepa menos virulenta de *M. laxa* (ML5L) los niveles de expresión de esta ruta se redujeron en las mismas condiciones. Se observó una regulación al alza de la NRPS en medio mínimo, lo que sugiere un mecanismo de regulación independiente de la fruta para esta ruta que también está regulada a la baja en la cepa menos virulenta. Estos resultados enfatizan el papel de esta ruta de MS durante la etapa temprana del desarrollo de la podredumbre parda.

PALABRAS CLAVE podredumbre parda, RNA-seq, NRPS



¿Cómo afecta la introducción de dos agentes de control biológico efectivos frente a la verticilosis a la microbiota de la raíz de olivo?

Martina Cardoni¹, Antonio J. Fernández-González², Antonio Valverde-Corredor¹, Manuel Fernández-López², Jesús Mercado-Blanco¹

¹Departamento de Protección de Cultivos, Instituto de Agricultura Sostenible, Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), Campus 'Alameda del Obispo' s/n, Avd. Menéndez Pidal s/n, 14004 Córdoba;

²Departamento de Microbiología del Suelo y Sistemas Simbióticos, Estación Experimental del Zaidín, Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), Calle Profesor Albareda 1, 18008 Granada
mcardoni@ias.csic.es

TIPO DE PRESENTACIÓN: Oral

RESUMEN

Pseudomonas simiae PICF7 y *Paenibacillus polymyxa* PIC73 son dos agentes de control biológico (ACB) eficaces frente a la verticilosis del olivo, una de las enfermedades más graves que afectan a esta leñosa. El impacto que la inoculación de estas bacterias tiene sobre la comunidad microbiana natural de raíces de olivo es desconocido. Para su aplicación en campo es deseable que un ACB cause el menor efecto posible sobre la microbiota indígena. En este estudio se han analizado las consecuencias de la introducción de estos ACBs, solos y en presencia de *Verticillium dahliae*, sobre la estructura, composición y redes de co-ocurrencia de las comunidades microbianas presentes en la raíz de la variedad Picual. Se constató que la inoculación de PICF7 y PIC73 no produjo cambios significativos en la riqueza (diversidad alfa), distribución (diversidad beta) y composición taxonómica de la microbiota subterránea asociada a Picual. Sin embargo, se registraron variaciones significativas en las topologías de las redes de co-ocurrencia de las comunidades microbianas, reduciendo ambos ACBs complejidad, eficiencia (aumento distancia intermodular) y porcentaje de relaciones positivas. Cuando se inoculó *V. dahliae* aumentó la modularidad y disminuyó el número de interacciones entre miembros de la microbiota presente en plantas tratadas con PIC73, lo que sugiere un aumento de la estabilidad de la red. En presencia de PICF7 las redes presentaron una topología completamente distinta, lo que indica que cada ACB altera de forma particular la interacción entre los componentes de la microbiota, y podría revelar la existencia de diferentes mecanismos de biocontrol.



Host-dependent microbiome attributes provide markers for resistance against pathogen complexes

Pierre Hohmann^{1,2,3,4*}, Lukas Wille^{1,5}, Bruno Studer⁵, Monika Messmer¹

¹ Department of Crop Sciences, Research Institute of Organic Agriculture, FiBL, Frick, Switzerland

² BETA Tech Centre, University of Vic, Vic, Spain

³ BonaPlanta, Manresa, Spain

⁴ Sustainable Plant Protection Programme, IRTA Institute of Agrifood Research and Technology, Lleida, Spain

⁵ Molecular Plant Breeding, Institute of Agricultural Sciences, ETH Zurich, Zurich, Switzerland

* Corresponding author: pierre.hohmann@uvic.cat

PRESENTATION TYPE: Oral

ABSTRACT

Pathogen complexes such as the pea root rot complex (PRRC) present a particular threat to food production and breeding progress due to the diversity of virulence factors and the versatility of their co-occurring members in different soils. Here, we present an interdisciplinary approach that combines disease phenotyping, field trials, farmers' and breeders' participations, and molecular diagnostic methods in order to characterise host-dependent PRRC-associated microbial taxa. Microbiome amplicon sequencing revealed a diverse root fungal community that includes known pea pathogens such as *Fusarium* and *Didymella* species and putative antagonists such as arbuscular mycorrhizal fungi (AMF). Based on these findings, a quantitative real-time PCR assay was established to quantify ten microbial key taxa in eight contrasting pea accessions grown in four agricultural soils that exhibit a disease-pressure gradient. Despite soil-dependent pathogen compositions, stepwise backward selection resulted in a generalised additive model with four significant smoothing terms of the four key taxonomic groups *F. solani*, AMF, *Clonostachys rosea* and *Rhizoctonia solani* explaining a total of 53% of the PRRC disease phenotype. The concept of microbiome-assisted resistance prediction is currently expanded to holobiont genetic analyses for pea and also fruit tree populations. Current results and future combined analyses of plant genetics and their associated microbiomes help to identify new plant and microbial genetic markers that can complement phenotype- and genotype-based selection strategies to improve resistance breeding efforts against pathogen complexes.



Biocontrol Fungi, Chitosan and Plant Pathogens: Crop Immunity and Trojan Horses

Luis V. Lopez Llorca, Federico López Moya

Dept. Marine Sciences and Applied Biology University of Alicante, Spain

TIPO DE PRESENTACIÓN: Oral

RESUMEN

The Nematophagous Fungus *Pochonia chlamydosporia* (Pc) infects eggs of plant parasitic nematodes worldwide. There are cases of nematode suppression due to large populations of Pc chlamydospores in soils of cereal monocultures. Recently, soils suppressive to root knot nematodes have been found in horticultural soils in NE Spain with organic fertilization only. Pc is also a true endophyte of diverse crops. Pc acts as a mutualist colonizing root cells but preserving their plasma membranes. JA perception seems to regulate fungus colonization of plants. The fungus promotes plant growth and development, leading to earlier flowering and larger yield in food security crops. Chitosan, a deacetylated form of chitin, can be generated from seafood waste. The polymer generates ROS stress in plants and fungi. Chitosan induces plant hormones and defences. Root exudates from chitosan treated plants inhibit root pathogenic fungi and nematode hatching. Pc is resistant to chitosan for its low fluidity membrane and cell wall enriched in beta 1-3 glucans. Conversely, fungal pathogens such as Fusaria wilt of tomato and banana are inhibited or killed by chitosan. Recently chitosan was found in appressoria of Pc infecting nematode eggs. Chitosan is also produced by fungus plant pathogen structures within host plants. Since chitosan oligomers are not well perceived by plant membrane receptors, unlike chitooligosaccharides, both cases could show attempts of plant immunity avoidance. Pc encodes LysM effectors different from those of fungal plant pathogens. This may be another method of crop Immunity modulation by the biocontrol fungus. In Memoriam Brian Kerry



Identificación, caracterización y análisis funcional de los ARNncl en *Pinus radiata* en respuesta a la infección por *Fusarium circinatum*

Cristina Zamora-Ballesteros¹, Jorge Martín-García¹, Aroa Suarez-Vega² y Julio J. Díez¹

¹University of Valladolid. ²University of León

TIPO DE PRESENTACIÓN: Oral

RESUMEN

Las moléculas de ARN no codificantes de cadena larga (ARNncl) están emergiendo como importantes reguladores transcripcionales bajo estrés biótico en las plantas. Sin embargo, hasta la fecha, no se han caracterizado los ARNncl en coníferas. En este estudio, la identificación transcryptómica de los ARNncl se llevó a cabo utilizando la tecnología RNA-Seq, a partir de muestras de *P. radiata* inoculadas con el hongo patógeno *Fusarium circinatum*. En total, se predijeron 13,312 ARNncl tras el análisis computacional, incluyendo ARNncl intergénicos (92,3%), ARNncl antisentido (3,3%) y ARNncl intrónicos (2,9%). En comparación con los ARN codificantes de proteínas, los ARNncl de pino son más cortos, tienen menos niveles de expresión, menor contenido de GC y albergan menos exones y más cortos. Un total de 164 ARNncl expresados diferencialmente (DE) fueron identificados en respuesta a la infección por *F. circinatum* en las plántulas de *P. radiata* inoculadas frente a las control. El análisis de coexpresión de los ARNncl DE, los genes diferencialmente expresados por la infección del patógeno y los genes diana de los ARNncl DE mostró una red potencial de regulación en trans de la actividad de la pectinesterasa y la remodelación de la pared celular. Este estudio presenta el primer análisis de ARNncl de *P. radiata* y sienta las bases para futuras caracterizaciones funcionales de ARNncl en la interacción *Pinus-F. circinatum*.



Patogenicidad de especies de oomicetos a diferentes portainjertos híbridos de *Prunus*

Francisco Beluzán, Josep Armengol y Paloma Abad-Campos*

Instituto Agroforestal Mediterráneo, Universitat Politècnica de València, Camino de Vera S/N, 46022, Valencia, España.

*Autor de correspondencia: pabadcam@eaf.upv.es

TIPO DE PRESENTACIÓN Oral

RESUMEN

Las enfermedades causadas por oomicetos son un factor limitante para el cultivo del almendro y frutales de hueso, haciendo de la elección del portainjerto un factor clave en el manejo de estos cultivos. El objetivo de este estudio fue evaluar la patogenicidad de 12 especies de oomicetos pertenecientes a los géneros *Globisporangium* (G.), *Phytophthora* (Ph.) y *Phytophthium* (Pp.) a tres portainjertos híbridos de *Prunus*: 'Garnem', 'GF-677' y 'Rootpac-40'. Estos portainjertos son ampliamente utilizados en el cultivo del almendro y frutales de hueso en la cuenca mediterránea. Los ensayos de patogenicidad se realizaron en plantas de 1 año de edad, inoculando aislados de *G. heterothallicum*, *G. irregulare*, *G. ultimum* var. *ultimum*, *Ph. cactorum*, *Ph. citrophthora*, *Ph. multivora*, *Ph. nicotianae*, *Ph. niederhauserii*, *Ph. tropicalis*, *Pp. chamaeophyon*, *Pp. helicoides* y *Pp. vexans*. Durante noventa días desde la fecha de inoculación, se evaluó la sintomatología de la enfermedad con una escala de severidad y se calculó el área bajo la curva de progresión de la enfermedad (AUDPC). Además, se registró el peso seco de la raíz. Todos los aislados incluidos en las pruebas de patogenicidad resultaron patógenos para los tres portainjertos, aunque con distintos grados de virulencia. Todos los aislados inoculados se reaislaron de lesiones de la raíz, cumpliendo los postulados de Koch. Los resultados de la interacción planta-oomiceto han revelado diferencias marcadas en la virulencia de las diferentes especies y aislados de oomicetos inoculados en cada patrón, siendo en general *Ph. multivora* y *Pp. helicoides* las especies más virulentas.



Bacteriófagos para el control de la bacteria fitopatógena *Xylella fastidiosa*

Maria Luisa Domingo-Calap^{*1,2}, Cristina M. Aure², Félix Morán²; Mireia Bernabeu-Gimeno³, Pilar Domingo-Calap³, Ester Marco-Noales²

¹Tragsa, Empresa de Transformación Agraria, Delegación de Valencia, España.

²Centro de Protección Vegetal y Biotecnología. Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias (IVIA). España.

³ Instituto de Biología Integrativa de Sistemas, I2SysBio, Universitat de València-CSIC. España

E-mail: mdomingo@tragsa.es

TIPO DE PRESENTACIÓN: Oral

RESUMEN

Xylella fastidiosa (Xf) es una bacteria patógena que habita en el xilema de la planta hospedadora y el tracto digestivo de insectos que actúan como vectores. Afecta a un elevado número de especies vegetales, siendo una de las principales bacterias de cuarentena en la Unión Europea. Puesto que actualmente no existen medidas terapéuticas eficaces y los antibióticos están prohibidos en Europa, el control de Xf se basa principalmente en la erradicación de las plantas infectadas y el uso de compuestos químicos contra los vectores, pero estas medidas no son suficientes. Por ello, es necesario desarrollar estrategias alternativas eficaces y eco-sostenibles, siendo el control biológico mediante bacteriófagos una prometedora herramienta para el tratamiento de las enfermedades ocasionadas por Xf. Debido a la dificultad inherente al cultivo de esta bacteria en condiciones de laboratorio, se han empleado cepas de *Xanthomonas* spp., especies próximas filogenéticamente a Xf, para la búsqueda de fagos. Hasta el momento se han aislado y caracterizado fenotípica y genómicamente un total de 22 bacteriófagos, cuya actividad lítica se ha testado frente a más de 50 cepas de *Xanthomonas* spp. y de otras especies bacterianas fitopatógenas. Se han seleccionado cuatro de ellos con actividad lítica frente a diferentes cepas de Xf, y se están evaluando en ensayos *in vivo*. Las plantas infectadas por Xf y tratadas con estos bacteriófagos presentan una reducción de síntomas así como una menor carga bacteriana de la población de Xf, por lo que los fagos seleccionados se posicionan como buenos candidatos a agentes de biocontrol.



Construcción de una comunidad sintética de tres *Pseudomonas chlororaphis* como modelo de estudio de interacciones bacteria-bacteria y planta-bacteria

Rafael Villar-Moreno^{1,2}, Sandra Tienda^{1,2}, Antonio de Vicente^{1,2}, Francisco Cazorla^{1,2}, Eva Arrebola^{1,2}

¹. Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias, Universidad de Málaga, Málaga, España

². Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea "La Mayora", IHSM-UMA-CSIC, Málaga, España

TIPO DE PRESENTACIÓN: Oral

RESUMEN

Las comunidades microbianas presentes en la rizosfera de *árboles* de aguacate sanos presentan una elevada presencia de bacterias del filo Proteobacteria. Destacan aquellas especies pertenecientes al complejo *Pseudomonas fluorescens* que presentan actividades relacionadas con la promoción del crecimiento de plantas (Plant Growth Promotion: PGP), así como con el control biológico de diferentes fitopatógenos como hongos, bacterias e insectos. Para estudiar el comportamiento y las interacciones que tienen lugar entre distintas cepas de *P. chlororaphis* aisladas de la rizosfera de aguacate, se ha construido una comunidad sintética de tres cepas y se han analizado sus fenotipos. Los genomas de estas cepas están secuenciados y se realizó un estudio comparativo de sus genomas. Por un lado, se han realizado estudios de compatibilidad y competitividad *in vitro* e *in vivo* entre las distintas cepas, y se determinó el fenotipo dominante en las diferentes combinaciones de cepas para la morfología de colonias y formación de biofilm. Por otro lado, se observó mediante microscopía confocal la formación de biofilm *in vitro*, así como la distribución de las cepas en solitario y combinadas sobre la raíz de aguacate. Por último, se ha estudiado, el control biológico y la estabilidad del consorcio en la rizosfera de aguacate, determinando su capacidad de colonización y persistencia.

Financiación: FPU18/05672, AGL2017-83368-C2-1-R, UMA18-FEDERJA-046.



Use optimization of organic wastes in anaerobic soil disinfestation against strawberry charcoal rot root

Ana Márquez-Caro, Celia Borrero, Paloma Hernández-Muñoz y Manuel Avilés*

Dpto. Agronomía, E.T.S.I.A. Universidad de Sevilla, Ctra. Utrera km 1, C.P. 41013 Sevilla

*aviles@us.es

TIPO DE PRESENTACIÓN: Oral

RESUMEN

The imminent removal of agrochemicals in Europe is directly affecting the strawberry sector in Spain, specifically in the Huelva province, which is the main producer in the country. The lack of efficient fumigants has increased soilborne diseases. *Macrophomina phaseolina* (the causal agent of charcoal rot in strawberry) is generating serious problems to strawberry farmers.

This work proposes to optimize the process of Anaerobic Soil Disinfestation (ASD) against *M. phaseolina* in strawberry crops as an alternative more sustainable than chemical fumigation. For this purpose, two trials with different inoculum doses were conducted. The soil was amended with rice bran and residual strawberry extrudate as carbon source for the ASD to evaluate the propagules reduction. After the ASD, this soil was used to grow strawberry in a growth chamber under controlled conditions to assay the disease reduction. Strawberry extrudate and rice bran favored disease reduction over the control equaling the efficacy of metam sodium or even improving it in some cases. *Trichoderma* spp. populations and microbial activity could influence the suppressive effect of the ASD.

All amended ASD treatments reduced *M. phaseolina* propagules and charcoal rot root severity. Residual strawberry extrudate used in ASD at a dose of 16 t/ha for 20 days caused a reduction in propagules and severity equivalent to metam sodium. In contrast, rice bran improved disease control at a dose of 20 t/ha and 40 days of ASD duration.



Desarrollo de cepas no micotoxigénicas de *Aspergillus carbonarius* como posibles agentes de biocontrol

Ana-Rosa Ballester*, Belén Llobregat, Luis González-Candelas

Filiación: Grupo de Fisiología, Patología y Biotecnología de Postcosecha, Departamento Biotecnología de Alimentos, Instituto de Agroquímica y Tecnología de Alimentos, Consejo Superior de Investigaciones Científicas (IATA, CSIC)

TIPO DE PRESENTACIÓN: Oral

RESUMEN

Aspergillus carbonarius es una de las principales especies responsables de la contaminación por micotoxinas en uva y sus derivados, siendo la ocratoxina A (OTA) la principal micotoxina producida por este hongo. Una policétido sintasa codificada por el gen *pks* es la primera enzima en la ruta biosintética de la OTA. El crecimiento, desarrollo y producción de metabolitos secundarios en hongos filamentosos son procesos interconectados controlados por factores reguladores globales codificados por genes que generalmente se encuentran fuera de los grupos de genes involucrados en la biosíntesis de metabolitos secundarios, como el complejo VELVET, del que forma parte la proteína VeA.

Nuestra hipótesis es que cepas micotoxigénicas y no micotoxigénicas pueden competir por los nutrientes y el espacio durante la infección de sus huéspedes consiguiendo una reducción en los niveles de micotoxinas. En este estudio, utilizamos mutantes de delección en los genes *pks* y *veA* de *A. carbonarius* y estudiamos la capacidad de estas cepas para llegar a superar a la cepa parental tanto durante el crecimiento *in vitro* como durante la infección en uvas y reducir la cantidad de OTA. Aunque una cepa no micotoxigénica aún puede infectar las frutas, el riesgo de contaminación de las frutas por micotoxinas se reducirá y el producto final será más seguro para el consumo humano y animal, de forma análoga al empleo actual de cepas no aflatoxigénicas para reducir la producción de aflatoxinas en maíz.

Financiación: JAEINT_19_01896 (CSIC), FPI-MICINN PRE2019-089326, RYC-2017-22009 (MICINN/AEI/FSE, UE), AGL2017-88120-R (MCIU/AEI/FEDER, UE), and RTI2018-093392-A-I00 (AEI/FEDER, UE) programs.

PALABRAS CLAVE: micotoxinas, ocratoxina A, metabolismo secundario, control biológico, *Aspergillus carbonarius*



Actinobacterias como potenciales agentes de biocontrol frente a *Macrophomina phaseolina* y *Rhizoctonia solani* asociados con la podredumbre de raíz y tallo de la judía común

Miriam Díaz-Díaz^{1,2}, Alexander Bernal-Cabrera^{3,4}, Antonio Trapero², Ricardo Medina-Marrero¹, René Dionisio Cupull-Santana¹, Milagro García-Bernal¹, Marlen Casanova González¹, Carlos Agustí-Brisach²

¹Centro de Bioactivos Químicos (CBQ), Universidad Central “Marta Abreu” de Las Villas (UCLV), Carretera Camajuaní km 5 1/2, Santa Clara 54830, Villa Clara, Cuba.

²Grupo Patología Agroforestal AGR-216, Departamento de Agronomía, Unidad de Excelencia María de Maeztu 2020-23, ETSIAM, Universidad de Córdoba, Campus de Rabanales, Edif. C4, 14071 Córdoba, España

³Centro de Investigaciones Agropecuarias (CIAP), Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Central “Marta Abreu” de Las Villas (UCLV), Carretera Camajuaní km 5 1/2, Santa Clara 54830, Villa Clara, Cuba.

⁴Departamento de Agronomía, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Central “Marta Abreu” de Las Villas (UCLV), Carretera Camajuaní km 5 1/2, Santa Clara 54830, Villa Clara, Cuba.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Oral

RESUMEN

La judía común (*Phaseolus vulgaris* L.) constituye la leguminosa de grano más importante a nivel mundial. Entre las enfermedades que afectan al cultivo, encontramos las podredumbres radicales y de cuello causadas por hongos de suelo como *Macrophomina phaseolina* y *Rhizoctonia solani*. Las actinobacterias representan una alternativa de biocontrol, por lo que el objetivo de este estudio fue evaluar la eficacia de 60 cepas de actinobacterias frente a *M. phaseolina* y *R. solani* mediante cultivos duales *in vitro*. Las cepas más eficaces se caracterizaron según su actividad enzimática extracelular, y por sus caracteres morfológicos y bioquímicos. 40 y 25 de las 60 cepas inhibieron el crecimiento micelial de *M. phaseolina* y *R. solani*, respectivamente, y 18 de ellas mostraron un efecto común contra ambos patógenos. Se observaron diferencias significativas en su actividad enzimática y bioquímica. Los caracteres morfológicos y bioquímicos permitieron identificar las cepas como *Streptomyces*, cuya identidad se corroboró por secuenciación de la región 16S rRNA. Las cepas *Streptomyces* sp. CBQ-EA-2 y CBQ-B-8 se seleccionaron por su elevada eficacia *in vitro* y se evaluaron *in planta*, aplicándolas solas o combinadas, mediante tratamientos a las semillas de judía. Los ensayos *in planta* se llevaron a cabo tanto en condiciones controladas, inoculando las plantas con *M. phaseolina* o *R. solani*, como en condiciones de infección natural en campo. En todos los casos, los tratamientos con actinobacterias redujeron significativamente la enfermedad en comparación con el control sin tratar, siendo más efectivas las comunidades sintéticas bacterianas, las cuales merecen especial atención en investigaciones futuras.



Cultural strategies to disrupt landing and settlement of the HLB vector *Trioza erytreae*

Alberto Fereres

Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC)

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

One of the two species involved in the spread of HLB, *Trioza erytreae* is widely spread in the Iberian Peninsula. Limiting the spread of HLB vectors is mandatory to prevent the disease. Dual-choice laboratory assays in the laboratory and open field mark-release-recapture experiments conducted in northwestern Portugal showed that spraying kaolin clay particles (2%) twice on lemon plants during the flushing period significantly reduced the landing and settlement of *Trioza erytreae*. Most psyllids avoided to settle on kaolin-treated plants and their feeding was disrupted according to Electrical Penetration Graph (EPG) studies. Field experiments conducted in northern Portugal on young lemon trees covered with UV-reflective mulches provided good protection against *T. erytreae*. Most of the psyllids preferred to settle on control plots than on plots covered with silver and white UV-reflective mulches. Furthermore, UV-absorbing nets provided good protection against *T. erytreae* and reduced their take-off ability in experiments conducted in protected environments. Our results show that the combination of kaolin sprays at the flushing period together with UV-reflective mulches is an effective strategy to avoid colonization of citrus plants by *T. erytreae*. Furthermore, the use of UV-absorbing nets can provide effective protection against the spread of *T. erytreae* under protected environments (eg nurseries).



Construcción del clon infeccioso de *Botrytis virus F* y caracterización en *Botrytis cinerea*

Laura Córdoba^a, Ana Ruiz-Padilla^a, Julio Rodríguez-Romero^{a,b}, María A. Ayllón^{a,b}

^aCentro de Biotecnología y Genómica de Plantas, Universidad Politécnica de Madrid (UPM)-Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria (INIA), Campus de Montegancedo, Pozuelo de Alarcón, Madrid, Spain

^bDepartamento de Biotecnología-Biología Vegetal, Escuela Técnica Superior de Ingeniería Agronómica, Alimentaria y de Biosistemas, Universidad Politécnica de Madrid, Madrid, Spain

TIPO DE PRESENTACIÓN: Oral

RESUMEN:

Botrytis virus F (BVF) es un micovirus con genoma de RNA de simple cadena positiva, perteneciente al género *Mycoflexivirus*, que infecta al hongo patógeno de plantas *Botrytis cinerea*. En este estudio, se determinó la secuencia completa de BVF de un aislado de *B. cinerea* infectado procedente de uva. Se determinaron los extremos 5' y 3' del genoma y se construyó y secuenció completamente un clon de cDNA de BVF. Se sintetizaron transcritos a partir de este clon que se usaron para infectar protoplastos de dos cepas de *B. cinerea*, B05.10 (cepa libre de virus) y Pi258.9 (cepa infectada previamente con otros dos virus). La replicación del virus se validó en los micelios transfectados, y en sus respectivos cultivos monospóricos, mediante RT-PCR e hibridación Northern blot. Además, también se determinó la existencia de un RNA subgenómico (sgRNA) para expresar la proteína de la cápsida del virus, y se mapeó el sitio de inicio de la transcripción del mismo. Las cepas infectadas o no con BVF-V448 no mostraron diferencias significativas en su tasa de crecimiento y morfología. Los ensayos de virulencia en hojas de tomate y pimiento solo mostraron diferencias significativas en el caso de la replicación de BVF-448 en Pi258.9, mostrando una disminución de la virulencia del hongo en este huésped. El clon infeccioso generado proporciona una herramienta muy útil para el desarrollo de un vector inductor de silenciamiento génico en *B. cinerea*.

Financiación: Proyecto VIROPLANT (European Union's Horizon 2020 Research and Innovation Program, Grant Agreement number 773567).



The crinivirus tomato chlorosis virus enhances the breakdown of *Ty-1*-based begomovirus resistance in tomato plants

Isabel M. Fortes, Rafael Fernández-Muñoz, Enrique Moriones

Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea "La Mayora" (IHSM), UMA-CSIC, Málaga, Spain (moriones@eelm.csic.es)

TIPO DE PRESENTACIÓN: Oral

RESUMEN

The tomato yellow leaf curl disease (TYLCD) severely damage tomato crops worldwide associated to *Bemisia tabaci* whitefly (Hemiptera: Aleyrodidae) vector infestations. Several begomovirus (genus *Begomovirus*, family Geminiviridae) species have been associated to TYLCD, with isolates of the *Tomato yellow leaf curl virus* species (TYLCV) being the most widespread. Control of TYLCV damage in tomato is mostly based on the dominant *Ty-1* begomovirus resistance gene resulting into reduced virus accumulation and mild or no disease symptoms observed. However, recent reports suggested the adaptation of TYLCV to *Ty-1*-based resistance. Recombinant TYLCV isolates with a short genetic exchange with isolates of the *Tomato yellow leaf curl Sardinia virus* (named as TYLCV-IS76-like isolates) begomovirus species also associated to TYLCD seemed to displace the canonical TYLCV in *Ty-1*-resistant tomato crops. Higher viral DNA accumulation was shown for TYLCV-IS76-like isolates in *Ty-1*-resistant tomato plants. Nevertheless, true resistance breaking was not demonstrated as no TYLCD symptomatic infections were reproduced. As *Ty-1* resistance breaking resulting in prominent symptoms is claimed by tomato growers, this aspect was further investigated in the current study. Two different TYLCV-IS76-like isolates have been cloned and infectious clones were obtained, which exhibited differential aggressiveness on *Ty-1*-resistant tomatoes but resistance-breaking was not observed for any of them. Interestingly, the studies demonstrated the involvement of mixed infections with isolates of the *B. tabaci*-transmitted crinivirus (genus *Crinivirus*, family Closteroviridae) species *Tomato chlorosis virus* as the cause of TYLCV resistance breaking in *Ty-1*-resistant tomatoes. Alternatives to improve the genetic resistance control of TYLCV in tomato plants are investigated.



Relationship between cell wall and virulence in plant-virus interactions

Helena Martín-Rivilla, Clara Bobadilla-Rodríguez, Israel Pagán

Filiación: Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas UPM-INIA, Campus de Montegancedo, Autopista M40, km.38. 28223, Pozuelo de Alarcón, Madrid.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Oral

RESUMEN

Plant cell walls are dynamic barriers that pathogens must overcome for within-host colonization. Current information on changes in the composition, structure and function of plant cell walls in response to infection has been largely restricted to non-viral pathogens. The scant work on plant-virus interactions focused on the association between cell wall modifications and virus cell-to-cell and, to a lesser extent, systemic movement. However, whether cell walls are involved in other infection traits, such as virulence (i.e., the effect of virus infection on plant fitness) remains to be elucidated. To address this question, we challenged 160 *Arabidopsis thaliana* genotypes with its natural pathogen cucumber mosaic virus (CMV), and we quantified virulence as seed production. Genome-wide association studies (GWAS) for this trait indicated that host genes associated with virulence were enriched in those involved in cell wall biogenesis. To experimentally validate our *in silico* analyses, we inoculated a set of 28 *A. thaliana* knockout mutants in different genes linked to the synthesis and reorganization of the cell wall with CMV and turnip mosaic virus (TuMV), which greatly differ in virulence. Results showed variation in virus multiplication and virulence between mutants and the wildtype, supporting a role for the cell wall in these traits of the virus. This differential response depended on the virus species, indicating that different viruses may modify different cell wall components during infection. Overall, this work provides novel insights on the host determinants of virulence in plant-virus interactions.



Downregulation of tomato *STEROL GLYCOSYLTRANSFERASE 1* perturbs plant development and facilitates viroid infection

Adriana E. Cisneros^a, Purificación Lisón^a, Laura Campos^a, Joan Manel López-Tubau^b, Teresa Altabella^{b,c}, Albert Ferrer^{b,d}, José-Antonio Daròs^a, Alberto Carbonell^a,

^aInstituto de Biología Molecular y Celular de Plantas (Consejo Superior de Investigaciones Científicas–Universitat Politècnica de València), 46022 Valencia, Spain.

^bCentre for Research in Agricultural Genomics (CSIC-IRTA-IAB-UB), Bellaterra, Barcelona, Spain.

^cDepartment of Biology, Healthcare and the Environment, Faculty of Pharmacy and Food Sciences, University of Barcelona, 08028 Barcelona, Spain.

^dDepartment of Biochemistry and Physiology, Faculty of Pharmacy and Food Sciences, University of Barcelona, 08028 Barcelona, Spain).

TIPO DE PRESENTACIÓN: Oral

RESUMEN

Potato spindle tuber viroid (PSTVd) is a plant pathogen naturally infecting economically important crops such tomato (*Solanum lycopersicum*). Here, we aimed to engineer tomato plants highly resistant to PSTVd and developed several *S. lycopersicum* lines expressing an artificial microRNA (amiRNA) against PSTVd (amiR-PSTVd). Infectivity assays revealed that amiR-PSTVd-expressing lines were not resistant but rather hypersusceptible to the viroid. A combination of phenotypic, molecular and metabolic analyses of amiRNA-expressing lines non-inoculated with the viroid revealed that amiR-PSTVd was accidentally silencing the tomato *STEROL GLYCOSYLTRANSFERASE 1* (*SISGT1*) gene, which caused late developmental and reproductive defects such as leaf epinasty, dwarfism or reduced fruit size. Importantly, two independent transgenic tomato lines each expressing a different amiRNA specifically designed to target *SISGT1* were also hypersusceptible to PSTVd, thus confirming that downregulation of *SISGT1* was responsible for the viroid hypersusceptibility phenotype. Our results highlight the role of SGTs in proper plant development and indicate that the unbalance of sterol glycosylation levels favors viroid infection most likely by facilitating viroid movement.



Protein P0 of *Pepper vein yellows virus 5*: natural variability and mechanisms underlying its RNA silencing suppressor activity

Miryam Pérez-Cañamás, Mónica Bustos, Victoria Puértolas, Sofía Peiró, Marc Balanzá, Yolanda Castelló, Carmen Hernández

Instituto de Biología Molecular y Celular de Plantas (IBMCP, CSIC-UPV), Valencia, Spain

TIPO DE PRESENTACIÓN: Oral

RESUMEN

Pepper vein yellows virus 5 (PeVYV-5) belongs to a group of emergent and closely related poleroviruses (family *Solemoviridae*) which represents a threat to pepper cultivation worldwide. Since its first detection in Spain in 2013 and the determination of the complete genome sequence of an isolate in 2018, little is known on the presence, genomic variation and molecular properties of this pathogen. As other members of genus *Polerovirus*, PeVYV-5 encodes a protein P0 that was predicted to act as viral suppressor of RNA silencing (VSR), one of the main antiviral defense mechanisms in plants. VSRs are critical for the success of viral infections and, thus, are appealing targets for virus control. In order to get further insights into the molecular heterogeneity of PeVYV-5 and, more specifically, of its encoded P0, new virus isolates collected in 2020-2022 were used to amplify and sequence the P0 gene. The obtained data have revealed considerable variability in this gene, including nucleotide substitutions and insertions/deletions with an impact at amino acid level. We have also aimed to confirm and to analyse the molecular basis of P0 VSR activity. The results have indicated that PeVYV-5 P0 is a potent VSR that promotes rapid and efficient degradation of Argonaute (AGO) proteins, the effectors of RNA silencing. Experiments to identify P0 regions and host factors important for VSR function have been conducted and their outcome will be discussed.



Identification and functional validation of a candidate gene linked to Tomato leaf curl New Delhi virus resistance in melon

Cristina Sáez¹, Pascual Villalba-Bernell¹, Joan Márquez-Molins¹, Verónica Aragonés¹, Alicia Si-fres², Belén Picó², José-Antonio Daròs¹, Carmelo López² y Gustavo Gómez³

¹Instituto de Biología Integrativa y de Sistemas (I2SysBio) UV - CSIC

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

³Instituto de Biología Integrativa y de Sistemas (I2SysBio) UV - CSIC

TIPO DE PRESENTACIÓN: Oral

RESUMEN

Among the viruses affecting cucurbits in the Mediterranean basin, the Spanish strain of the whitefly transmitted *Begomovirus*, *Tomato leaf curl New Delhi virus* (ToLCNDV), represents a major risk for squash (*Cucurbita pepo*), melon (*Cucumis melo*) and cucumber (*Cucumis sativus*) productions. Cultural practices to reduce vector/virus incidence are not being effective to control the disease. So, employing cultivars carrying resistance genes is apparently the best strategy for disease control. In previous works, we identified resistance to ToLCNDV in accessions of melon and pumpkin (*Cucurbita moschata*) and a major QTL was found as the main region controlling the resistance. This locus is syntenic between both species, but the host genes responsible of the resistance remain unknown. Previously, we performed an RNAseq assay to determine candidate genes with altered expression after ToLCNDV infection in resistant and susceptible melon plants. The most promising candidate was a DNA-primase gene with altered transcription in the resistant genotype. Here, we present a further study in which we evaluated differential exon usage in transcripts of this gene in a resistant and a susceptible melon genotypes at different stages of the disease. Additionally, we assessed the functional implications of this gene in melon plants infected with ToLCNDV combining two different approaches: virus-induced gene silencing and transient *Agrobacterium-mediated* expression. These evaluations can contribute to increase the knowledge about the molecular mechanisms regulating the resistance to ToLCNDV in cucurbits and therefore to develop durable virus-resistant commercial varieties.



Protección de heridas de poda contra infecciones naturales por hongos de la madera de la vid

Rebeca Bujanda¹, Beatriz López Manzanares¹, Sonia Ojeda¹, Oihane Oneka², Luis Gonzaga Santesteban², Julián Palacios³, David Gramaje¹

¹Instituto 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.

²Dpto de Agronomía, Biotecnología y Alimentación, Universidad Pública de Navarra (UPNA), Campus Arrosadia, 31006 Pamplona, Spain

³Viticultura Viva S.L., Cabmesado 4, 31390 Olite, Spain

TIPO DE PRESENTACIÓN: Oral

RESUMEN

Los cortes de poda constituyen la vía habitual de entrada de los hongos causantes de las enfermedades de la madera de la vid (EMV). En el presente trabajo, se evaluó por primera vez la eficacia de distintos tratamientos físicos, químicos y biológicos para la protección de heridas de poda en condiciones de infección natural en viñedo durante dos campañas. En febrero, se evaluó la eficacia de un mástic, Bloccade®, un fungicida, Tessior® (boscalida + piraclostrobin), y tres productos de control biológico basados en especies de *Trichoderma* (Esquive®, Vintec® y Blindar®) en dos viñedos localizados en Samaniego (Álava) y Madiran (Francia), respectivamente. Los tratamientos se aplicaron en las heridas inmediatamente tras realizar la poda de acuerdo a las recomendaciones para cada producto. Al cabo de un año, se recolectaron todos los sarmientos y se procedió al aislamiento e identificación de hongos de la madera mediante métodos morfológicos y de biología molecular. Se colectaron más de 1.000 aislados de hongos asociados a cinco EMV en ambos viñedos en cada campaña. La eficacia de cada producto varió dependiendo del grupo de hongos asociados a cada EMV y a la región vitivinícola objeto de estudio. En algunos casos, la baja incidencia de algunas enfermedades en el tratamiento control no permitió establecer diferencias significativas entre tratamiento. En general, Esquive® fue el tratamiento más eficaz, seguido de Tessior®. El reaislamiento de *Trichoderma* spp. en los productos de control biológico osciló entre el 16,7 y 93,3% en Samaniego, y entre el 32,5 y 94,2% en Madiran.



Niemann Pick Protein C1, a cholesterol transporter involved in *Cucumber mosaic virus* infection in melon

Irene Villar^{1,3}, Manale Gaijjout¹, Weina Hou¹, Núria Real¹, Bin Liu¹ and Ana Montserrat Martín-Hernández^{*1,2}

¹Centre for Research in Agricultural Genomics (CRAG) CSIC-IRTA-UAB-UB, C/ Vall Moronta, Edifici CRAG, Bellaterra (Cerdanyola del Vallés), 08193 Barcelona, Spain. ²IRTA (Institut de Recerca i Tecnologia Agroalimentàries), Caldes de Montbui, Barcelona, Spain. ³Universidad de Zaragoza, Zaragoza, Spain* Corresponding author.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Oral

RESUMEN

Plant viruses, as obligate parasites, need host factors to complete their life cycle and achieve a successful infection. However, plants have a complex defence system that enables them to defend against those viruses. In melon, the main QTL for systemic resistance corresponds to *cmv1* that encodes the Vacuolar Protein Sorting 41 (VPS41), which acts as a gatekeeper for resistance to CMV by either restricting the virus in the bundle sheath cells or allowing phloem entry¹. This resistance is regulated by the VPS41 and the Movement Protein (MP) of the virus. To unravel the mechanism beyond VPS41-MP, a Y2H screening was performed in a CMV-infected melon library. Results revealed 22 clones corresponding to one specific domain of a Niemann-Pick protein C1 (NPC1). NPC1 is a transmembrane cholesterol transporter related to VPS41 and to local changes in membrane composition. Moreover, it acts as receptor of Ebolavirus and other Flaviviruses in animals. The interactor domain contains four exons and retains two introns, and, some of them, have a polyA- tail at the end of the sequence. To investigate if the introns are necessary for the interaction, we have done several modifications in the clone removing either one or two introns or one exon. The resulting constructs have been tested for interaction with the MP by Y2H and by BiFC. The result will be fundamental to envisage the parts of the interaction domain that are fundamental for the virus and can subsequently be edited in the plant to impair the viral infection.

References

¹Cèlia Guiu-Aragónés et al (2016) *Molecular Plant Pathology*, 17: 973-984.

Acknowledgments. I.V. is the recipient of a Margarita Salas contract from Ministerio de Universidades and funded by "Union Europea- Next Generation EU".



Improving the biotechnological production of fungal AFPs in plants for crop and postharvest protection

Adrià Bugeda¹, Xiaoqing Shi¹, Laia Castillo¹, Juan José López-Moya¹, Jose F. Marcos² & Paloma Manzanares², Maria Coca¹

¹Centre for Research in Agricultural Genomics (CRAG, CSIC-IRTA-UAB-UB), Barcelona, Spain

²Instituto de Agroquímica y Tecnología de Alimentos (IATA-CSIC), Valencia, Spain

(Corresponding author: Paloma Manzanares (pmanz@iata.csic.es))

TIPO DE PRESENTACIÓN: Oral

RESUMEN:

Antifungal proteins (AFPs) from filamentous fungi are promising molecules due to their potential in the control of phytopathogenic fungi. Among them, PeAfpA from *Penicillium expansum* and PdAfpB from *Penicillium digitatum* exhibit potent and specific activity against economically relevant phytopathogens. In this work, we report that these AFPs can be produced cost-effectively at relevant yields in plant factories by targeting them to the apoplast or into cellular compartments, like the vacuole, using adequate signaling elements. Although vacuoles might be considered a hostile environment for recombinant protein accumulation due to their lytic properties, we found that they were an excellent subcellular compartment for the accumulation of stable proteins such as AFPs. We found that vacuole targeting allowed to produce considerable amounts of highly active PeAfpA in *Nicotiana benthamiana* leaves using a Tobacco mosaic virus-based vector. Also, vacuolar targeting enhanced PdAfpB yields in comparison to apoplastic targeting. Additionally, transmission electron microscopy was used to verify the predicted localizations. Regarding activity, PeAfpA- and PdAfpB-enriched plant extracts resulted equally active when compared to purified proteins from fungi, therefore simplifying the requirements for downstream processing and purification. Importantly, we confirmed that these plant extracts efficiently controlled *Botrytis cinerea* in tomato, and diseases caused by *Magnaporthe oryzae* and *Fusarium proliferatum* infections in rice. This production system in plant biofactories might become a sustainable and efficient way to obtain AFPs, being an important advance for the use of PeAfpA and PdAfpB as environmentally friendly and effective “green fungicides” in crop and postharvest protection. (Work funded by RTI2018-101115-B-C21/C22).



Spray-induced gene silencing through artificial nanovesicles for plant protection

Jonatan Niño Sánchez¹, Lulu Qiao², Rachael Hamby³, Luca Capriotti⁴, Angela Chen³, Julio Javier Díez Casero⁵, Bruno Mezzetti⁶, Hailing Jin³

¹University of California, Riverside / University of Valladolid

²University of California, Riverside / Nanjing Agricultural University

³University of California, Riverside

⁴University of California, Riverside / Marche Polytechnic University

⁵University of Valladolid

⁶Marche Polytechnic University

TIPO DE PRESENTACIÓN: Oral

RESUMEN

Fungal plant pathogens are a threat to global food security, and current management practices rely mainly on chemical control, which can be harmful to human health and the environment. Innovative, environmentally-friendly alternatives to chemical fungicides are thus needed for the sustainable management of fungal pathogens. Pioneering research by our group showed that Spray-Induced Gene Silencing (SIGS) can effectively inhibit fungal plant diseases, as pathogenic fungi can take up RNA from the environment through topical application of gene-targeting RNAs. These antifungal RNAs can be versatily designed to be species-specific and to target multiple genes simultaneously. Despite the promise of SIGS, one of its major disadvantages is the instability of RNA in the environment, which is quickly degraded when exposed to rainfall, high humidity, or UV light. Our earlier studies showed that plants use extracellular vesicles to deliver small RNAs into fungal cells to suppress fungal virulence. We therefore explored the use in SIGS of three artificial nanovesicle formulations, which were designed to shield double-stranded RNAs targeting pathogen genes from degradation for topical application, to control the fungal pathogen *Botrytis cinerea*. We first tested the ability of *B. cinerea* to uptake dsRNA docked into the artificial nanovesicles, then we tested the SIGS treatments on tomato, grape, lettuce and rose petals, and we assessed dsRNA stability under a range of environmental conditions. All three formulations enhanced RNA delivery, improved the plant protection effect and significantly extended the duration of RNA-mediated protection.



Factores determinantes y modificadores asociados a las comunidades microbianas presentes en el xilema del olivo

Manuel Anguita-Maeso¹, Carmen Haro¹, Concepción Olivares-García¹, Guillermo León-Ropero¹, María Pilar Velasco-Amo¹, Luis F. Arias-Giraldo¹, José Luis Trapero-Casas¹, Juan A. Navas-Cortés¹, Blanca B. Landa¹

¹Instituto de Agricultura Sostenible (IAS), Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC).

TIPO DE PRESENTACIÓN: Oral

RESUMEN

Los organismos patógenos activan una serie de respuestas fisiológicas e inmunitarias en la planta huésped que desencadenan la proliferación de un microbioma específico para combatirlos mediante la inhibición de su crecimiento y/o competición por espacio, entre otros. En este trabajo se han caracterizado los factores bióticos y abióticos que resultan determinantes en la composición de las comunidades microbianas del xilema del olivo. Para ello, inicialmente se diseñó un protocolo específico para el análisis mediante NGS del microbioma xilemático abarcando desde la extracción del microbioma a partir de la savia o del tejido xilemático, seguido de la evaluación de diversos kits de extracción de ADN y cebadores de PCR que evitan la coamplificación de mitocondrias y cloroplastos. Posteriormente, se determinó la proporción del microbioma cultivable, y se evaluaron diversos medios simulando la composición de la savia del xilema para cultivar el microbioma total y explorar la capacidad para modificar el microbioma mediante el trasplante de microbiomas naturales o cultivados. Finalmente, este protocolo se ha utilizado para caracterizar el efecto de la edad y genotipo del olivo, las condiciones ambientales (clima y suelo) y la infección por patógenos vasculares (*Verticillium dahliae*/*Xylella fastidiosa*) como factores determinantes de la estructura y diversidad del microbioma. Nuestros resultados contribuirán a seleccionar consorcios microbianos que una vez inoculados artificialmente en el xilema posibilitarán la modificación de su microbioma nativo con el fin de controlar enfermedades causadas por patógenos vasculares o modificar la fisiología y el crecimiento de la planta.

Financiado por XF-ACTORS 727987 (EU-H2020) y PID2020-114917RB-I00 (AEI-España).



Contribution of Phenotypic Heterogeneity to plant colonization by *Pseudomonas syringae*

Nieves López-Pagán¹, María-Antonia Sánchez-Romero², José S. Rufián¹, Fernando Govantes³, Javier Ruiz-Albert¹ y Carmen R. Beuzón¹

¹Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea, University of Málaga, Consejo superior de Investigaciones Científicas, IHSM-UMA-CSIC, Málaga, Spain

²Microbiology and Parasitology Department, Pharmacy Faculty, University of Sevilla, Sevilla, Spain

³Molecular Biology and Biochemistry Engineering Department, Centro Andaluz de Biología del Desarrollo-University of Pablo de Olavide, Sevilla, Spain

TIPO DE PRESENTACIÓN: Oral

RESUMEN

In bacterial clonal populations, cell to cell differences can be originated by the response to different stimuli present in the environment. However, the sources of variation may not always be directly correlated with stimuli. In some cases, these differences are merely a consequence of the noise in gene expression or in others, a programmed event under genetic or epigenetic control. The presence of different phenotypes can allow some individuals to survive sudden environmental changes (risk-spreading) and can also lead to the division of labour between individuals. The relevance of this process has been demonstrated in Salmonella and other human pathogens for the expression of virulence genes and has been linked to the establishment of a successful infection. However, little is known about the importance of this process in the colonization of the plant tissue. In the phytopathogenic bacteria *Pseudomonas syringae* we have demonstrated that the T3SS show phenotypic heterogeneity during the colonization of the plant. We have also established that flagella is expressed and displays phenotypic heterogeneity during colonization of the apoplast. These processes are counter-regulated. Nonetheless, all possible combinations for T3SS and flagella expression are formed within the apoplastic population, including T3SSON/FlagellaON and T3SSOFF/FlagellaOFF bacteria. We show that the expression and function of these virulence-relevant loci impact bacterial fitness and describe how plant defences modulate their expression at the population level. All these observations support the notion that the phenotypic heterogeneity is a relevant process for the adaptation of *P. syringae* to the plant host.



Characterization of *Dickeya dadantii* 3937 Chemoreceptors and their involvement in virulence

Clara Gálvez Roldán, Antonio Molina Fernández¹, Emilia Lopez Solanilla¹

¹Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas CBGP, Universidad Politécnica de Madrid-Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria, Parque Científico y Tecnológico de la UPM Pozuelo de Alarcón, Madrid, Spain

TIPO DE PRESENTACIÓN: Oral

RESUMEN

To carry out a successful infection, bacteria need to enter in the plant cell apoplast. However, to achieve this entry, they must overcome the plant cell wall. The cell wall is the initial site of encounter between plants and their pathogens.

The main objective of our research is to determine the importance of the cell wall composition in the progress of infection and identify the chemoreceptors involved in the perception of cell wall derived compounds. We use the model bacterium *Dickeya dadantii* 3937 (*Dd3937*), a Gram-negative necrotrophic bacterium, which causes soft rot disease in a wide range of crops. The process that makes possible the detection and movement towards plant entry sites is known as chemotaxis.

The process begins with the binding of a ligand to a transmembrane receptor protein known as chemoreceptor or MCP. *Dd3937* presents 47 chemoreceptors.

Firstly, we defined the chemotactic profile of the bacterium, towards cell wall-derived compounds. Then we selected different chemoreceptors with a high rate of plant association, based on a bioinformatic tool developed in our group. We are working with two chemoreceptors. We found that one of them losses the chemotactic response to xylotriose and the other to xylose and xylobiose. The biochemical characterization shows that binding to the chemoeffectors appears to be indirect with the involvement of specific soluble proteins. We have also characterized the involvement of the function of these chemoreceptors in the virulence of *Dd3937* in the host plant *Solanum tuberosum*.

Funding: RTI2018-095222-B-I00 and FPI contract Severo Ochoa (SEV-2016-0672-17-1)



Comportamiento de *Xanthomonas arboricola* pvs. *pruni*, *juglandis* y *corylina* ante diferentes condiciones bióticas y ambientales

Sara Cuesta-Morrondo¹, Laura Hernández-Escribano¹, Leticia Martín¹, Jerson Garita-Cambro-nero², Jaime Cubero¹.

Filiación: ¹Grupo de Bacteriología, Departamento de Protección Vegetal, Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria (INIA-CSIC). ² I+D en Protección Vegetal, Departamento de Posicionamiento Sectorial, Asociación Nacional de Obtentores Vegetales (ANOVE).

TIPO DE PRESENTACIÓN: Oral

RESUMEN

Dentro de la especie de bacterias *Xanthomonas arboricola* hay tres patovares de gran interés para la agricultura europea: *X. arboricola* pv. *pruni* (Xap), causante de la mancha bacteriana en *Prunus* spp., *X. arboricola* pv. *juglandis* (Xaj), que provoca el tizón bacteriano (WBB), la necrosis apical (BAN) y el chancro del nogal (VOC) y *X. arboricola* pv. *corylina* (Xac), que causa la mancha y la necrosis bacteriana del avellano. En este trabajo evaluamos cepas de estos tres patovares en plantas de GF677 (melocotonero x almendro), nogal y avellano, así como cuando son estimuladas con luz y oscuridad.

Cuando se analizaron estas bacterias tras inoculación en planta, como era de esperar, se obtuvieron mayores poblaciones de cada cepa en su respectivo huésped. Con Xaj se obtuvieron también recuentos relativamente altos en avellano sugiriendo una cierta compatibilidad. El análisis de los genomas de los tres patovares además reveló la ausencia de efectores de virulencia específicos en Xaj.

Además, se ha estudiado la influencia de la luz tanto a nivel fenotípico como transcriptómico en los tres patovares, observándose una mayor motilidad tipo swimming en oscuridad para los tres, mientras que en esas condiciones la motilidad superficial solo se vio favorecida en Xap. Se presentará además un análisis de transcriptómica comparativa que describe el efecto general en los tres patovares frente a condiciones de luz y oscuridad.

Los resultados presentados son parte del proyecto de I+D+i / RTI2018-096018-R-C31, financiado por MCIN/AEI/10.13039/501100011033/ "FEDER Una manera de hacer Europa" y PRE2019-090846 "El FSE invierte en tu futuro".



Functional evidence supporting the potential coding capacity of exogenous circular RNAs in plants

Joan Marquez-Molins¹, José Antonio Navarro², Vicente Pallas² y Gustavo Gomez¹

¹Institute for Integrative Systems Biology (I2SysBio)

²Instituto de Biología Molecular y Celular de Plantas (IBMCP) |

TIPO DE PRESENTACIÓN: Oral

RESUMEN

Circular RNAs (circRNAs) are regulatory molecules, involved in the modulation of gene expression in animals and plants. Although originally assumed as non-coding RNAs, recent studies have evidenced that animal circRNAs can act as non-canonical translatable transcripts. The study of circRNAs in plants is incipient, and no autonomous coding plantcircRNA has been described yet. Here we used two pathogenic exogenous circRNAs (Hop stunt viroid and Eggplant latent viroid) as experimental tools to explore the coding potential of circRNAs in plants. Our results revealed that the analyzed ex-circRNAs contain putative ORFs able to encode peptides carrying specific subcellular localization signals. Bioassays in well-established hosts revealed that mutations in these ORFs diminish the biological efficiency of these pathogenic ex-circRNAs. Finally, ex-circRNAs were found to co-sediment with polysomes, evidencing their physical interaction with the translational machinery of the plant cell.



Complex interaction among virus-plant-vector in the tomato yellow leaf curl disease (TYLCD)

Beatriz Romero-Rodríguez¹, Marko Petek², Maja Kriznik², Chen Jiao³, Ian Morilla¹, Zhangjun Fei³, Kristina Gruden², Eduardo R. Bejarano¹ and Araceli G. Castillo¹

¹ *Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea "La Mayora", Universidad de Málaga-CSIC (IHSM-UMA-CSIC), Málaga, Spain.* ² *Department of Biotechnology and Systems Biology, National Institute of Biology, Vecna pot 111, 1000 Ljubljana, Slovenia.*

³ *Boyce Thompson Institute for Plant Research, Cornell University, Ithaca, New York, USA*

TIPO DE PRESENTACIÓN: Oral

RESUMEN

Geminiviruses constitute the largest plant family of DNA viruses that cause diseases in crops worldwide. Among them, Tomato yellow leaf curl disease (TYLCD) is one of the most devastating viral diseases affecting tomato crops in tropical, subtropical and temperate areas worldwide. Tomato yellow leaf curl virus (TYLCV), the first known causal agent of TYLCD is a monopartite Begomovirus transmitted by the whitefly *Bemisia tabaci*. In the recent years, several works have revealed a complex scenario in the interaction among the players that participate in the disease, the virus, the whitefly and the host plant, that may produce a different outcome depending on the interaction of each of the organism involved. To get insight to these three-way interaction, we have analysed the changes in the transcriptome, the smallRNA profile and the methylome of tomato plants infected with TYLCV either by agroinoculation or by *B. tabaci*. DNA and RNA samples were extracted from infected apical tomato leaves at 7, 14, 14 and 21 dpi (days post infection) and RNAseq, smallRNAseq and WGBS (Whole Genome Bisulfite Sequencing) was performed. Comparative analysis of the infection mediated by *Agrobacterium* and the whitefly lighted-up genes and DNA methylated regions, that were deregulated and in plants TYLCV-infected by *B. tabaci* and not by agroinoculation, suggesting a partially different plants response to TYLCV depending on the infection method used.



¿Puede ser la quelación de metales una alternativa para el control de podredumbres fúngicas postcosecha de frutos?

Luis González-Candelas*, Mario López-Pérez, Beatriz de la Fuente y Ana-Rosa Ballester
Grupo de Fisiología, Patología y Biotecnología Postcosecha, Departamento de Biotecnología de Alimentos, Instituto de Agroquímica y Tecnología de los Alimentos IATA-CSIC (Paterna, Valencia).

Autor de correspondencia: Luis González-Candelas (lgonzlez@iata.csic.es)

TIPO DE PRESENTACIÓN: Oral

RESUMEN

Estudios previos han mostrado que la síntesis de proteasas extracelulares y la homeostasis de iones son dos procesos relevantes en la infección de frutos cítricos por *P. digitatum*. En el presente trabajo pretendemos profundizar en el conocimiento de estos procesos e investigar si pueden ser objetivo para el desarrollo de nuevos tratamientos de control alternativos. Obtuvimos mutantes nulos del gen *pvtT*, que codifica un factor de transcripción que regula la producción de proteasas extracelulares. Estos mutantes no se vieron afectados en virulencia, sin embargo, en ellos todavía había una elevada expresión de las dos principales proteasas secretadas durante el proceso de infección, por lo que no podemos extraer ninguna conclusión definitiva sobre el posible papel de las proteasas en la virulencia. A continuación, emprendimos un enfoque farmacológico consistente en inocular los frutos con el patógeno en presencia de un cóctel de inhibidores de proteasas. Este tratamiento redujo drásticamente el desarrollo de la podredumbre. El análisis de inhibidores individuales indicó que un inhibidor de metaloproteasas era el responsable de la inhibición. Este efecto de inhibición se revirtió mediante la adición de metales de transición. Un análisis adicional confirmó que la quelación de metales fue capaz de reducir el desarrollo de *P. digitatum*, incluso como tratamiento curativo. Además, también se observó que la terapia de quelación de metales fue efectiva para controlar *Penicillium italicum* en naranjas y *Penicillium expansum* en manzanas.

Financiación: Programas RYC-2017-22009 (MICINN/AEI/FSE, UE), Proyectos AGL2014-55802-R y AGL2017-88120 de la AEI/FEDER, UE y PrometeoII/2014/027 de GVA.



Caracterización del micoviroma de *Botrytis cinerea* aislado de viñedos infectados de España e Italia

Ana Ruiz-Padilla^a, Julio Rodríguez-Romero^{a,b}, Irene Gómez-Cid^a, Davide Pacifico^c and María A. Ayllón^{a,b}

^aCentro de Biotecnología y Genómica de Plantas, Universidad Politécnica de Madrid/Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria, Pozuelo de Alarcón, Madrid, Spain.

^bDepartamento de Biotecnología-Biología Vegetal, Escuela Técnica Superior de Ingeniería Agronómica, Alimentaria y de Biosistemas, Universidad Politécnica de Madrid, Madrid, Spain.

^cInstitute of Bioscience and Bioresources, National Research Council of Italy, Palermo, Italy.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Oral

RESUMEN:

Botrytis cinerea causa podredumbre gris en más de 1400 plantas, incluyendo la vid, donde afecta tanto en campo como en postcosecha. Ante el uso generalizado de fungicidas químicos como método de control y su consecuente toxicidad para el medio ambiente, los micovirus o virus que infectan hongos se consideran como una posible alternativa de control biológico, ya que son capaces de atenuar los efectos virulentos del hongo en su huésped.

En este trabajo, se exploró el micoviroma de 248 aislados de *B. cinerea* obtenidos de uvas infectadas de zonas vinícolas de España e Italia (Ruiz-Padilla et al. 2021 DOI: <https://doi.org/10.1128/mBio.03705-20>). Mediante secuenciación masiva del RNA total de todos los aislados del hongo se identificaron un total de 92 virus, de los cuales 62 pertenecían a nuevos géneros y familias virales. Del total, 57 tenían un genoma de RNA de simple cadena y sentido positivo, 15 de simple cadena y sentido negativo, 19 de RNA de doble cadena y uno de DNA de simple cadena. Algunos de estos virus pertenecían a géneros o familias que no se habían asociado previamente a *Botrytis cinerea* y muchos de ellos pertenecían a grupos asociados con la inducción de hipovirulencia en *Botrytis* o en otros géneros de hongos. Estos datos no solo permitieron aumentar nuestro conocimiento sobre diversidad viral y transferencia horizontal entre huéspedes, sino que ofrecieron candidatos potenciales para el control biológico de *B. cinerea*.

Financiación: Proyecto VIROPLANT (European Union's Horizon 2020 Research and Innovation Program, Grant Agreement number 773567).



Nanotransportadores basados en quitosano y nitruro de carbono para el control de enfermedades de la madera de la vid

Eva Sánchez-Hernández¹, Alberto Santiago-Aliste¹, Vicente González-García², Natalia Langa-Lomba^{2,3}, José Casanova-Gascón³, Jesús Martín-Gil¹, Pablo Martín-Ramos³.

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

²Departamento de Sistemas Agrícolas, Forestales y Medioambientales, Centro de Investigación y Tecnología Agroalimentaria de Aragón, Instituto Agroalimentario de Aragón—IA2 (CITA-Universidad de Zaragoza), Avda. Montañana 930, 50059 Zaragoza, España.

³Instituto Universitario de Investigación en Ciencias Ambientales de Aragón (IUCA), EPS, Universidad de Zaragoza, Carretera de Cuarte s/n, 22071 Huesca, España.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Oral

RESUMEN

La nanotecnología constituye una opción prometedora para la protección de cultivos agroforestales frente a fitopatógenos en tanto en cuanto los nanotransportadores o *nanocarriers* facilitan la vehiculización de productos bioactivos de un modo eficaz y no muestran los impactos negativos sobre la salud y el medioambiente asociados de los agroquímicos de síntesis. En esta comunicación se presenta un nuevo nanotransportador basado en oligómeros de quitosano y nitruro de carbono grafénico ($g-C_3N_4$) para la encapsulación de compuestos bioactivos (extractos de *Rubia tinctorum* y *Daucus carota* subsp. *gummifer*), cuyo potencial ha sido ensayado *in vitro* frente a hongos de la familia *Botryosphaeriaceae* y bacterias fitopatógenas del género *Xylophilus*, y a escala de invernadero sobre plantas de vid jóvenes. En laboratorio, el nanotransportador ha demostrado ser altamente eficaz, con concentraciones efectivas CE_{90} de 60,3 y 42,6 $\mu\text{g/mL}$ contra *Diplodia seriata* para los extractos de rubia y zanahoria de mar, respectivamente, y con concentraciones mínimas inhibitorias de 31,25 y 15,6 $\mu\text{g/mL}$ frente a *X. ampelinus*, respectivamente. Dichos resultados han sido mejores que los de los extractos sin encapsular y conllevan ahorros de hasta un 75% en la cantidad de sustancia activa empleada. En los ensayos *in vivo* se han observado diferencias significativas en necrosis vasculares cuando se han comparado vides tratadas con las no tratadas, aparte de constatar la ausencia de fitotoxicidad de los tratamientos. Los nanotransportadores de quitosano-nitruro de carbono pueden, pues, facilitar la aplicación de tratamientos (preventivos o curativos) frente a fitopatógenos en cultivos leñosos.



Recubrimientos comestibles antifúngicos para la preservación de fruta fresca en poscosecha

Lluís Palou, María B. Pérez-Gago

Centre de Tecnologia Postcollita (CTP), Institut Valencià d'Investigacions Agràries (IVIA), 46113 Montcada, Valencia

TIPO DE PRESENTACIÓN: Oral

RESUMEN

Las pérdidas de fruta fresca en poscosecha son causadas principalmente por pérdida de peso, alteraciones fisiológicas y podredumbres causadas por hongos filamentosos. Actualmente, estas pérdidas se reducen mediante conservación frigorífica y tratamientos poscosecha con fungicidas químicos convencionales y/o ceras sintéticas. Sin embargo, el uso continuado de tratamientos químicos conlleva importantes problemas como son la generación de residuos químicos y su presencia en la fruta, con los consiguientes riesgos para el consumidor, y la proliferación de cepas fúngicas patogénicas resistentes. Por tanto, deben implementarse comercialmente tratamientos alternativos sostenibles y seguros como parte de estrategias de control integrado no contaminante de enfermedades de poscosecha (CINCEP). Entre ellos, el desarrollo de recubrimientos comestibles (RCs) con actividad antifúngica es un desafío tecnológico y un campo de investigación muy activo a nivel mundial. La principal ventaja de estos RCs es que pueden proporcionar una solución única para los problemas fisiológicos y patológicos de la fruta fresca en poscosecha. Se parte de matrices compuestas de hidrocoloides (polisacáridos o proteínas) y lípidos (ácidos grasos, ceras naturales, etc.), que regulan el intercambio de agua y gases del fruto almacenado, a las que se incorporan ingredientes antifúngicos de grado alimentario para formar RCs eficaces también para el control de hongos. Estos ingredientes pueden ser compuestos naturales o de baja toxicidad, clasificados como aditivos alimentarios o sustancias GRAS ("generally recognized as safe"), como por ejemplo sales (sorbatos, benzoatos, carbonatos, etc.), aceites esenciales y extractos de plantas, o agentes de control biológico como cepas antagónicas de levaduras o bacterias.



Epidemiología y control de la Alternariosis del manzano

Jordi Cabrefiga, Pere Vilardell, Jordi Luque
Patología, Protección Vegetal Sostenible, IRTA

TIPO DE PRESENTACIÓN: Oral

RESUMEN

En 2013 se detectaron en España las primeras infecciones causadas por *Alternaria* en manzano durante la producción, concretamente en Girona. La afectación ha ido incrementándose año a año afectando especialmente fincas de las variedades Gala y Golden. Los síntomas de esta enfermedad, consistentes en pequeñas manchas necróticas en el fruto, aparecen a finales de mayo en Gala y a mediados de junio en Golden. Uno de los puntos críticos en el control de esta enfermedad es el hecho que las infecciones en fruto se pueden alargar hasta la recolección y por tanto se debe ajustar al máximo el número de tratamientos con productos fitosanitarios con el fin de mejorar la sostenibilidad de la producción, así como reducir la presencia de residuos en el fruto. Por este motivo se ha estudiado su epidemiología, y se han evaluado diferentes estrategias de control basadas en modelos de predicción de riesgo de infecciones, así como basadas en prácticas de manejo del inoculo primario consistente en el tratamiento o la eliminación de las hojas. Se ha observado que la eliminación de las hojas o su tratamiento con *Trichoderma*, reduce la liberación de esporas, así como el nivel de ataque, lo que permite ir reduciendo la presión de inoculo paulatinamente. Por otro lado, la validación de un modelo de predicción de riesgo de la Alternariosis, ha permitido su implementación a nivel comercial en la zona de Girona lo que ha supuesto incrementar la eficacia del control consiguiendo una reducción muy significativa del número de tratamientos.



La rotación de germoplasma resistente a *Meloidogyne* es útil para gestionar poblaciones (a)virulentas al gen *Mi1.2* de tomate y reducir las pérdidas de producción

Aïda Magdalena Fullana Pons, Alejandro Expósito Creo, Nuria Escudero Benito, Ariadna Giné Blasco, Francisco Javier Sorribas Royo.

Departamento de Ingeniería Agroalimentaria y Biotecnología, Universitat Politècnica de Catalunya.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Oral

RESUMEN

Se realizó la secuencia de rotación tomate-melón-pimiento-sandía sin injertar e injertados en portainjertos resistentes 'Brigeor', *Cucumis metuliferus*, 'Oscos' y *Citrullus amarus*, respectivamente, para finalizar con un cultivo de tomate susceptible o resistente. La rotación se llevó a cabo tanto en parcelas infestadas por una población avirulenta (Pav) como por una parcialmente virulenta al gen *Mi-1.2* (Pv). Cada combinación cultivo-población se repitió 10 veces. Se determinó la densidad del nematodo en suelo al inicio (Pi) y al final (Pf) de cada cultivo, la densidad en raíz, la severidad de la enfermedad, el nivel de virulencia y la producción. Al inicio del estudio, la Pi de la población Pav y Pv no difirió entre las parcelas cultivadas con germoplasma susceptible (S) y resistente (R). Al finalizar la rotación con R, la Pf de la Pav se había reducido un 94%, la reproducción osciló entre un 2% y un 39,6% la alcanzada en S, y la producción acumulada fue 1,5 veces mayor que la del S. Respecto la Pv, la Pf estaba por debajo del nivel de detección al finalizar la rotación, la reproducción osciló entre un 0,1% y un 15% la alcanzada en S, excepto en el primer cultivo de tomate injertado que fue un 260% la observada en el tomate sin injertar, pero fue del 0,1% en el último cultivo de tomate resistente de la rotación, lo que demuestra la pérdida de virulencia al finalizar el experimento. La producción acumulada de R fue 2,4 veces mayor que la de S.



Factores que determinan la eficacia de *Nicotiana glauca* como reservorio de un patógeno importante de cultivos: el virus del mosaico verde atenuado del tabaco (TMGMV)

Rafael de Andrés Torán, Aurora Fraile, Fernando García-Arenal.

Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas (CBGP), Universidad Politécnica de Madrid (UPM) and Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria (INIA) and E.T.S.I. Agronómica, Alimentaria y de Biosistemas, Campus de Montegancedo, UPM, 28223 Pozuelo de Alarcón, Madrid, Spain. (rafaelde.andres@upm.es).

TIPO DE PRESENTACIÓN: Oral

RESUMEN

La falta de conocimiento de la epidemiología de virus en reservorios silvestres limita entender la emergencia de virosis en los cultivos. El virus del mosaico verde atenuado del tabaco (TMGMV, Tobamovirus) emergió en cultivos de pimiento en el sudeste de España desde su reservorio silvestre *Nicotiana glauca* Grah. Una duplicación en el extremo 3' no codificante del genoma del virus está relacionada con una multiplicación diferencial en ambos huéspedes: genotipos con 3'UTR largo (Long-3'UTR) se multiplican más eficazmente en *N. glauca*, y genotipos con 3'UTR corto (Short-3'UTR) se multiplican más en pimiento. La incidencia de TMGMV en poblaciones de *N. glauca* del sudeste español es >60%, y la frecuencia de genotipos Short-3'UTR se mantiene constante en el tiempo. Hemos analizado los determinantes de la alta incidencia de TMGMV en poblaciones de *N. glauca* y del mantenimiento de genotipos Short-3'UTR. Para ello, investigamos si ambos genotipos difieren en la eficacia de transmisión en la naturaleza cuantificando: i) variación temporal de la incidencia, ii) multiplicación a diferentes temperaturas, iii) eficacia de transmisión por semilla y, iv) virulencia bajo diferentes condiciones de temperatura y disponibilidad de agua para el huésped. La multiplicación viral se cuantificó en hojas de plantas infectadas en campo y bajo condiciones controladas. Los resultados obtenidos permiten explicar el mantenimiento de genotipos Short-3'UTR de TMGMV adaptados a pimiento en poblaciones de su reservorio silvestre a una frecuencia constante, y las características de *N. glauca* como un reservorio eficaz de inóculo para cultivos de pimiento.



Virus de transmisión circulativa y no circulativa acentúan sus efectos en infección mixta sobre sus pulgones vectores

Rocío Galán-Cubero¹, Alberto Fereres^{1*}, Aránzazu Moreno¹.

¹Instituto de Ciencias Agrarias, Consejo Superior de Investigaciones Científicas. C/ Serrano, 115 dpdo, 28006 Madrid, España.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Oral

RESUMEN

Los virus fitopatógenos inducen cambios en el comportamiento de sus vectores y hospedadores y, según su modo de transmisión (circulativa o no circulativa), estos cambios pueden variar favoreciendo la dispersión del patógeno. Se desconocen los efectos que producen virus con distintas estrategias de transmisión en infección mixta. Por ello, comparamos el efecto de la infección simple o mixta sobre el comportamiento alimenticio del vector, *Aphis gossypii*, en melón (*Cucumis melo* cv. Bazán) infectado con un virus de transmisión persistente circulativa (cucurbit aphid-borne yellows virus, CABYV) y otro de transmisión no persistente no circulativa (cucumber mosaic virus, CMV). Los pulgones alimentados sobre plantas infectadas con CABYV en infección simple incrementaron el tiempo de alimentación en floema con respecto a aquellos expuestos a plantas sanas; comportamiento relacionado con un aumento en la dispersión viral, al ser un virus restringido a floema. Por otro lado, los pulgones expuestos a plantas con CMV en infección simple hicieron más pruebas intracelulares ("potential drops" o pds) comparándolos con los alimentados en plantas sanas, actividad relacionada con la transmisión de virus no persistentes. Finalmente, en plantas con infección mixta los pulgones mostraron mayor número de pds, aumentando también su duración, así como la de la fase de ingestión floemática en comparación con planta sana. Los resultados sugieren que las plantas infectadas con virus de transmisión no circulativa y circulativa en infección mixta modifican el comportamiento del vector de forma que su transmisión se vería más optimizada que lo que se observa por separado en infecciones simples.

Palabras clave: *Aphis gossypii*, cucumber mosaic virus, cucurbit aphid-borne yellows virus, EPGs



Modelización de los factores ambientales que determinan la incidencia y distribución potencial de patógenos vasculares del olivo en Andalucía

Luis F. Arias-Giraldo, Blanca B. Landa y Juan A. Navas-Cortés.

Filiación: Dept. Protección de Cultivos, Instituto de Agricultura Sostenible - CSIC.

TIPO DE PRESENTACIÓN: oral

RESUMEN:

La Verticilosis del olivo, causada por el hongo *Verticillium dahliae* (Vd), está ampliamente distribuida en la cuenca mediterránea y es la enfermedad que más preocupa al sector *olivarero andaluz de las presentes en España*, por la gravedad de los daños que ocasiona y dificultades para combatirla. A esto hay que añadir la incertidumbre que el cambio climático ejerce sobre los sistemas agrícolas. Por ello, en este trabajo hemos utilizado modelos de nicho ecológico para caracterizar los factores bioclimáticos, topográficos y edáficos en el riesgo potencial a los patotipos Defoliante (D) y No-defoliante (ND) de Vd en Andalucía en escenarios actuales y futuros. Nuestros resultados identificaron las variables bioclimáticas y edáficas como los principales factores que determinan la distribución potencial de Vd en Andalucía. Los modelos para clima actual permiten estimar la distribución conocida del patógeno, siendo el Valle del Guadalquivir la zona con mayor favorabilidad. El análisis por patotipos estima unas condiciones de riesgo potencial en gran parte del territorio andaluz para el patotipo D, mientras que el patotipo ND presenta un mayor riesgo en la zona más oriental de Andalucía. En condiciones de clima futuro, en escenarios de alta emisión y más alejados en el tiempo, los modelos proyectan una reducción del territorio andaluz con mayor riesgo a Verticilosis, principalmente en la zona oriental de Andalucía para el patotipo ND. Estos modelos podrán contribuir a mejorar la gestión de la enfermedad ajustándose al nivel de riesgo, así como optimizar los programas de vigilancia.

Financiación: P18-RT-4184 JA-FEDER, E-RTA2017-00004-C06-02 AEI-INIA y OIAOE.



Efecto de la heterogeneidad ecológica en los patrones de infección y gama de huéspedes de virus de plantas

Adrian D. Zamfir Velea¹, Bisola Mercy Babalola¹, Aurora Fraile¹, Michael J. Mcleish¹ y Fernando García-Arenal¹

¹Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas (CBGP), Universidad Politécnica de Madrid (UPM) and Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria (INIA) and E.T.S.I. Agronómica, Alimentaria y de Biosistemas, Campus de Montegancedo, UPM

TIPO DE PRESENTACIÓN: Oral

RESUMEN

En la naturaleza, las infecciones virales ocurren en comunidades de plantas, a diferentes escalas espaciales, y a menudo en múltiples huéspedes. La predicción del riesgo de infección es compleja porque depende de numerosos factores ecológicos y evolutivos. Se considera que la pérdida de biodiversidad asociada a la agricultura favorece la incidencia de enfermedades. En el caso de los virus el análisis de esta hipótesis está limitado por la escasez de datos sobre su incidencia en huéspedes silvestres. Presentamos datos sobre los patrones de infección a nivel de paisaje de cuatro tobamovirus, virus transmitidos por contacto y con una gama conocida de huéspedes naturales pequeña. Se ha propuesto que los virus transmitidos por contacto tienen baja incidencia en los ecosistemas silvestres. Hemos analizado la gama de huéspedes, la incidencia, la diversidad genética y los patrones de infección y coinfección de cuatro tobamovirus en un ecosistema agrícola heterogéneo del centro de España. En contra de lo esperado, observamos que estos tobamovirus son generalistas que se especializan en el uso de huéspedes y que muestran una alta incidencia en las comunidades de plantas silvestres. Su incidencia depende del hábitat y no siempre aumenta con la simplificación de este. Además, analizamos mediante redes de infección y de coinfección el papel de las comunidades de virus y plantas a distintas escalas (planta a paisaje) en la estructuración de las interacciones planta-virus. La comparación con virus transmitidos por vectores ilustra sobre el papel de la transmisión en los patrones de infección.



Impacto de la vibración del árbol en la dispersión de conidios de *Venturia oleaginea*, agente causal del Repilo del olivo

Rafael Campos Figueras¹, Sergio Castro², Abel Guerrero Páez^{1,3}, Purificación Alcázar³, M^a Esperanza Sánchez¹, Juan Moral¹.

¹Departamento de Agronomía, Universidad de Córdoba, España; ²Departamento de Ingeniería Rural, Universidad de Córdoba, España; ³Departamento de Botánica, Ecología y Fisiología Vegetal, Universidad de Córdoba, España.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Oral

RESUMEN:

El olivar de almazara se recolecta habitualmente mediante vibradores de tronco o ramas. Esto puede provocar la dispersión antrópica del Repilo causado por *Venturia oleaginea*. Se han evaluado en campo seis árboles 'Picual y seis 'Frantoio, dos por cultivar sin tratamientos fungicidas desde 2018. Se establecieron ocho puntos de captura por árbol en dos líneas opuestas, situados bajo copa, a 1, 3 y 6m. En cada punto se colocaron tres portaobjetos impregnados con una solución de silicona-3% ciclohexano a 1m de altura y dos placas Petri con medios selectivos. Posteriormente los olivos se vibraron durante 10-12 s con un vibrador de tronco comercial adaptado a un tractor agrícola. Los parámetros de la vibración se determinaron mediante acelerómetros con registro de datos ubicados en el vibrador, tronco y ramas del árbol. Los testigos fueron un olivo no vibrado por cultivar, en los que se ubicaron puntos de captura en las mismas condiciones durante 16h. La densidad de conidios capturados fue máxima ($38 \text{ conidios} \times \text{cm}^{-2}$) bajo copa y disminuyó exponencialmente con la distancia (a 6m, $6 \text{ conidios} \times \text{cm}^{-2}$). Un 19% de los conidios se liberaron junto al conidióforo. En las placas Petri se capturaron hongos epifitos. Cabe destacar que se capturaron conidios en los olivos no vibrados en ausencia de precipitaciones, aunque a densidades muy bajas ($0,1 \text{ conidios} \times \text{cm}^{-2}$). Los datos revelan que el uso de vibradores provoca una diseminación extraordinaria de conidios del patógeno. Actualmente estamos realizando nuevos ensayos en condiciones controladas y de campo para profundizar en la dinámica de esporas de este patógeno.



Dinámica de población de *Meloidogyne incognita* y *M. javanica* en tomate sin injertar e injertado en *Solanum torvum* y pérdidas de producción

Àida Magdalena Fullana Pons, Alejandro Expósito Creo, Helio Adán García Mendívil, Ariadna Giné Blasco, Francisco Javier Sorribas Royo.

Departamento de Ingeniería Agroalimentaria y Biotecnología, Universitat Politècnica de Catalunya.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Oral

RESUMEN

Se realizó un ensayo en microparcelas de 30 L de capacidad en la que se cultivó tomate susceptible cv. Durinta sin injertar e injertado en *S. torvum* 'Brutus' inoculado con 9 densidades de inóculo de *M. incognita* o *M. javanica*, desde 0 a 50 huevos + juveniles (J2) cm⁻³ de arena, justo antes de trasplantar (*Pi*). Al finalizar el ensayo, se determinaron los parámetros de dinámica de población de cada especie de nematodo, la tolerancia del cultivo y las pérdidas máximas de producción y calidad de los frutos. La tasa máxima de multiplicación de ambas especies del nematodo y la densidad de equilibrio de la población en el tomate injertado fue el 0,12% y el 48,7%, respectivamente, la alcanzada en el tomate sin injertar. La producción del tomate injertado inoculado con densidades mayores a 1 J2 / cm³ de suelo experimentó hasta un 87% menos de pérdidas de producción que el tomate sin injertar. La relación entre la *Pi* y la producción relativa en el tomate sin injertar se ajustó al modelo de daño de Seinhorst, pero no así en el tomate injertado. El límite de tolerancia (*T*) y el rendimiento mínimo relativo (*m*) fue de 2 J2/ 100 cm³ y 0,23, respectivamente. Los frutos de las plantas no injertadas contenían más sólidos solubles, materia seca y Na a mayor *Pi*. Al ensayarlo en campo, se detectaron problemas que desaconsejan el uso de *S. torvum* como portainjerto de tomate, pero no como patrón de berenjena.



— PÓSTERES
ÁREA TEMÁTICA:
GESTIÓN DE ENFERMEDADES

Biological and physical protection of grapevine propagation material from trunk disease pathogens

Ester Abarquero¹, María Pilar Martínez-Diz¹, Ángela Díaz-Fernández¹, Yolanda Bouzas¹, Rebeca Bujanda², David Gramaje², Emilia Díaz-Losada¹

¹Estación de Viticultura y Enología de Galicia (AGACAL-EVEGA), Ponte San Clodio s/n 32428, Leiro, Ourense.

²Instituto de Ciencias de la Vid y del Vino (ICVV), Consejo Superior de Investigaciones Científicas-Universidad de La Rioja-Gobierno de La Rioja, Ctra. LO-20 Salida 13, Finca La Grajera, 26071 Logroño, Spain.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Control of fungal trunk pathogens in grapevine nurseries is based on the application of an integrated management program including several strategies. The application of hot-water treatment (HWT) or biological control has been recommended over the past years due to the restrictions and difficulties that chemicals are facing in most countries around the world. The aim of this study was to evaluate the most adequate time of HWT and *Trichoderma atroviride* SC1 (TCH) application, as well as their effect on fungal trunk pathogen infection. Two experimental trials were established: (i) HWT, TCH or HWT+TCH applications to cuttings in hydration tanks before grafting, and (ii) HWT, TCH or HWT+TCH applications to grafted plants after rooting in field nurseries. In both trials, treated plants were planted in a commercial vineyard. Black-foot and Petri disease fungal isolations were performed from the base of the rootstock and the roots at two different moments: after rooting in field nurseries and after one season in the vineyard. Black-foot disease control was low in both experimental trials. The application of HWT or HWT+TCH significantly reduced Petri disease infection mainly in grafted plants uprooted from field nurseries.



Prácticas agrícolas para la reducción del inóculo de *Polystigma amygdalinum*, causante de la mancha ocre del almendro

Gemma Pons-Solé¹, Neus Marimon², Lourdes Zazurca², Elisenda Castellet¹, Xavier Miarnau², Jordi Luque¹, Laura Torguet².

¹Programa de Protecció Vegetal Sostenible, Institut de Recerca i Tecnologia Agroalimentàries (IRTA), Ctra. de Cabriels km 2, 08348 Cabriels. ²Programa de Fruticultura, Institut de Recerca i Tecnologia Agroalimentàries (IRTA), PCITAL, Parque Gardeny, Edificio Fruitcentre, 25003 Lleida

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

La mancha ocre del almendro es una de las enfermedades foliares que, por su creciente incidencia, genera más preocupación entre los productores de almendra españoles. El hongo patógeno causante de esta enfermedad, *Polystigma amygdalinum*, pasa el invierno en la hojarasca del almendro, donde maduran las ascosporas que infectarán las hojas nuevas la primavera siguiente. Como enfermedad monocíclica que es, algunas estrategias de control se basan en prácticas agrícolas para eliminar o degradar el inóculo presente en la hojarasca. El objetivo de este trabajo fue estudiar el efecto de diferentes prácticas agrícolas sobre la dispersión de las ascosporas y el curso de la enfermedad en campo. En 2020 y 2022 se monitorizó la liberación de ascosporas de *P. amygdalinum* en tres parcelas de una finca afectada por mancha ocre en Vilagrassa (Lleida), correspondiéndose con tres tratamientos: control, sin hojarasca y tratada con urea. En cada parcela se instaló un captador volumétrico de esporas, cuyas cintas se analizaron mediante qPCR para cuantificar los niveles diarios de ascosporas en el aire. Los niveles de incidencia y severidad de la enfermedad se evaluaron periódicamente en cada tratamiento. Los resultados provisionales muestran que ambos tratamientos son efectivos en cuanto a la reducción del inóculo aéreo, siendo más eficaz el tratamiento consistente en eliminar la hojarasca. Actualmente, se está realizando un segundo ensayo para comparar el efecto de diferentes productos (urea, clorito sódico, dodina y polisulfuro de calcio), aplicados a la hojarasca, sobre el desarrollo y la maduración del inóculo potencial de *P. amygdalinum*.

Financiación: Proyectos RTA2017-00009-C04-01 (INIA) y PID2020-114648RR-C31 (AEI). Gemma Pons-Solé es beneficiaria de una beca predoctoral (PRE2018-085207) de la AEI.



Diversidad de agentes fúngicos de biocontrol infectando nematodos noduladores de la raíz (*Meloidogyne* spp.) en plantaciones de *Prunus* en España

Ilenia Clavero-Camacho¹, Carolina Cantalapiedra-Navarrete¹, Pablo Castillo¹, Juan Emilio Palomares-Rius¹.

¹Instituto de Agricultura Sostenible (IAS), Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), Avenida Menéndez Pidal s/n, 14004 Córdoba, Campus de Excelencia Internacional Agroalimentario, ceiA3, España.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Los nematodos noduladores de la raíz (*Meloidogyne* spp.) constituyen el grupo de nematodos más importante que afectan a los cultivos. Su daño está causado por su parasitismo sobre las raíces y por dificultar la absorción de agua y sales minerales. Actualmente la retirada de nematicidas y la tendencia a un cultivo más sostenible y respetuoso con el medio ambiente hacen necesaria la utilización de herramientas biológicas dentro de un contexto de Producción Integrada. Este estudio se ha centrado en parcelas infestadas con especies de *Meloidogyne* en cultivos de *Prunus* en España. La presencia de huevos infectados, muertos o sanos se ha determinado por varios métodos: i) incluyendo la tinción vital con yoduro de propidio, y la tinción de quitina mediante blanco de calcofluor; ii) determinación de crecimiento de hongos mediante siembra de huevos del nematodo en medio agar-agua teñido con rosa de bengala; y iii) medios semi-selectivos para algunas de las especies más comunes que afectan a huevos (*Pochonia* spp. y *Trichoderma* spp.). Las especies de hongos se aislaron y se identificaron morfológicamente y/o mediante marcadores moleculares (región ITS). Se estudiaron 16 muestras de suelos con diferentes niveles de infestación de *Meloidogyne* spp. siendo *Trichoderma asperellum*, *Pochonia chlamydosporia* y *Purpureocillium lilacinum* las especies más frecuentes aisladas. Este estudio es una primera base para conocer que agentes fúngicos están parasitando a los huevos de *Meloidogyne* spp. y diseñar estrategias para incrementar su abundancia en campo y/o la aplicación comercial de estos agentes adaptados a la rizosfera de especies de *Prunus*.



El tipo de sistema de riego influye en las epidemias de Verticilosis del olivo

Dolores Rodríguez-Jurado*, Juan Carlos Hidalgo-Moya, Javier Hidalgo-Moya, Victorino Vega-Macías

IFAPA Centro “Alameda del Obispo”, Consejería de Agricultura, Ganadería, Pesca y Desarrollo Sostenible. Junta de Andalucía. Avda. Menéndez Pidal, s/n. 14080 Córdoba

*Autor para correspondencia: dolores.rodriguez.jurado@juntadeandalucia.es

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

El riego subterráneo (rSb) es una práctica sostenible que podría o no contribuir a manejar la Verticilosis del olivo respecto al riego por goteo en superficie (rSp), mayoritario en el olivar en Andalucía. Por ello se compararon los efectos de ambos sistemas de riego sobre la enfermedad, el inóculo de *Verticillium dahliae* en el suelo y parámetros de crecimiento y producción. Olivos ‘Picual’ en microparcels (dos filas de tres árboles) se regaron por rSp (junto al tronco) o rSb (30 cm de profundidad y 40 cm del tronco; goteros de 2,2L/h distanciados 50 cm.) con agua no infestada o infestada (16 ó 20 microparcels por tratamiento) por el patotipo defoliante del hongo en dos campañas. La Verticilosis progresó según una curva sigmoidal doble con picos de incidencia el primer año para rSb, y ambos años para rSp. El rSb incrementó la incidencia y cantidad de enfermedad alrededor del 62% en dos años. La densidad de inóculo en el suelo fue en general menor bajo rSb que rSp y como área fue mayor en paralelo a la fila de árboles en rSp ambos años y en perpendicular a la misma en rSb el segundo año. La infección redujo el diámetro del tronco, la producción y el contenido en aceite bajo ambos sistemas de riego en las dos campañas y el rendimiento graso en la segunda. Varios de estos parámetros fueron mayores para rSb.

Financiado por el proyecto AVA2019.031 del IFAPA y fondos FEDER de Andalucía 2014-2020.



Fungicidas y estrategias para el control de la mancha ocre (*Polystigma amygdalinum*) del almendro

Laura Torguet Pomar¹, Lourdes Zazurca¹, Guillem Martínez¹, Gemma Pons-Solé², Jordi Luque², Xavier Miarnau¹

¹Programa de Fruticultura, Institut de Recerca i Tecnologia Agroalimentàries (IRTA), PCiTAL, Parque Gardeny, Edificio Fruitcentre, 25003 Lleida

²Programa de Protección Vegetal Sostenible, Institut de Recerca i Tecnologia Agroalimentàries (IRTA), Ctra. de Cabrils km 2, 08348 Cabrils

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Una de las enfermedades más importantes del almendro en los países del área mediterránea y sobre todo en España es la mancha ocre. Esta enfermedad foliar, causada por el hongo *Polystigma amygdalinum*, ha incrementado su importancia en los últimos años debido a la utilización de variedades más susceptibles y a un aumento de las plantaciones en las zonas interiores de España, donde se dan mejores condiciones para su desarrollo. El control de esta enfermedad se ha convertido en un factor clave para la gestión del cultivo; sin embargo, no es fácil debido a factores intrínsecos de la enfermedad (largos periodos de infección y de latencia) y a la falta de fungicidas autorizados. Entre los años 2015 y 2019, se realizaron ensayos de campo en Lleida (Cataluña), para evaluar la eficacia de diferentes fungicidas y estrategias de aplicación. Los fungicidas que mostraron eficacias superiores al 90% fueron fluopiram y trifloxistrobin, así como aquellas formulaciones con dos materias activas, fluopiram + tebuconazol, fluopiram + trifloxistrobin y piraclostrobin + boscalida. La estrategia de realizar aplicaciones después de las lluvias presentó eficacias similares a las estrategias con aplicaciones a cadencia fija (cada 14, 21 o 31 días desde caída de pétalos), pero con una reducción importante en el número final de aplicaciones. Estos resultados son un primer paso hacia una estrategia de manejo integrado de la enfermedad, combinando prácticas culturales para reducir el inóculo con el uso de modelos predictivos en las aplicaciones fungicidas.



Sensibilidad a tiofanato-metil y pyraclostrobin de aislados de *Rhizoctonia solani* de campos de papa (*Solanum tuberosum* L.) en el norte de Sinaloa, México

Rosalía López-Corrales¹, Sami J. Michereff², Raymundo S. García-Estrada¹, Josefina León-Félix¹, Karen Rabago-Zavala³, Edgar H. Nieto-López⁴, Juan M. Tovar-Pedraza¹

¹ Coordinación Regional Culiacán, Centro de Investigación en Alimentación y Desarrollo, Culiacán, 80110, Sinaloa, México.

² Centro de Ciências Agrárias e da Biodiversidade, Universidade Federal do Cariri, Crato, 63130-025, Ceará, Brasil.

³ Facultad de Agricultura del Valle del Fuerte, Universidad Autónoma de Sinaloa, Ahome, 81110, Sinaloa, México.

⁴ Department of Plant Pathology and Microbiology, Iowa State University, Ames, 50011, Iowa, USA.

Autor de correspondencia: juan.tovar@ciad.mx

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

La costra negra es una enfermedad causada por el hongo *Rhizoctonia solani* y ocasiona hasta 30% en pérdidas de producción en el cultivo de papa (*Solanum tuberosum* L.). El uso de fungicidas es el método más usado para el manejo de este patógeno. El objetivo de este estudio fue determinar la sensibilidad *in vitro* a los fungicidas tiofanato-metil y pyraclostrobin de 73 aislados de *R. solani* obtenidos de campos comerciales de papa en los municipios de Ahome, Guasave y El Fuerte, en el norte de Sinaloa, México. Se usaron formulaciones comerciales de los fungicidas tiofanato-metil (1, 2.5, 5, 10, 25 y 50 mg/L) y pyraclostrobin (0.05, 0.1, 0.5, 1, 5 y 10 mg/L). El experimento se realizó en placas Petri conteniendo medio de cultivo papa dextrosa agar (PDA) + fungicida. Placas Petri con PDA sin fungicida sirvieron como testigo. Se usaron tres réplicas por tratamiento. El experimento completo se realizó dos veces. La concentración efectiva que inhibe el 50% del crecimiento micelial (CE₅₀), se calculó para cada combinación de aislado-fungicida. Los aislados presentaron valores de CE₅₀ que variaron de 5.1105–47.5792 mg/L para tiofanato-metil. Mientras que, 53 aislados presentaron valores de CE₅₀ de 0.0271–22.3337 mg/L para pyraclostrobin. Para los 20 aislados restantes, se emplearán concentraciones mayores de pyraclostrobin, ya que no fue posible calcular su CE₅₀ con las concentraciones evaluadas. Estos datos servirán para monitorear futuras variaciones en la sensibilidad de aislados de *R. solani* de papa a fungicidas pertenecientes a las clases MBC y QoI.



Advanced backcross tomato lines for begomovirus resistance from the wild tomato *Solanum habrochaites* acc. EELM-889 show a recessive partial-tolerance gene and a completely dominant resistance gene identical to *Ty-2*

Enrique Moriones, Sonia Sánchez-Campos, Isabel M. Fortes, Juan Antonio Díaz-Pendón, Rafael Fernández-Muñoz

Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea "La Mayora" (IHSM), UMA-CSIC, Málaga, Spain (rafael.fernandez@csic.es)

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Tomato yellow leaf curl disease is associated to several *Begomovirus* species and causes serious tomato crop losses. Plant resistance loci have been identified from which only *Ty-1/Ty-3* (originally derived from the wild species *Solanum chilense*) and *Ty-2* (discovered in *S. habrochaites* accession B6013 and successfully introgressed into the tomato cultivar H-24) have been cloned. We previously described new sources of resistance in *S. habrochaites* among which was the accession EELM-889 whose resistance was shown to be based on a dominant plus a recessive, independent genes. Here we present new results from this resistant accession. Allelism tests show that none of the EELM-889 resistance genes is allelic to *Ty-1* and that the dominant gene is allelic (or linked) to *Ty-2*. Dominant and recessive genes were individualized in separated lines by steps of backcrossing (to the genetic background of cv. MoneyMaker) and selection against an isolate of the TYLCV-Israel strain, to which EELM-889 is completely resistant (impaired systemic infection / no disease symptoms). The recessive factor backcrossed allows virus accumulation and only provides a delay in symptoms appearing. New SNP polymorphic markers in chromosome 11 region near the known localization of *Ty-2* were designed to obtain a BC5S1 advanced backcross line containing the EELM-889 dominant gene, that was studied for response to a panel of isolates of different TYLCV virus strains. Whole-genome sequencing of EELM-889 reveals *Ty-2* as the dominant resistance gene in this accession since EELM-889 genomic sequence in the *Ty-2* locus is identical to that reported for H-24 derived materials.



The begomovirus Tomato leaf curl New Delhi virus is not seed-transmitted in melon

Isabel M. Fortes¹, Verónica Pérez-Padilla², Beatriz Romero-Rodríguez¹, Rafael Fernández-Muñoz¹, Cristina Moyano², Araceli G. Castillo¹, Leandro De León² and Enrique Moriones¹

¹Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea “La Mayora” (IHSM), UMA-CSIC, Málaga, Spain

² Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria (INIA), Madrid, Spain
(moriones@eelm.csic.es)

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Transmission of plant viruses through seed can be one of the major factors contributing to long-distance dispersal through global trade of seeds and can have important ecological consequences for virus dissemination. Begomoviruses (genus *Begomovirus*, family Geminiviridae), and among them isolates of the species *Tomato leaf curl New Delhi virus* (ToLCNDV), cause significant yield losses in economically important crops worldwide. These viruses are horizontally transmitted in nature in a circulative and persistent manner by the whitefly *Bemisia tabaci* but in recent years several reports have raised the possibility of vertical transmission through seeds for some members of this genus. We have investigated the possible transmission by melon (*Cucumis melo* L.) seeds of a ToLCNDV isolate of the “Spain” strain, in three different melon cultivars (all susceptible to ToLCNDV). The presence of ToLCNDV in floral tissues and the detection of viral DNA in seeds reveals the seed-borne nature of this virus. However, grow-out studies conducted with the progeny of melon plants germinated from seeds collected from ToLCNDV-infected plants and evaluated at early (1 leaf) or at late (20 leaves) growth stages did not support the vertical transmission of ToLCNDV from seeds to the offspring.



Eficacia y análisis de costes de las estrategias de manejo de *Meloidogyne* en la horticultura intensiva mediterránea

Miguel Talavera Rubia, María Dolores Vela Delgado, Luis Miranda Enamorado, Antonio Archidona Yuste, Soledad Verdejo Lucas.

Instituto Andaluz de Investigación y Formación Agraria, Pesquera, Alimentaria y de la Producción Ecológica (IFAPA), Consejería de Agricultura, Ganadería, Pesca y Desarrollo Sostenible, Junta de Andalucía.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Las pérdidas causadas por nematodos fitoparásitos en los cultivos dependen directamente de sus densidades en suelo al inicio del cultivo, por lo que reducir sus poblaciones antes de la siembra es el principal objetivo del control nematológico. La eficacia en la reducción de las poblaciones de nematodos del género *Meloidogyne* de diferentes nematicidas y técnicas de desinfestación de suelos, se calcularon en base a múltiples ensayos de campo realizados durante 15 años consecutivos.

A partir de los valores de límite de tolerancia y producción mínima obtenidos de los modelos de daño de Seinhorst y con los datos de precios obtenidos por el agricultor, costes de producción y precios adicionales de tratamientos nematicidas para las campañas 2019-2021, se calcularon los umbrales económicos de daño para doce patosistemas hortícola x nematodo frecuentes en cultivos hortícolas intensivos protegidos bajo plásticos.

La rentabilidad económica de cada tratamiento depende de la susceptibilidad-tolerancia al nematodo del patosistema, la efectividad del tratamiento nematicida y de los costes del tratamiento. Se observó que el único tratamiento universalmente eficaz y rentable en todos los patosistemas cuando *Meloidogyne* se encuentra en densidades altas en suelo ($Pi > 2 \text{ J2 por cm}^3$ de suelo) es la fumigación del suelo con 1,3 dicloropropeno+ cloropicrina. La biosolarización del suelo con gallinaza resultó rentable y efectiva en nueve de los doce patosistemas analizados, mientras que el resto de los tratamientos nematicidas aprobados en España solo resultaron eficaces y rentables a altas densidades de nematodos en seis a nueve de los patosistemas analizados.



Uso de bacterias para el control de *Meloidogyne hapla* y *Macrophomina phaseolina* en fresa

Miguel Talavera Rubia^{1*} (miguel.f.talavera@juntadeandalucia.es), M.^a Dolores Vela Delgado², María Camacho³, Berta de los Santos³.

Instituto Andaluz de Investigación y Formación Agraria, Pesquera, Alimentaria y de la Producción Ecológica (IFAPA), Consejería de Agricultura, Ganadería, Pesca y Desarrollo Sostenible, Junta de Andalucía.

¹ Centro IFAPA Alameda del Obispo, Avda. Menéndez Pidal s/n (Córdoba)

² Centro IFAPA Rancho de la Merced, Carretera Cañada de la Loba (CA-3102) PK 3,1 (Jerez de la Frontera, Cádiz)

³ Centro IFAPA Las Torres. Ctra. Sevilla - Cazalla Km. 12,2 (Alcalá del Río, Sevilla)

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

El objetivo de este trabajo fue determinar, en condiciones controladas, la eficacia de tres bacterias en el control de *Meloidogyne hapla* y *Macrophomina phaseolina* en fresa. Dichas bacterias fueron previamente caracterizadas e identificadas como: *Brevibacterium frigiditolerans* (Hvs8), *Pseudomonas aeruginosa* (AC17) y *Bacillus amyloliquefaciens* (FC37). Se establecieron dos bioensayos, con un diseño factorial: factor 1) agente de biocontrol y factor 2) agente patógeno, con un total de 12 tratamientos. Previo a la plantación, las plantas de fresa (cv. Rociera) fueron inoculadas mediante inmersión en suspensión de bacterias (10^8 /ml) durante una hora. Posteriormente, las plantas se inocularon con los patógenos. La eficacia de los tratamientos bacterianos, se determinó según la incidencia y severidad de la enfermedad ocasionada por *M. phaseolina*. La evaluación de la respuesta de la planta a la inoculación con *M. hapla* se realizó mediante la determinación de la severidad de los síntomas de nodulación en el sistema radical, la tasa de reproducción y diferentes parámetros de crecimiento de la planta.

Pseudomonas aeruginosa (AC17) fue la más eficaz en el control de ambos patógenos. En las plantas tratadas con AC17 se redujo la severidad de la enfermedad causada por *M. hapla* en las raíces de fresa, con el menor índice de agallas y menor población de nematodos al final del ensayo, no detectándose muerte de plantas por *M. phaseolina* y reduciéndose el porcentaje de raíces colonizadas por dicho patógeno. Esta bacteria podría ser utilizada en las estrategias de manejo de enfermedades ocasionadas por patógenos de suelo en fresa.



Evaluación de la resistencia a Verticilosis de la colección nuclear del Banco Mundial de Germoplasma de olivo del IFAPA

Alicia Serrano¹, Dolores Rodríguez-Jurado^{1*}, Jorge A. Ramírez-Tejero², Francisco Luque², Francisco Javier López-Escudero³, Angelina Belaj¹, Belén Román¹, Lorenzo León¹

¹ IFAPA Centro “Alameda del Obispo”, Avda. Menéndez Pidal s/n, Córdoba.

² Departamento de Biología Experimental, Universidad de Jaén, Campus Las Lagunillas s/n, Jaén.

³ Departamento de Agronomía, Universidad de Córdoba, Córdoba.

*dolores.rodriguez.jurado@juntadeandalucia.es

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

El Banco Mundial de Germoplasma de Olivo ubicado en el Centro IFAPA de Córdoba constituye una de las mayores colecciones de variedades de olivo del mundo, cuya diversidad genética y agronómica está especialmente representada por su colección nuclear. En este trabajo se ha evaluado la respuesta a la infección por *Verticillium dahliae* de 40 genotipos, entre ellos 35 variedades de dicha colección nuclear y tres selecciones del programa de mejora genética desarrollado en el mismo Centro IFAPA. Para la clasificación de la respuesta a dicha infección se evaluó el desarrollo de la enfermedad, así como la cantidad de hongo a los 21 días de la inoculación. Como resultado, las variedades se agruparon en cinco categorías, desde muy resistentes (‘FrAr_6’, ‘Frantoio’, ‘KorOp_48’, ‘FrAr_5’) hasta extremadamente susceptibles. En esta clasificación, parámetros como el área bajo la curva de progreso de la enfermedad, la pendiente de dicha curva, la mortalidad y la cantidad de hongo mostraron una correlación positiva con los genotipos susceptibles, mientras que el tiempo libre de enfermedad, el porcentaje de plantas asintomáticas y el tiempo de supervivencia estuvieron correlacionados con el grupo de genotipos resistentes. Estos resultados mostraron que la colección nuclear es también representativa de la respuesta a la Verticilosis en olivo. Además, la correlación negativa de algunas variedades susceptibles con la cantidad de hongo, podría indicar diferentes mecanismos de susceptibilidad/tolerancia a la enfermedad, los cuales podrían ser estudiados a nivel genómico en dicha colección nuclear.

Financiado por el proyecto AVA2019.027 del IFAPA y fondos FEDER de Andalucía 2014-2020.



Eficacia del control biológico con bacterias antagonistas sobre enfermedades postcosecha causadas por hongos de la familia Botryosphaeriaceae

Eva Arrebola^{1,2}, Sandra Tienda^{1,2}, Emilio Guirado², José A. Gutiérrez-Barranquero^{1,2}, Antonio de Vicente^{1,2}, Francisco M. Cazorla^{1,2}.

1. Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias, Universidad de Málaga, Campus de Teatinos, Málaga. 2. Departamento de Microbiología y Protección de Cultivos, Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea "La Mayora" IHSM, UMA-CSIC, Málaga.

Correspondencia: ead@uma.es

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

El mango y el aguacate son los principales cultivos subtropicales del sur de España. Estos frutos se cultivan y se procesan en la misma área geográfica, y son transportados al resto de Europa. Sin embargo, las enfermedades postcosecha durante el almacenamiento y transporte podría perjudicar el mercado de exportación. En este trabajo se detectan algunos síntomas de podredumbre en frutos de mango que se analizan en busca del agente causal. Paralelamente, frutos de aguacate asintomáticos, también fueron analizados. Estos dos frutos comparten, en muchas ocasiones, fincas, procesamiento e incluso el transporte, y podría actuar como fuente de inoculación cruzada. Los principales géneros fúngicos encontrados, tanto en mango como en aguacate, fueron *Alternaria* sp. y *Neofusicoccum* sp. De estos dos géneros, solo *Neofusicoccum* sp. pudo reproducir los síntomas de podredumbre en mango y aguacate. Para estudiar el control de esta enfermedad mediante estrategias sostenibles, se probaron dos agentes microbianos de control biológico. Ambos son antagonistas aislados contra hongos fitopatógenos, y corresponde a la bacteria *Pseudomonas chlororaphis* PCL1606. y *Bacillus velezensis* UMAF6639.

Las aplicaciones de ambos microorganismos sobre la fruta mostraron niveles de protección significativos, aunque solo UMAF6639 mostró mayor persistencia en la fruta durante las aplicaciones preventivas en campo.

Financiación: Incentivos a los agentes del sistema andaluz del conocimiento. Ayudas a la I+D+i, en el ámbito del plan andaluz de investigación, desarrollo e innovación (PAIDI 2020). Ayudas a actividades de transferencia de conocimiento entre los agentes del sistema andaluz del conocimiento y el tejido productivo, proyecto AT17-5544-UMA



Resistencia inducida por endófitos (EMR) en judía y su potencial en el bio-control de la fusariosis vascular

Virginia Casado del Castillo, Ernesto Pérez Benito, José María Díaz Mínguez

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

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

“Judías de El Barco de Ávila” es una IGP de Castilla y León cuya zona de cultivo se sitúa en la comarca agrícola de Piedrahíta-El Barco de Ávila. Las judías de esta zona gozan de merecido prestigio, si bien la producción es pequeña debido a la limitación de superficie, el carácter artesanal del cultivo y las pérdidas ocasionadas por la fusariosis vascular. El agente causal de esta enfermedad, *F. oxysporum* f. sp. *phaseoli* Schlechtend.:Fr. pertenece al complejo de especies *F. oxysporum*, colonizador habitual del suelo que comprende formas saprofíticas, endofíticas de múltiples especies vegetales y patógenas de más de 100 cultivos de gran importancia económica.

Con el fin de analizar la relación entre endófitos y patógenos en cultivos de judía (*Phaseolus vulgaris* L.) realizamos muestreos en campos sin incidencia de fusariosis. Varias plantas evidenciaron la presencia de aislados endofíticos y patógenos en raíz y cuello de raíz. Entre los últimos comprobamos la presencia de aislados muy virulentos pertenecientes al VCG 0167.

Los ensayos de patogenicidad realizados con distintas combinaciones de endófitos y patógenos muy virulentos (FOP-SP1y FOP-SP41) mostraron que algunos endófitos inducían un incremento significativo de biomasa en las judías inoculadas, así como una drástica reducción de la susceptibilidad a fusariosis, indicando la inducción de resistencia EMR.

El seguimiento de la colonización mediante microscopía confocal y cuantificación de biomasa fúngica mediante RT-qPCR reveló diferencias significativas entre los patrones de colonización de endófitos y patógenos muy virulentos. Asimismo, se ha analizado la inducción de genes de resistencia en la planta.



Papel de un clúster de genes con homología a un posible pili tipo IV en la biología y el control biológico de *Pseudomonas chlororaphis* PCL1606

Blanca Ruiz-Muñoz^{1,2}, María Rodríguez-García^{1,2}, Zaira Heredia-Ponce^{1,2}, Antonio de Vicente^{1,2}, Francisco M. Cazorla^{1,2} y José A. Gutiérrez-Barranquero^{1,2}.

¹ Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias, Universidad de Málaga, Málaga, España.

² Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea "La Mayora", IHSM-UMA-CSIC, Málaga, España.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

La cepa modelo *Pseudomonas chlororaphis* PCL1606 (PcPCL1606) es una bacteria asociada a la rizosfera de las plantas de aguacate. Esta rizobacteria muestra una marcada capacidad de antagonismo y control biológico frente a diferentes hongos fitopatógenos de suelo, incluido *Rosellinia necatrix*, agente causal de la podredumbre blanca radicular en cultivos de aguacate en el área Mediterránea. La actividad de control biológico viene mediada, principalmente, por la producción de la molécula antifúngica 2-hexil, 5-propil resorcinol (HPR). Además, HPR también interviene en procesos como la colonización de las raíces, la formación de biopelículas y las interacciones multitróficas en la rizosfera, lo que indica una actividad reguladora adicional. Datos previos obtenidos en un estudio transcriptómico para identificar los genes regulados por HPR, revelaron la inducción de un clúster de genes durante la interacción con la rizosfera de aguacate. Este clúster presenta homología con genes que codifican un posible pili tipo IV Flp/Tad (por sus siglas en inglés *Tight Adherence*), descrito previamente por su implicación en la adhesión temprana. Para estudiar el papel de esta región génica en la biología de PcPCL1606, se construyó un mutante dirigido por delección en los genes que codifican para la principal proteína estructural de este pili y se validó su fenotipo con respecto a la cepa silvestre. Los resultados obtenidos evidencian la importancia de este clúster de genes en la adhesión y la formación de la biopelícula, ambos procesos relacionados con el control biológico y la colonización de PcPCL1606 en las raíces de la planta de aguacate.

Este trabajo ha sido financiado por las ayudas I+D+i del Programa Operativo FEDER Andalucía (UMA18-FEDERJA-046).



La aplicación de la rizobacteria de control biológico, *Pseudomonas chlororaphis* PCL1606, induce la supresividad específica de *R. necatrix* y no de otras comunidades microbianas

Sandra Tienda^{1,2}, Carmen Vida^{1,2}, Rafael Villar-Moreno^{1,2}, Antonio de Vicente^{1,2}, Francisco M. Cazorla^{1,2}.

1 Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias, Universidad de Málaga, Málaga, España

2 Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea "La Mayora", IHSM-UMA-CSIC, Málaga, España

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Pseudomonas chlororaphis PCL1606 (PcPCL1606) es una bacteria que fue aislada de la rizosfera de plantas de aguacate, y muestra un fuerte antagonismo antifúngico mediado por la producción del compuesto 2-hexil, 5-propil resorcinol (HPR). Además, muestra control biológico contra diferentes fitopatógenos del suelo, incluido *Rosellinia necatrix*, agente causal de la podredumbre blanca radicular del aguacate en el área mediterránea. El objetivo de este estudio fue evaluar si la aplicación de un formulado semicomercial de PcPCL1606 al suelo podía alterar a las comunidades microbianas del aguacate cuando se encontraban en condiciones naturales o bajo infección por *R. necatrix*. Para ello, se preparó un formulado de PcPCL1606 y se aplicó al suelo donde crecían plantas de aguacate en experimentos de mesocosmos, y las comunidades procariotas y eucariotas se analizaron mediante técnicas metagenómicas. La aplicación de PcPCL1606 al suelo natural, no tuvo efecto en las comunidades procarióticas, aunque se observaron ligeros cambios en las comunidades eucarióticas. Sin embargo, en los suelos infestados con *R. necatrix*, la aplicación de PcPCL1606 impactó fuertemente en las comunidades microbianas, provocando aumento de la abundancia relativa de algunas familias procariotas con características antagonistas contra patógenos fúngicos e implicadas en la descomposición de la materia orgánica. En las comunidades eucariotas, PcPCL1606 redujo fuertemente la presencia de la familia *Xylariaceae*, y sobre todo de la especie *R. necatrix*, mostrando un nulo efecto sobre el resto de comunidades microbianas. Todos estos cambios en las comunidades microbianas dieron como resultado el control biológico del patógeno *R. necatrix* por PcPCL1606, la inducción de la supresividad contra este hongo depende de la producción de HPR.

Este trabajo ha sido financiado por el Plan Nacional de I+D+I del Ministerio de Economía (AGL2017-83368-C2-1-R; MINECO, España) y cofinanciado por FEDER 18-FEDERJA-046.



La genómica comparativa en *Penicillium rubens* revela la ausencia de base génica en la actividad de biocontrol de *P. rubens* cepa 212

Elena Requena¹, Lola Alonso², María Villarino¹, Javier Veloso³, Paloma Melgarejo⁴, Inmaculada Larena¹, Eduardo A. Espeso⁵

¹INIA-CSIC, Departamento de Protección Vegetal, Carretera de la Coruña, km 7, 28040, Madrid, España; ²Grupo de Epidemiología Genética y Molecular, Centro Nacional de Investigaciones Oncológicas (CNIO), C/Melchor Fernández Almagro 3, 28029, Madrid, España; ³Universidad de Santiago de Compostela. Escuela Politécnica Superior de Ingeniería. Departamento de Biología Funcional. Rúa Benigno Ledo 27002, Lugo; ⁴Dirección General de Producciones y Mercados Agrarios, MAPA, Madrid, España; ⁵Centro Investigaciones Biológicas Margarita Salas, CSIC, Departamento de Biología Molecular y Celular, Ramiro de Maeztu, 9, Madrid 28040, España
Corresponding autor: ilarena@inia.csic.es

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

La cepa 212 de *Penicillium rubens* (PO212), anteriormente *P. oxalicum*, es un eficaz agente de biocontrol contra importantes enfermedades que afectan a cultivos hortícolas. La secuenciación genómica y la genómica comparativa son herramientas útiles para identificar las bases genéticas que subyacen a los procesos biológicos de interés, como es la inducción por PO212 de la defensa en plantas contra patógenos. En este trabajo, secuenciamos el genoma de PO212 y lo comparamos con los genomas de dos cepas de *P. rubens* y cinco de *P. chrysogenum* depositados en las bases de datos.

La secuenciación, ensamblaje y anotación del genoma de PO212 estimó su tamaño en 29,82 Mb, su organización en 65 scaffolds, habiéndose predicho 10.164 genes. Las comparaciones genómicas con otras cepas de *P. rubens* y *P. chrysogenum* revelaron que PO212 pertenece al clado de *P. rubens* y nos da una idea de las similitudes y diferencias entre ellas.

Con la idea de buscar genes relacionados con el biocontrol, se secuenció la cepa S27 de *P. rubens*, muy similar morfológicamente a PO212, pero carente de eficacia frente a enfermedades vegetales. La comparación de los genomas de PO212 y S27, revelaron una enorme conservación de secuencia entre ambas cepas, observándose cambios puntuales en regiones codificantes y no codificantes. Los resultados indicaron que la capacidad de biocontrol de PO212 va más allá de la variación genética encontrada entre estas dos cepas, y podría estar relacionado con una expresión diferencial de genes.

Esta investigación fue financiada por los proyectos RTA2013-00060-C05-01 y RTA2017-00019-C03-01 del MCIU, España y AEI co-financiada con fondos FEDER de la Unión Europea. E. Requena recibió una beca predoctoral del MCIU, España.



¿Participan las endo-xilanasas de PO212 en la activación de los sistemas de defensa en plantas de tomate?

Elena Reguena¹, María Carreras¹, Eduardo A. Espeso², Inmaculada Larena¹

¹INIA, CSIC, Departamento de Protección Vegetal, Carretera de la Coruña, km 7, Madrid 28040, España,

²Centro Investigaciones Biológicas, CSIC, Departamento de Biología Molecular y Celular, Ramiro de Maeztu, 9, Madrid 28040, España

ilarena@inia.csic.es

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

La cepa 212 de *Penicillium rubens* 212 (PO212) (anteriormente *P. oxalicum*) es un efectivo agente de control biológico (ACB) frente a varias enfermedades en cultivos hortícolas, como la marchitez vascular del tomate causada por *Fusarium oxysporum* f.sp. *lycopersici* (FOL). El principal modo de acción de PO212 es la inducción de resistencia en las plantas huésped. Ciertas endoxilanasas secretadas son conocidas por ser activos elicitores de la inducción de resistencia en el huésped. El objetivo de este trabajo fue identificar los potenciales genes que codifican para las xilanasas (*xlnE*, *xlnA*, *xyIP*) y β -xilosidasa (*xlnD*) y sus reguladores (*xlnR* y *xyIR*) en PO212, y evaluar los niveles de expresión de esas xilanasas en comparación con sus homólogos en la cepa S27 de *P. rubens*, carente de actividad de biocontrol.

El efecto de fuentes de carbono (xilano y raíces de tomate) sobre la expresión de los genes de las xilanasas y β -xilosidasas seleccionadas se estudió a lo largo del tiempo, observándose que esos genes se expresaron en ambas cepas, aunque de manera muy diferente. Por ello, se estudió la regulación transcripcional y funcionalidad del factor transcripcional XlnR, generándose dos cepas nulas de PO212 para el gen *xlnR*. La relación del gen *xlnR* en la eficacia de PO212 como ACB fue evaluada midiendo la capacidad de estas enzimas como efectivos elicitores de los sistemas de defensa de las plantas de tomate contra FOL, en la que se observó una posible implicación de este gen en la eficacia de PO212 como ACB.

La investigación fue financiada por los proyectos RTA2013-00060-C05-01 y RTA2017-00019-C03-01 del MCIU, España, y AEI co-financiado con fondos FEDER de la UE. E. Reguena y M. Carreras recibieron una beca predoctoral del MCIU y del INIA, CSIC, respectivamente.



La producción de gránulos de polihidroxialcanoatos por *Pseudomonas chlororaphis* PCL1606 tiene un papel durante la interacción con la rizosfera del aguacate

Sandra Tienda^{1,2}, Isabel P.Rojí^{1,2}, Jose A. Gutierrez-Barranquero^{1,2}, Eva Arrebola^{1,2}, Antonio de Vicente^{1,2}, Francisco M. Cazorla^{1,2}.

¹ Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias, Universidad de Málaga, Málaga, España

² Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea "La Mayora", IHSM-UMA-CSIC, Málaga, España

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Pseudomonas chlororaphis PCL1606 (PcPCL1606) es una bacteria antagonista y de control biológico frente a diferentes hongos fitopatógenos de suelo, incluido *Rosellinia necatrix*, agente causal de la podredumbre blanca radicular en cultivos de aguacate en el área mediterránea. El antagonismo está mediado por la producción del compuesto antifúngico 2 hexil, 5 propil resorcinol (HPR). Además, se ha comprobado que la producción de HPR también influye en otros procesos, como la colonización de la raíz de aguacate y la formación de biopelícula. Para ello se realizó un estudio transcriptómico para dilucidar el papel de la producción de HPR en la expresión génica de PcPCL1606 en interacción con la rizosfera del aguacate. A partir de los resultados transcriptómicos, se observó la expresión diferencial de genes relacionados con la síntesis de gránulos de polihidroxialcanoatos (PHA). La construcción de un mutante dirigido en el gen *phaG*, reveló que la producción de gránulos PHA estaba implicada en el control biológico contra *R. necatrix* y en la tolerancia a distintos estreses que tienen lugar durante la interacción con la rizosfera de aguacate.

Este trabajo ha sido financiado por el Plan Nacional de I+D+I del Ministerio de Economía (AGL2017-83368-C2-1-R; MINECO, España) y cofinanciado por FEDER 18-FEDERJA-046.



Nuevos péptidos con actividad bactericida y antibiofilm contra *Xylella fastidiosa*

Luís Moll¹, Marta Planas², Lidia Feliu², Esther Badosa¹, Leonardo De La Fuente³, Emilio Montesinos¹, Anna Bonaterra¹

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

²LIPPSO, Departamento de Química, Universidad de Girona

³Department of Entomology and Plant Pathology, Auburn University

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Xylella fastidiosa es una bacteria Gram-negativa causante de enfermedades en distintas especies vegetales y que representa una amenaza para la agricultura a nivel mundial. La mayor parte de los cultivos afectados son de gran relevancia económica, como la vid (*Vitis vinifera*), olivo (*Olea europea*) y almendro (*Prunus dulcis*). *X. fastidiosa* invade el xilema del huésped, se multiplica y forma un biofilm taponándolo y causando la muerte del huésped. Debido a que actualmente los métodos disponibles para el control de este fitopatógeno *in planta* no son efectivos y que la Unión Europea está migrando hacia un modelo de agricultura más sostenible, es necesario obtener nuevos compuestos activos frente a *X. fastidiosa* y, a su vez, respetuosos con el medio ambiente.

Los péptidos pueden considerarse buenos candidatos para el control de *X. fastidiosa* debido a su gran diversidad con amplio espectro de actividad y en general su baja toxicidad. Además, se ha descrito su actividad bactericida o antibiofilm frente a otras bacterias fitopatógenas Gram-negativas.

En este trabajo, se han sintetizado tanto péptidos descritos previamente en la literatura activos frente a otros patógenos, así como otros diseñados *de novo*. Se ha determinado su actividad bactericida, antibiofilm y su efecto sobre la motilidad de *X. fastidiosa*. Paralelamente, se ha determinado su actividad hemolítica y su efecto al infiltrarlos en hojas de tabaco. Los resultados obtenidos han permitido identificar los péptidos **1036** y **RIJK2** que presentan elevada actividad bactericida y antibiofilm, y el péptido **BP100** que interfiere en la motilidad *in vitro* de *X. fastidiosa*.



Estudio y caracterización del agente causal de la “muerte regresiva de ramas de aguacate” en el sur de España

Lucía Guirado-Manzano^{1,2}, Emilio Guirado², David Sarmiento³, Antonio de Vicente^{1,2}, Francisco M. Cazorla^{1,2}, Eva Arrebola^{1,2}.

1. Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias, Universidad de Málaga, Málaga, España. 2. Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea “La Mayora”, IHSM-UMA-CSIC, Málaga, España. 3. Departamento Técnico de TROPS-SAT 2803, El Trapiche, Málaga, España.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

El cultivo del aguacate es el cultivo subtropical más representativo de la comarca de la Axarquía, situada en la provincia de Málaga, en la costa sur de España. Entre los principales problemas que limitan su producción, se encuentran las enfermedades por organismos fitopatógenos. Recientemente se ha observado el aumento de síntomas en la parte aérea de las plantas de aguacate que podrían estar asociadas a enfermedades fúngicas. Estos síntomas consisten en la presencia de tejido seco y necrosado en los extremos de las ramas y de las panículas florales, los cuales son compatibles con la enfermedad conocida como “muerte regresiva de rama”. El análisis y aislamiento de los agentes etiológicos, reveló que las especies que con más frecuencia se asocian a daños en el aguacate pertenecen a los géneros *Neofusicoccum*, *Botryosphaeria*, *Diplodia*, *Dothiorella*, *Lasiodiplodia* y *Barriopsis*. El análisis de muestras procedentes de material vegetal enfermo, han mostrado al género *Neofusicoccum* como el aislado más frecuente y que reproduce los síntomas de la enfermedad tras realizar inoculaciones experimentales. El análisis filogenético ha permitido determinar la diversidad de hongos asociados a la enfermedad. Actualmente se está estudiando la respuesta de la muerte regresiva del aguacate frente a distintos tratamientos disponibles en el mercado, para tratar de reducir los síntomas. Las medidas a aplicar para el control de estos patógenos tienen carácter preventivo, ya que los tratamientos parecen ser ineficaces frente a lesiones ya establecidas.

Este trabajo ha sido financiado por 806/60.5345 suscrito entre la Universidad de Málaga, Grupo de Microbiología y Patología Vegetal, adscrito al Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea “La Mayora” (IHSM).



Péptidos conjugados bifuncionales con actividad antibacteriana y con capacidad estimuladora de las defensas de las plantas

Pau Caravaca-Fuentes^{1,2}, Gerard Riesco-Llach², Luís Moll¹, Àngel Oliveras², Marta Planas², Lidia Feliu², Esther Badosa¹, Emilio Montesinos¹, Anna Bonaterra¹

Filiación: ¹Laboratorio de Patología Vegetal, Instituto de Tecnología Agroalimentaria-CIDSAV-XaRTA, Universidad de Girona

²LIPPSO, Departamento de Química, Universidad de Girona

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

La combinación de dos péptidos en una misma secuencia se ha descrito como una estrategia versátil para obtener péptidos conjugados con mayor actividad y menor toxicidad que los péptidos individuales. En este ámbito, han despertado especial interés los péptidos conjugados que incorporan dos secuencias con actividades biológicas diferentes. Concretamente, este trabajo se ha centrado en la obtención de péptidos conjugados bifuncionales por unión de un péptido con actividad antibacteriana con otro con capacidad de estimular las defensas de las plantas. Estos péptidos bifuncionales pueden considerarse candidatos útiles como agentes para el control de enfermedades de plantas causadas por bacterias.

Con este objetivo, en este trabajo se han sintetizado 30 péptidos conjugados incorporando un péptido antimicrobiano (**BP16**, **BP100**, **BP143**, **KSL-W**, **BP387** o **BP475**) al extremo N- o C-terminal de un péptido elicitor de las defensas de las plantas (**flg15**, **BP13**, **Pep13** o **PIP1**). Se ha ensayado la actividad de estos péptidos conjugados frente a seis bacterias fitopatógenas así como su hemólisis y fitotoxicidad. Los péptidos más activos han mostrado una CMI entre 0,8 y 12,5 mM, y han resultado ser poco hemolíticos y fitotóxicos. Además, los péptidos conjugados que incorporan **flg15** han presentado una capacidad elicitora de las defensas de plantas de tomate similar a **flg15**. Los mejores candidatos se han ensayado en planta y es de destacar que el péptido conjugado **flg15-BP475** ha mostrado una eficacia comparable a la de oxicloruro de cobre en el control de la mancha bacteriana del tomate.



Metabolitos de origen microbiano con actividad bactericida frente a *Xylella fastidiosa*

Núria Daranas, Luís Moll, Gemma Roselló, Jesús Francés, Esther Badosa, Emilio Montesinos, Anna Bonaterra

Laboratorio de Patología Vegetal, Instituto de Tecnología Agroalimentaria-CIDSAV-XaRTA, Universidad de Girona

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Algunos metabolitos de origen microbiano como los péptidos y pseudopéptidos son de interés para el desarrollo de 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*, *Pseudomonas* y *Pantoea* producen una amplia diversidad de compuestos antibacterianos de naturaleza peptídica, como los lipopéptidos 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 estudio, se seleccionaron un total de 28 cepas con elevada actividad antimicrobiana y que presentan marcadores moleculares de genes relacionados con la síntesis de compuestos antimicrobianos. Se obtuvieron sobrenadantes libres de células (CFS) a partir de los cultivos de las cepas en medios optimizados y se determinó su actividad bactericida frente a *X. fastidiosa*. Se realizó una prueba de contacto de cada CFS con el patógeno acoplada a una qPCR de viables [2]. Un total de 6 CFS, obtenidos de 2 cepas de *Bacillus* y 4 de *Pseudomonas*, mostraron actividad bactericida frente a *X. fastidiosa*. Actualmente se está realizando la extracción, fraccionamiento, purificación y caracterización de las fracciones activas de los CFS con el objetivo de identificar los metabolitos responsables de la actividad bactericida.

1. Montesinos, E. 2007. Antimicrobial peptides and plant disease control. FEMS Microbiol. Lett. 270:1-11.

2. Baró, A. et al. 2020. Screening and identification of BP100 peptide conjugates active against *Xylella fastidiosa* using a viability-qPCR method. BMC Microbiol. 20:229.



Control biológico de *Cryphonectria parasitica* en castaño con aislados hipovirulentos: el aislado portador del hipovirus influye en la eficacia

María Blanca García-García¹, Paula Serrano-Pérez², Mikel Cebadero², Efrén Martín³ y M^a del Carmen Rodríguez-Molina²

¹ Área de Protección Vegetal. 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)

² Área de Protección Vegetal. Centro de Agricultura Ecológica y de Montaña (CAEM). Centro de Investigaciones Científicas y Tecnológicas de Extremadura (CICYTEX). Avda. de España 43, 10600 Plasencia (Cáceres)

³ Asociación de Productores de Castaña de Villuercas. Avda. Virgen de Guadalupe, nº 63. 10364 Navezuelas (Cáceres)

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

El chancro del castaño causada por *Cryphonectria parasitica* es un problema fitosanitario grave en la comarca de Villuercas-Ibores-Jara (Extremadura). El método más eficaz de control de la enfermedad es el tratamiento con aislados hipovirulentos que, mediante la transmisión del hipovirus CHV-1, atenúan la virulencia del patógeno. Con el objetivo de desarrollar este método de control en Villuercas, se confirmó la presencia del hipovirus en aislados de la zona y posteriormente, se evaluó la efectividad de varios aislados en la transferencia de la hipovirulencia.

La presencia del hipovirus CHV1 se confirmó mediante la extracción de dsRNA, síntesis de cDNA y amplificación por PCR con los primers específicos para las regiones ORF A y ORF B.

En los ensayos de transferencia del hipovirus se emplearon como donantes aislados de *C. parasitica* transformados previamente en hipovirulentos en laboratorio y como receptores, aislados virulentos de la zona. Todos los aislados empleados en los ensayos pertenecían al Grupo de Compatibilidad Vegetativa EU-11, el predominante en Villuercas.

Se realizaron ensayos de transferencia: (i) en placa, determinando los porcentajes de transferencia; (ii) sobre fragmentos de ramas de *Castanea sativa* y del híbrido 90044, y (iii) en plantas de una savia de *C. sativa*, en las que se midió la longitud de los chancros. En todos los ensayos, la eficacia de la transferencia variaba según los aislados donantes, a pesar de ser todos portadores del mismo hipovirus. Los resultados confirman que el aislado portador del hipovirus puede influir en la efectividad del control biológico de *C. parasitica*.



Diversidad de *Cryphonectria parasitica* en castaños del Valle del Jerte y de La Vera (Cáceres)

María del Carmen Rodríguez-Molina¹, Paula Serrano-Pérez¹, M^a Blanca García-García², Ángel Valderas³, Ana Carrón⁴ y Elena Morales¹

¹Área de Protección Vegetal. Centro de Agricultura Ecológica y de Montaña (CAEM). Centro de Investigaciones Científicas y Tecnológicas de Extremadura (CICYTEX). Avda. de España 43, 10600 Plasencia (Cáceres)

²Área de Protección Vegetal. 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)

³Agrupación de Cooperativas del Valle del Jerte. Ctra. Nacional 110, Km 381. 10613 Navaconcejo (Cáceres)

⁴Cooperativa del Campo de Navaconcejo. C/Vega Molino 2, 10613 Navaconcejo (Cáceres)

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

El cultivo del castaño se encuentra en expansión en el Valle del Jerte y en la comarca de La Vera (Cáceres). La enfermedad del chancro del castaño causada por *Cryphonectria parasitica*, aunque no está ampliamente extendida en esta zona, presenta un riesgo alto asociado a su gravedad. Actualmente, el único método posible de control es el control biológico con cepas hipovirulentas, pero la eficacia del tratamiento depende en parte de la diversidad de los Grupos de Compatibilidad Vegetativa (GCV) y la proporción de los tipos de apareamiento (MAT) presentes en la población.

Para caracterizar las poblaciones de *C. parasitica* de los castaños del Valle del Jerte y de La Vera, en 2020-2021 se prospectaron 20 parcelas y se obtuvieron 43 aislados de *C. parasitica*. La determinación de los GCV se basó en la respuesta barrera/fusión en confrontaciones con 7 aislados de la Colección Europea de Referencia. Los tipos de apareamiento se determinaron en 18 de los aislados mediante una amplificación por PCR empleando los primers M1-GS1 y M1-GS2-rev para MAT-1 y M2-GS2 y InvA5n para MAT-2.

El GCV mayoritario fue EU-1 (49% de los aislados), seguido por EU-12 (21%) y en menor proporción EU-11 (14%). Parte de los aislados (16%) no correspondió a ninguno de los GCV de referencia empleados. Se encontraron los dos tipos de apareamiento, MAT 1 y MAT 2, en una relación 3:1, poco favorable para la reproducción sexual. La presencia de varios GCV es un factor desfavorable para el control biológico del chancro con aislados hipovirulentos.



La biosíntesis de aminoácidos azufrados en los oídios depende de una enzima fúngica no canónica y de dos genes de la planta

Laura Ruiz-Jiménez, Álvaro Polonio, Dolores Fernández-Ortuño y Alejandro Pérez-García.

Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias, Universidad de Málaga e Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea “La Mayora”-Universidad de Málaga-Consejo Superior de Investigaciones Científicas (IHSM-UMA-CSIC), 29071, Málaga. E-mail: laura110493@uma.es

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Podosphaera xanthii es el principal agente causal del oídio de las cucurbitáceas. En este estudio se pretende proporcionar nuevas perspectivas sobre la biotrofia de *P. xanthii* que puedan ser de utilidad para el desarrollo de nuevas herramientas de fitoprotección. Para ello, hemos centrando nuestra atención en el metabolismo del azufre. Hasta la fecha, en los genomas de oídios disponibles no se han encontrado los genes de las enzimas involucradas en los pasos iniciales de la ruta de asimilación de azufre y de biosíntesis de aminoácidos azufrados. Sin embargo, el estudio de un conjunto de proteínas conservadas no anotadas deducidas del transcriptoma de *P. xanthii*, permitió identificar una de las enzimas involucradas en la asimilación de azufre inorgánico. Por otro lado, los resultados obtenidos a partir de un análisis RNA-seq de los primeros estadios de la infección en melón, mostraron un gran número de genes de la planta desregulados, entre los que se encontraban dos de los genes del metabolismo del azufre no identificados en oídios. Sobre esta base, los resultados de ensayos de silenciamiento génico y de complementación química, nos llevaron a concluir que la biosíntesis de aminoácidos azufrados en los oídios podría depender de una enzima fúngica no canónica y de dos genes de la planta.

Este trabajo ha sido financiado por ayudas de la Agencia Estatal de Investigación (AEI) (AGL2016-76216-C2-1-R; PID2019-107464RB-C21), cofinanciada con fondos FEDER (EU). Laura Ruiz Jiménez es beneficiaria de un contrato predoctoral (BES-2017-080414) para la formación de doctores del Ministerio de Ciencia e Innovación.



Factores que afectan en la eficacia del control biológico de la fusariosis vascular del espárrago causada por *Fusarium oxysporum* f. sp. *asparagi* mediante el empleo de *Trichoderma* spp.

Alexandri Brizuela¹, Silvia Sánchez Hernández¹, Daniel Palmero^{1*}

¹Laboratorio de Protección Vegetal, Escuela Técnica Superior de Ingeniería Agronómica, Alimentaria y de Biosistemas, Universidad Politécnica de Madrid, Avda. Puerta de Hierro 4, 28040, Madrid.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

El espárrago (*Asparagus officinalis* L.) es uno de los cultivos hortícolas extensivos de mayor distribución en la Unión Europea. Con más de 14.688 ha dedicadas al cultivo y una producción de 68.403 t, España es el quinto productor mundial y el segundo de Europa tras Alemania, ambos entre los cinco mayores productores mundiales. Sin embargo, el cultivo ha experimentado una disminución sustancial del rendimiento en las últimas campañas debido a enfermedades fúngicas de difícil control. El presente trabajo pretende conocer los principales factores que afectan a la eficacia en el establecimiento de Agentes de Control Biológico (ACB), en el control de la fusariosis vascular mediante el estudio *in vitro* del efecto de la temperatura, la actividad de agua y sus interacciones, sobre las diferentes especies de *Trichoderma* (*T. atroviride*, *T. longibrachiatum*, *T. harzianum* y *T. asperellum*). Analizando posteriormente la eficacia en función de la cantidad de inóculo presente en semillero (mediante el empleo de sustratos inoculados a dos temperaturas diferentes con seis concentraciones de inóculo crecientes). Y finalmente, en condiciones de semicampo, se evaluaron diferentes dosis de preparados comerciales del hongo antagonista, determinando de esta manera los factores que pueden afectar a la eficacia de su aplicación en campo.



Microbiota y nematofauna asociada a las raíces de especies de *Prunus* infectadas por especies de nematodos noduladores de raíz (*Meloidogyne* spp.) en España

Ilenia Clavero-Camacho¹, Carolina Cantalapiedra-Navarrete¹, Pablo Castillo¹, Juan Emilio Palomares-Rius¹.

¹Instituto de Agricultura Sostenible (IAS), Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), Avenida Menéndez Pidal s/n, 14004 Córdoba, Campus de Excelencia Internacional Agroalimentario, ceiA3, España.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Los nematodos noduladores de la raíz (*Meloidogyne* spp.) constituyen el grupo de nematodos más importantes que afectan a los cultivos frutales. Las poblaciones de estos nematodos pueden modificar la microbiota del suelo asociada a las raíces de especies de *Prunus* mediante la alteración de la fisiología de la planta y sus exudados radicales. Este estudio se ha centrado en parcelas infestadas con especies de *Meloidogyne* en cultivos de *Prunus* en el valle del Guadalquivir en parcelas con diferentes niveles de infección (nº de huevos/g de raíz) y en varios puntos de muestreo por parcela. Se ha estudiado la microbiota (bacterias y hongos) asociada al rizoplano (suelo en contacto directo con las raíces) y la del suelo mediante metabarcoding de los marcadores moleculares 16S rRNA (bacterias) e ITS (hongos) y secuenciación mediante técnicas de secuenciación masiva (Illumina). También se estudió la nematofauna de estos puntos de muestreo para conocer cómo influyen los niveles poblacionales de nematodos depredadores en la densidad de juveniles de *Meloidogyne*. La nematofauna también nos puede indicar las funciones del suelo que pueden estar ocurriendo en la rizosfera al ser estos organismos marcadores biológicos de diversas actividades funcionales y de calidad del suelo. Este estudio puede ser importante para relacionar los diferentes agentes de biocontrol aislados de estos mismos puntos de muestreo en huevos de *Meloidogyne* y ver las posibilidades de introducción y colonización por agentes de biocontrol en el rizoplano de la raíz de *Prunus* en condiciones de campo.



Efecto de extractos de subproductos agrícolas frente a *Penicillium digitatum* y *Penicillium italicum*

Ricardo Lima de Souza*, María Bernardita Pérez-Gago, Lluís Palou

Centro de Tecnología Poscosecha (CTP), Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias (IVIA), 46113 Moncada, Valencia

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Los subproductos agrícolas son ricos en una amplia gama de compuestos bioactivos, muchos con propiedades antifúngicas. Estos representan una alternativa no contaminante a los pesticidas químicos usados para controlar las enfermedades fúngicas de poscosecha. Se realizó una extracción asistida por ultrasonido para la obtención de extractos hidroalcohólicos de muestras liofilizadas de alperujo (ALP), piel de almendra (AMS) y hueso de aguacate (AVS). Se determinó el contenido total de fenoles y la capacidad antioxidante de los extractos, siendo AVS el extracto con mayor contenido de fenoles y menor capacidad antioxidante. Posteriormente, se prepararon placas de medio PDA con los extractos a diferentes concentraciones (2, 3 y 4% p/v) para evaluar su efecto *in vitro* frente a *Penicillium digitatum* (PD) y *Penicillium italicum* (PI). Las placas se inocularon en el centro con una suspensión de 10^5 esporas mL^{-1} de los hongos y se incubaron a 25 °C durante 11 días. Cada día de lectura, se midieron dos diámetros perpendiculares de la colonia fúngica y se determinó el porcentaje de inhibición respecto al control (placas con PDA solo). Ningún extracto redujo el crecimiento de PI de forma importante. El extracto AMS4% inhibió en un 87 y 64% el crecimiento de PD a los 6 y 11 días de incubación, respectivamente. Este estudio preliminar *in vitro* sugiere que algunos extractos de subproductos podrían tener potencial como agentes antifúngicos para el manejo integrado de enfermedades de poscosecha de los frutos cítricos.

Key-words: compuestos bioactivos, poscosecha, extracción asistida por ultrasonido, cítricos,



Nuevos aspectos sobre el modo de acción de la proteína antifúngica PdAfpB revelados por el perfil transcriptómico de *Penicillium digitatum*

Moisés Giner-Llorca, Begoña Bolós, Carolina Roperó, Antonella Locascio, Sandra Garrigues, Mónica Gandía, Paloma Manzanares y Jose F. Marcos*.

Departamento de Biotecnología de Alimentos, Instituto de Agroquímica y Tecnología de Alimentos (IATA), Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), Calle Catedrático Agustín Escardino 7, 46980 Paterna, Valencia, España.

*Email del autor de correspondencia: jmarcos@iata.csic.es

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Las proteínas antifúngicas (AFPs) de hongos filamentosos son una alternativa a los fungicidas químicos, pero su aplicación requiere el conocimiento detallado de su modo de acción antifúngico y su función biológica en el hongo productor. La proteína PdAfpB es la única AFP codificada en el genoma de *Penicillium digitatum*, uno de los principales patógenos postcosecha de frutos cítricos. Previamente, obtuvimos la cepa deletante del gen *afpB* y una cepa sobreproductora de PdAfpB. La caracterización de PdAfpB reveló que es una AFP muy activa frente a distintos fitopatógenos, incluyendo el hongo del cual procede.

En este trabajo hemos comparado el transcriptoma de la cepa parental de *P. digitatum* sometida a distintos tratamientos con PdAfpB con el de la cepa $\Delta afpB$ y el de la cepa sobreproductora. Se observó un patrón significativo de expresión diferencial en genes relacionados con la bifurcación entre la ruta de biosíntesis de acetoina y la de los aminoácidos ramificados. Se generaron mutantes en los genes de acetolactato (AL) sintasa y AL descarboxilasa en la ruta de acetoina, los cuales no presentaron diferencias fenotípicas, pero sí una mayor tolerancia a PdAfpB. Además, el gen PDIG_81760 destacó por ser el más inducido en todo el transcriptoma. Este gen codifica una proteína secretada con una estructura de repeticiones en tándem que no había sido caracterizada previamente y que parece contribuir a la actividad antifúngica de PdAfpB. Este estudio ofrece información de utilidad para la caracterización del modo de acción de las proteínas antifúngicas y su futura aplicación.



Aplicación de un sistema CRISPR/Cas9 reciclable para la edición genómica dirigida en los hongos patógenos postcosecha *Penicillium digitatum* y *Penicillium expansum*

Sandra Garrigues*, Paloma Manzanares y Jose F. Marcos

Departamento de Biotecnología de Alimentos, Instituto de Agroquímica y Tecnología de Alimentos (IATA), Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), Paterna, Valencia, España.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Penicillium digitatum y *Penicillium expansum* son hongos fitopatógenos causantes de la podredumbre verde y azul, respectivamente, provocando graves pérdidas económicas postcosecha a nivel mundial. *Penicillium expansum*, además, puede producir micotoxinas, que representan un grave riesgo para la salud. El desarrollo de herramientas que permitan la manipulación genética de estas especies es crucial para la caracterización funcional de sus genes. En este sentido, CRISPR/Cas9 representa una excelente oportunidad para la edición del genoma por su eficiencia, precisión y versatilidad. En este estudio desarrollamos protocolos de generación y transformación de protoplastos y los aplicamos para implementar la tecnología CRISPR/Cas9 en ambas especies por primera vez. Para ello, utilizamos un plásmido AMA1 reciclable que permite un número ilimitado de modificaciones genómicas sin la limitación de los marcadores de selección integrativos. Como prueba de concepto modificamos en ambas especies el gen *wetA*, que codifica un regulador del desarrollo de conidióforos. Los mutantes mostraron fenotipo albino, crecimiento axénico reducido, patogenicidad diferencial y conidiogénesis y germinación alteradas. Además, los mutantes $\Delta wetA$ de *P. digitatum* y *P. expansum* mostraron una sensibilidad diferencial a las proteínas antifúngicas (AFPs), que son proteínas pequeñas, catiónicas y ricas en cisteína que se han convertido en antifúngicos interesantes en agricultura, medicina y en la industria alimentaria. Con este trabajo ampliamos el repertorio de herramientas de modificación genética disponibles para estos dos importantes patógenos postcosecha y abrimos la posibilidad de adaptarlo a otros hongos fitopatógenos para los que frecuentemente no existen herramientas de modificación genómica o son muy limitadas.



Tratamientos biológicos y con urea aplicados a las hojas caídas en otoño reducen el inóculo primario de la mancha ocre del almendro causada por *Polystigma amygdalinum*

Ana López-Moral¹, Carlos Agustí-Brisach¹, María Dolores Ruiz-Prados¹, María Lovera², Francisca Luque¹, Octavio Arquero², Antonio Trapero¹

¹Departamento de Agronomía, Unidad de Excelencia María de Maeztu 2020-23, ETSIAM, Universidad de Córdoba, Campus de Rabanales, Edif. C4, 14071 Córdoba

²Departamento de Fruticultura Mediterránea, IFAPA, Alameda del obispo s/n, 14004 Córdoba

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

La mancha ocre, causada por *Polystigma amygdalinum*, está considerada la enfermedad foliar más prevalente del almendro en España. Al tratarse de una enfermedad monocíclica, su control debe enfocarse en reducir la única fuente de inóculo, las hojas caídas al suelo, infectadas en la estación anterior. En este estudio se evalúa el efecto de dos microorganismos y urea cristalina en la reducción del inóculo del patógeno mediante su aplicación en hojas caídas en campo. Para ello, en otoño se cogieron hojas de almendro cv. Guara, se introdujeron en mallas de nylon, y se trataron por inmersión o pulverización con suspensiones de conidios de *Myrothecium inundatum* o de la cepa no patógena *Fusarium oxysporum* FO12. Las mallas se dispusieron sobre la superficie del suelo o enterradas en un campo experimental de almendros durante 6 meses, y en dos años experimentales. Mallas tratadas con urea o con agua se incluyeron como controles. Para cada combinación experimental se monitorizó el inóculo primario (número de ascosporas/g de hoja) en las hojas caídas. *Myrothecium inundatum* redujo significativamente el inóculo primario en comparación con el control tratado con agua, mostrando un efecto similar al observado para la urea. El tipo de aplicación, inmersión o pulverización, no mostró ningún efecto significativo; mientras que la reducción de inóculo fue significativamente mayor en las hojas enterradas que en las dispuestas en superficie para todos los tratamientos. Este estudio supone un primer avance en estrategias de control de la mancha ocre basadas en la reducción del inóculo primario de *P. amygdalinum*.



Tratamientos biológicos como inductores de resistencia frente a la verticilosis del olivo

Ana López-Moral¹, Eugenio Llorens², Loredana Scalschi², Pilar García-Agustín², Antonio Trape-ro¹, Carlos Agustí-Brisach¹

¹Grupo Patología Agroforestal AGR-216, Departamento de Agronomía, Unidad de Excelencia María de Maeztu 2020-23, ETSIAM, Universidad de Córdoba, Campus de Rabanales, Edif. C4, 14071 Córdoba

²Grupo de Bioquímica y Biotecnología, Departamento de Ciencias Agrarias y del Medio Natural, Universitat Jaume I de Castellón, Avenida de Vicent Sos Baynat, s/n, 12071 Castellón de la Plana

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

La inducción de resistencia (IR) mediante agentes de biocontrol es una alternativa potencial frente a la Verticilosis del olivo (*Olea europaea*), causada por *Verticillium dahliae*. En este trabajo, se seleccionaron dos microorganismos (*Bacillus amyloliquefaciens* PAB-024 y *Aureobasidium pullulans* AP08), y un fosfito de cobre (PhCu) por su alta eficacia frente a la enfermedad en estudios previos. Su efecto como inductores de resistencia se evaluó en plantones de olivo 'Picual', tratados mediante aplicaciones foliares o por riego, a las siguientes dosis: PhCu: 3 o 10 ml/l⁻¹, respectivamente; PAB-024: 10⁸ UFC ml⁻¹; AP08: 10⁶ conidios ml⁻¹. Las aplicaciones se realizaron semanalmente desde dos semanas antes de la inoculación hasta 10 días tras la inoculación. Las plantas se inocularon mediante una mezcla harina de maíz-agua-arena (1:2:9; p:p:v) colonizada por *V. dahliae*, evaluando el progreso de la severidad de la enfermedad. A su vez, en muestras de hojas, tallos y raíces se determinaron y cuantificaron las especies reactivas de oxígeno (ROS; H₂O₂), así como hormonas relacionadas con IR mediante análisis de expresión génica. *A. pullulans* y PhCu fueron los más efectivos en la reducción de la enfermedad por aplicación foliar o riego, respectivamente. No se observó ningún efecto sobre la respuesta de ROS, mientras que se observó una sobreexpresión significativa del gen WRKY, relacionado con el ácido salicílico, para *B. amyloliquefaciens*. Por su parte, se observó una acumulación significativa de ácido jasmónico en todos los tejidos de plantas tratadas con *A. pullulans*, así como en raíces de plantas tratadas con *B. amyloliquefaciens* y PhCu.



Puesta a punto de un nuevo método para la clasificación de la resistencia varietal en olivo frente a *Verticillium dahliae*

Begoña I. Antón-Domínguez*, Carlos Agustí-Brisach, Carlos Trapero

Departamento de Agronomía, Unidad de Excelencia María de Maeztu 2020-23, Universidad de Córdoba (UCO), Campus de Rabanales, Edif. C4, 14071 Córdoba, España.

*Autor de correspondencia: z72andob@uco.es

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

La Verticilosis del olivo (VO), causada por el hongo *Verticillium dahliae*, es la enfermedad más grave del olivar, y su control representa uno de los retos más importantes de la olivicultura actual. Una de las medidas más eficaces empleadas en la actualidad para el control de esta enfermedad es el uso de variedades resistentes. Hasta la fecha, los métodos de evaluación de resistencia de variedades a la VO realizadas en condiciones controladas no se corresponden completamente a los niveles de resistencia observados en campo. Por ello, en este trabajo se ha puesto a punto un método de caracterización de susceptibilidad a la VO en condiciones controladas mediante la evaluación de los síntomas de la enfermedad en plantas de olivo de 4 meses de edad transferidas a distintas dosis de inóculo de *V. dahliae* cultivado sobre sustrato artificial "AMA" (mezcla de arena, harina de maíz y agua). Este método ha permitido clasificar el nivel de resistencia de las variedades Picual, Hojiblanca, Arbequina, Koroneiki y Frantoio de forma similar a lo observado en campo. Existieron diferencias significativas en el área bajo la curva del progreso de la enfermedad (ABCPER) entre las variedades, clasificando 5 niveles de resistencia: Muy Susceptible, Susceptible, Moderada, Resistente y Muy Resistente, respectivamente. La puesta a punto de esta nueva metodología supone un avance en la clasificación de la resistencia genética del olivo frente a la VO permitiendo diferenciar niveles cercanos de resistencia o susceptibilidad similares a lo observado en campo.



Bacterias antagonistas de *Erwinia amylovora* aisladas de microbiota asociada a plantas: cribado y caracterización

S. Barbé ¹, À. Figàs-Segura ², M. Benada ^{1,3}, I. Navarro-Herrero ¹, M. Orero ², T. M. Sampaio ¹, E. G. Biosca ², E. Marco-Noales ¹

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

² Departamento de Microbiología y Ecología. Facultad de Ciencias Biológicas. Universitat de València, Burjassot (Valencia).

³ Faculty of Natural Sciences, Earth and the Universe. 8 Mai 1945 University of Guelma, Guelma, Algeria.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

El control de las enfermedades bacterianas, como el fuego bacteriano de las rosáceas causado por *Erwinia amylovora*, requiere la búsqueda de estrategias de gestión eficaces y eco-sostenibles, como la utilización de agentes de biocontrol.

En este trabajo presentamos un cribado de aislados bacterianos, recuperados de diversos nichos asociados a las plantas y orígenes geográficos, como una primera etapa de un programa de búsqueda y selección de agentes de biocontrol de *E. amylovora*. Se obtuvo una colección de aislados, con los que se evaluó su antagonismo *in vitro* frente a *E. amylovora* y su capacidad de reducir la incidencia y severidad del fuego bacteriano *ex vivo*, tanto en frutos inmaduros como en brotes, así como el retraso en la aparición de los mismos. Según estos resultados, se seleccionaron diez aislados, que se caracterizaron fenotípicamente.

Los aislados seleccionados presentaron mayores tasas de crecimiento que *E. amylovora*, ninguno produjo hipersensibilidad en plantas de tabaco, la mayoría sintetizaron varios enzimas hidrolíticos y presentaron otras actividades relacionadas con el biocontrol o la promoción del crecimiento vegetal. Se evaluó también el antagonismo de estos aislados frente a otras bacterias fitopatógenas y mostraron diferentes espectros de actividad. Finalmente se identificaron como: *Pseudomonas rhizosphaerae*, *Curtobacterium flaccumfaciens*, *Enterobacter cancerogenus*, *Pseudomonas azotoformans*, *Rosenbergiella epipactidis* y *Serratia plymuthica*, siendo la primera vez que se describe el potencial de biocontrol frente a *E. amylovora* en cinco de estas especies.

Proyectos RTA2015-00087-C02-01 y 02, cofinanciados por MCIN/AEI/10.13039/501100011033, INIA, “ERDF A way of making Europe”, y 52202D –Sostenible– financiado por IVIA (GVA).



Action against *Botrytis*: does *Sporormiella isomera* become an ally of tomato plants?

Samuel Rodríguez Sabina*, Andreea Cosoveanu, Guacimara Espinel, Jorge Sopena Lasala, Raimundo Cabrera

Departament of Botany, Ecology and Plant Physiology, Universidad de La Laguna, 38206, San Cristóbal de La Laguna, Tenerife, Spain

*Correspondence: samuelrguezsabina@gmail.com

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Sporormiella isomera was isolated as fungal endophyte from *Artemisia thuscula*. Our previous research on this strain provided several antifungal metabolites. Here, fungal ethyl acetate crude extracts activity was tested against *Botrytis cinerea*.

The endophyte was cultured on five different nutrient media. In dilution agar assays all extracts inhibited pathogen growth with values of %I=85-93% at 0.1 mg ml⁻¹. Seeds contamination assessments with *B. cinerea* (spores solution 1x10⁶ ml⁻¹) were estimated on 10 days-old tomato seedlings in the presence of an active extract (10 mg ml⁻¹). Two methods of contamination and treatment were performed: bath and spraying, and two moments of application of the extract: before and after contamination — 1) contaminated seeds by bath followed by treatment by spraying and 2) pre-treated seeds by bath followed by contamination by spraying. The index of necrosis (IN) was calculated based on the disease symptoms of seedlings: 0 – healthy, 1 – 1/3 damaged radicle, 2 – 2/3 damaged radicle, 3 – completely damaged radicle, 4 – fully covered with mycelium/spores. Data was analysed using post-hoc Dunn's test with Benjamini-Hochberg correction for pairwise multiple comparison procedure.

The extract is innocuous and induces protection against *B. cinerea* disease at both moments and with both application methods (p<0.05). Pre-treated seeds show 2.6x less symptoms than the group with pathogen only (p<0.05). When extract is previously applied by bath, the protection increased 2.5x than when pulverized after seeds contamination (p<0.05). Further assays will test if the methods can be scaled-up and results reproduced to greenhouse conditions.



El potencial de la tecnología del ARNi en el control de *Botrytis cinerea* en cultivos hortícolas

Alba López-Laguna^{1,2}, Alejandra Vielba-Fernández^{1,2}, Alejandro Pérez-García^{1,2}, Dolores Fernández-Ortuno^{1,2*}

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

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

*dfernandez-ortuno@uma.es

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Botrytis cinerea, agente causal de la enfermedad de la botritis o podredumbre gris, es uno de los principales factores que limitan la producción de cultivos hortícolas en todo el mundo, llegando a consumir hasta un 40% del total de fungicidas en su control. Sin embargo, este hongo ha sido catalogado por el FRAC (*Fungicide Resistance Action Committee*) como un fitopatógeno de alto riesgo de desarrollo de resistencia a fungicidas, hecho que ha sido demostrado en nuestro país. Si a esto le sumamos que la diversidad de fungicidas disponibles para los agricultores según la estrategia "de la granja a la mesa" del reciente Pacto Verde Europeo se reducirá en un 50% en 2030, es evidente que se necesitan herramientas de control alternativas. En este estudio se pretende comprobar la eficacia de estrategias emergentes como la tecnología del ARN interferente (ARNi) denominada "silenciamiento génico inducido por pulverización" (SIGS) para el control de la botritis. Para ello, se han diseñado diez ARNdc frente a diversos genes, tanto dianas de fungicidas como codificantes de proteínas implicadas en la virulencia/patogenicidad del hongo. Resultados preliminares obtenidos en ensayos *in vivo* indican que la aplicación de ARNdc reduce significativamente el desarrollo del hongo, demostrando el potencial de la técnica SIGS para el control de *B. cinerea*. Hoy, más que nunca, sería necesario disponer de nuevas moléculas con acción fungicida, como los fungicidas basados en ARNi, como estrategias de fitoprotección más sostenibles para su inclusión en las rotaciones de los diferentes programas de control de *B. cinerea*.

Fuente de financiación: AYUDAS A LA I+D+i, EN EL ÁMBITO DEL PLAN ANDALUZ DE INVESTIGACIÓN, DESARROLLO E INNOVACIÓN (PAIDI 2020). Código del proyecto: PY20_00048



Control de *Meloidogyne incognita* mediante tratamientos con ozono en cultivo de tomate bajo invernadero

Caridad Ros¹, Adriana Esteban¹, José Luis Lozano², Daniel Soler¹, M^a Ángeles Hernández¹

1 Departamento de Protección de Cultivos, 2 Finca Experimental de Torreblanca Instituto Murciano de Investigación Agrario y Medioambiental

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Meloidogyne incognita es un patógeno de suelo que afecta a numerosos cultivos hortícolas siendo limitante en cultivos protegidos de tomate en el sureste español. Para mantener la sanidad y la producción de este cultivo se requiere, la desinfección del suelo previa al transplante. El 1,3 dicloropropeno se ha venido usando, bajo restricciones de uso excepcional, para su control, sin embargo, actualmente su uso no está permitido. Como alternativa a este fumigante se evaluó en condiciones controladas y de campo tratamientos con ozono para el control del nematodo en un cultivo de tomate.

Dos tipos de inóculo, juveniles y masas de huevos, en dos tipos de suelo, fueron expuestos a atmósfera saturada de ozono durante 24, 48, 72, 96, 168, 216 horas. Prácticamente, el 100% de los J2 murieron tras 96 h de exposición al gas mientras que fueron necesarias 216 h para que la infectividad de los juveniles se viera afectada significativamente.

Por otro lado, en un invernadero experimental, se ensayaron los siguientes tratamientos: i) 1,3 dicloropropeno + fluopyram, ii) ozono gas + agua ozonizada 2 riegos, iii) ozono gas + agua ozonizada en todos los riegos, iv) testigo. Se midió la densidad poblacional, la incidencia del nematodo y la producción. La aplicación de ozono gas + agua ozonizada en todos los riegos redujo el índice de agallas y el porcentaje de plantas afectadas un 61,9 y 42,4 % respectivamente respecto del testigo.

Estos resultados muestran que tratamientos con ozono podría contribuir al control de este patógeno.

Palabras clave: nematodos, *Solanum lycopersicum*, desinfección de suelo, agua ozonizada

Agradecimientos: Este estudio ha sido financiado por el proyecto Life Agremsoil.



Hollejo de uva, como enmienda para biosolarización, y resistencia para el manejo de *Meloidogyne incognita* en cultivo de pimiento

Caridad Ros¹, M^a Ángeles Hernández¹, Victoriano Martínez¹, Carmen M^a Lacasa¹, Adriana Esteban¹, Ana Fita², Antonio Monserrat¹, Celia Martínez³

1 Departamento de Protección de Cultivos, Instituto Murciano de Investigación y Desarrollo Agrario y Medioambiental (IMIDA)

2 Instituto Universitario de Conservación y Mejora de la Agrodiversidad Valenciana, Universitat Politècnica de Valencia

3 Departamento de Biotecnología, Genómica y Mejora vegetal, Instituto Murciano de Investigación y Desarrollo Agrario y Medioambiental (IMIDA)

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

El cultivo de pimiento se ve comprometido por *Meloidogyne incognita* que afecta a numerosos invernaderos ubicados en la zona productora del Campo de Cartagena. La desinfección química del suelo con 1,3 dicloropropeno actualmente no está permitida y la biosolarización realizada en agosto acorta dos meses la producción del cultivo. Con el objetivo de buscar una desinfección compatible con el ciclo de cultivo y respetuosa con el medio ambiente se evalúa el efecto de la biosolarización, en octubre, con hollejo de uva y el injerto sobre una línea de pimiento del IMIDA resistente al nematodo.

En un invernadero experimental se ubicó un ensayo durante dos campañas consecutivas en el que se compararon los siguientes tratamientos: i) Biosolarización con hollejo de vino (BS HV) en octubre (oct) dosis 1, ii) BS HV oct + estiércol compostado de oveja, iii) BS HV oct dosis 2, iv) BS estiércol fresco de oveja (EFO) en agosto, v) testigo. Cada tratamiento albergó una fila de plantas susceptible y otra injertada sobre una línea resistente al nematodo.

La BS HV en octubre dosis 2 más la planta injertada controló al nematodo al mismo nivel que la BS EFO en agosto con planta susceptible o resistente y mostró una producción también similar en la primera campaña pero significativamente inferior en la segunda.

Los resultados muestran que la BS en octubre con HV a dosis 2 más resistencias podría controlar al nematodo pero, sería necesario el aporte de materia orgánica para mantener el nivel productivo en el segundo año

Agradecimientos: Este estudio ha sido financiado por el proyecto FEDER 1420-31. Los autores quieren expresar su agradecimiento al técnico de la finca experimental José Luis Lozano González.



Caracterización funcional del gen que codifica la proteína antifúngica PeAfpA de *Penicillium expansum*

Carolina Ropero-Pérez, Elena Moreno, Sandra Garrigues, Jose F. Marcos, Paloma Manzanares y Mónica Gandía.

Instituto de Agroquímica y Tecnología de Alimentos (IATA), Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), Departamento de Biotecnología de Alimentos, Agustín Escardino 7, Paterna, 46980 Valencia, España.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Las proteínas antifúngicas secretadas por hongos (AFPs) constituyen una alternativa prometedora como moléculas naturales para el control de hongos fitopatógenos en agroalimentación. El principal patógeno postcosecha de frutos de manzana, *Penicillium expansum*, codifica en su genoma tres AFPs (PeAfpA, PeAfpB y PeAfpC). Distintas cepas de *P. expansum* producen PeAfpA y PeAfpC de forma natural en cultivo líquido. Además, hemos conseguido producir biotecnológicamente de forma heteróloga las tres proteínas en *Penicillium chrysogenum*. Hemos demostrado que PeAfpA es la AFP con mayor actividad antifúngica *in vitro* frente a levaduras y hongos fitopatógenos, micotoxigénicos y dermatofitos, demostrando eficacia en el control experimental *in vivo* en distintos patosistemas, incluyendo podredumbres postcosecha de frutos.

En este trabajo se describe la caracterización funcional del gen que codifica la proteína PeAfpA mediante la generación de mutantes nulos en la cepa parental CMP-1 de *P. expansum*, utilizando el sistema FungalBraid (FB) y la transformación mediada por *Agrobacterium tumefaciens* (ATMT). Las cepas mutantes $\Delta afpA$ se caracterizaron fenotípica y patogénicamente y no se observó ninguna diferencia respecto a la cepa parental más allá de la ausencia de producción de PeAfpA, ni tampoco diferencias de producción de PeAfpB o PeAfpC. Finalmente, se han evaluado los cambios en el transcriptoma de dos cepas $\Delta afpA$ independientes y del parental a dos tiempos de cultivo, uno anterior y otro posterior al inicio de la detección de PeAfpA en la cepa parental. El análisis de los datos transcriptómicos nos permitirá profundizar en el papel biológico de PeAfpA y su función en el hongo productor.



Selección de inóculo de *Ustilago maydis* (Basidiomycotina: Ustilaginales) para la producción de “Huitlacoche” en variedades de maíz criollo tradicionales en Galicia

Lara Gómez-Brandón, Ana Couso-Viana, A., Cristina Cabaleiro

Escola Politécnica Superior de Enxeñaría, Campus Terra, Universidade de Santiago de Compostela, 27002 Lugo. Email: cristina.cabaleiro@usc.es

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

El “carbón” del maíz es un patógeno clave porque su crecimiento destruye la mazorca; pero las agallas son, además, un alimento conocido en México como “huitlacoche”, con demanda creciente en el mercado europeo. Desde 2019 estudiamos la viabilidad de una producción de huitlacoche en Galicia mediante la selección, cultivo y conservación de inóculo de *Ustilago maydis* y el estudio de zonas y condiciones ambientales adecuadas para la inoculación artificial. La evaluación del tipo (teliosporas o basidiosporas), dosis y combinación de inóculo procedente de tres localizaciones (Vilalba, Cospeito y Alfoz) se hizo mediante la inoculación en plántulas de 7 variedades tradicionales de maíz criollo. Las teliosporas solo indujeron síntomas leves en el 50% de las plántulas frente a las basidiosporas que lo hicieron en la mayoría, 15 días después de la inoculación y con síntomas diversos. La concentración con la que se obtuvieron agallas de mayor gravedad (38%) pero sin causar la muerte de plántulas fue de $2 \cdot 10^6$ basidiosporas mL^{-1} . La combinación de dos cepas (V1+C2) dio los resultados más consistentes. Todas las variedades fueron sensibles a la infección, con síntomas desde clorosis leve a antocianismo, agallas en tallo y hojas, hasta muerte de plántulas. Los mapas de fechas potenciales de siembra e inoculación del maíz en función de los grados-día de cada zona permiten estimar un periodo de recolección de huitlacoche de agosto a octubre siempre que se garantice una humedad elevada durante los días posteriores a la inoculación.



Control de roya del café (*Hemileia vastratix*) con aplicaciones foliares de dióxido de silicio

Henry Rivera¹, Cristina Cabaleiro².

¹Universidad Rafael Landívar, Guatemala

²Escola Politécnica Superior de Enxeñaría, Campus Terra, Universidade de Santiago de Compostela, Lugo.

Email: cristina.cabaleiro@usc.es

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Hemileia vastratix (Berkeley & Broome) es el hongo fitopatógeno clave en el cultivo de café en Guatemala; únicamente se ha logrado cierto control con aplicaciones de triazoles (epoxiconazol) ante los cuales ya ha generado resistencia. En la búsqueda de alternativas sostenibles para un mercado cada vez más exigente, el objetivo de esta investigación (2019-2021) fue estudiar si las aplicaciones vía foliar de dióxido de silicio (SiO_2) ejercen un efecto protector frente a *H. vastratix*. Los ensayos se hicieron en Santa Rosa (Guatemala) en cultivo tradicional sombreado de la variedad susceptible Catuaí, con 3500 plantas/ha. Se evaluaron dos concentraciones de SiO_2 (0,5 y 1 kg/ha) frente a 2 kg/ha de oxiclورو de cobre y un testigo, en parcelas elementales de 8 plantas con 4 repeticiones; en 2020 y 2021 se incluyó como estándar epoxiconazol a 300 mL/ha y a media dosis con SiO_2 0,5. Se aplicaron 3 tratamientos y se evaluó incidencia, severidad y defoliación. El SiO_2 ejerció siempre un efecto preventivo superior al cobre y menor o igual que el epoxiconazol dependiendo del año y el parámetro evaluado. Los tres años el SiO_2 0,5 protegió mejor que SiO_2 1. No hubo diferencias significativas en el peso de cosecha de café, pero sí se detectó mejora en calidad de taza (menor acidez). Todo ello hace del SiO_2 una sustancia prometedora a incluir dentro de los programas de gestión integrada y en agricultura ecológica con ventajas añadidas de bajo coste y prevención de la selección de razas de *H. vastratix* resistentes a fungicidas.



Evaluación de métodos de inoculación de hongos implicados en la “caña seca” de la caña de azúcar (*Saccharum spp*)

Hermenegildo Salomón García¹, Luis Molina¹, Cristina Cabaleiro²

¹ Centro Guatemalteco de Investigación y Capacitación de la Caña de Azúcar (CENGICAÑA), Escuintla, Guatemala.

² Escola Politécnica Superior de Enxeñaría, Campus Terra, Universidade de Santiago de Compostela, Lugo. Email: cristina.cabaleiro@usc.es

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

El Centro Guatemalteco de Investigación y Capacitación de la Caña de Azúcar (CENGICAÑA) tiene un programa de fitomejoramiento que tiene como propósito liberar variedades productivas resistentes a las principales enfermedades del cultivo. La infección natural ha sido el principal medio para evaluar la resistencia de las variedades a las enfermedades más importantes, entre ellas la “caña seca”. El objetivo de este trabajo es evaluar la respuesta a la inoculación simple o conjunta de *Fusarium sacchari* (E. Butler, Gams) y *Colletotrichum falcatum*, (Went), agentes causantes de la “caña seca” en variedades de caña de azúcar. En un primer ensayo se evaluó la infección de variedades ya caracterizadas en su nivel de resistencia a caña seca en condiciones naturales propicias. El segundo ensayo los dos hongos fueron inoculados al mismo grupo de variedades por el “método del tabique”. Tras 11 meses en campo se tomaron muestras para comprobar la presencia de los hongos inoculados en las zonas dañadas y se analizaron estadísticamente los datos que evalúan el daño en caña (% nudos afectados, avance) y en jugo (^oBrix, POL, pureza, azúcares reductores). Se comprobó que la combinación de ambos hongos incrementa el nivel daño en los tallos. A pesar de la alta variabilidad del inóculo en campo, esta metodología permitió identificar de forma más precisa el nivel de reacción de las variedades comparando con el método del tabique. Los métodos de inoculación en condiciones controladas ya en curso se hacen imprescindibles para limitar el número de variedades a evaluar en campo.



RUTSTROEMIA CALOPUS: BIOCONTROL DE BOTRYTIS CINEREA Y SCLEROTINIA SCLEROTIORUM EN CONDICIONES DE ESTRÉS SALINO.

Mila Santos, Fernando Diánez, Cristina Amate, María Alonso, Brenda Sánchez-Montesinos, Alejandro Moreno-Gavira.

Departamento de Agronomía, Escuela Superior de Ingeniería, Universidad de Almería, 04120 Almería, Spain.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

El papel de los hongos septados oscuros (DSE) en el control biológico de enfermedades ha sido menos estudiado que sus efectos como bioestimulantes en condiciones de estrés abiótico. El efecto beneficioso de su aplicación en las plantas conlleva cambios en la arquitectura de las raíces, reducción de enfermedades y la mejora del crecimiento de las plantas, entre otros beneficios.

En este estudio se analiza el crecimiento *in vitro* de los hongos fitopatógenos *Botrytis cinerea* y *Sclerotinia sclerotiorum* así como del DSE *Rutstroemia calopus* a distintas concentraciones de sal (0, 2, 5, 10, 15 y 20 g·L⁻¹) y a diferentes temperaturas (20°C, 25°C y 30°C). Además, se estudia el control de estos fitopatógenos mediante el DSE *Rutstroemia calopus*, *in vitro* e *in vivo*.

Los resultados revelan que *Botrytis cinerea* y *Sclerotinia sclerotiorum* se desarrollan en ambientes sometidos a estreses salinos (hasta 20 g de NaCl·L⁻¹), y a diferentes temperaturas. Así, la salinidad favoreció el crecimiento micelial de los patógenos *Botrytis cinerea* y *Sclerotinia sclerotiorum* a la temperatura de 30°C.

Por otra parte, *Rutstroemia calopus* ha dado lugar a la inhibición del crecimiento micelial en un rango de 84,52% y 90,48% para *Botrytis cinerea* y *Sclerotinia sclerotiorum*, respectivamente, en las distintas condiciones de sal y temperatura. *In vivo*, *Rutstroemia calopus* ha dado lugar a una reducción de la severidad de la enfermedad causada por *Botrytis cinerea* y *Sclerotinia sclerotiorum*, en un 54 y 100%, respectivamente. Es la primera descripción de *Rutstroemia calopus* como agente de biocontrol.



Recubrimientos comestibles formulados con sales antifúngicas para el control de la podredumbre peduncular los cítricos causada por *Lasiodiplodia theobromae*

María del Mar Fuentes-González, Beatriz de la Fuente, María B. Pérez-Gago, Lluís Palou
Centre de Tecnologia Postcollita (CTP) Institut Valencià d'Investigacions Agràries (IVIA) 46113
Montcada, València

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Se evaluó la efectividad de 13 sales GRAS (generalmente reconocidas como seguras) con actividad antifúngica a diferentes concentraciones en pruebas *in vitro*, mediante la inhibición del crecimiento micelial en placas de PDA, e *in vivo*, como ingredientes de recubrimientos comestibles contra *Lasiodiplodia theobromae*, causante de la podredumbre peduncular de los cítricos por Diplodia. Los ensayos *in vitro* realizados con sales amónicas, sódicas o potásicas (0,2, 1,0 y 2,0%) y parabenos (0,01, 0,05 y 1,0%) mostraron que los agentes más efectivos, inhibiendo completamente el crecimiento micelial a los 7 días de incubación a 25 °C, fueron el bicarbonato amónico (BCA), carbonato amónico (CA), carbonato sódico (CS) y carbonato potásico (CP) a todas las concentraciones ensayadas, mientras que el bicarbonato sódico (BCS), benzoato sódico (BS), sodio metil parabeno (SMP), sodio etil parabeno (SEP), sorbato potásico (SP), silicato potásico (SiP) y bicarbonato potásico (BCP) tuvieron efectividad del 100% a las concentraciones más altas. Los ensayos *in vivo* se efectuaron con mandarinas 'Ortanique' y naranjas 'Barnfield' inoculadas artificialmente con *L. theobromae* a las que se aplicaron recubrimientos comestibles formulados con hidroxipropilmetilcelulosa, cera de abeja y sales GRAS. Los recubrimientos ensayados que mostraron mayor actividad antifúngica, tanto en mandarinas como en naranjas, fueron los que contenían 2% SP, 2 % BS y 0,1 % SEP, con una reducción de la severidad de un 50%, 40% y 25%, respectivamente, en mandarinas y una reducción en torno al 60% en naranjas para SP y BS y del 30% para SEP.



Actividad antifúngica de extractos naturales y aceites esenciales *in vitro* y como ingredientes de recubrimientos comestibles para el control de *Monilinia fructicola* en ciruela

Paloma Quintanilla^{1,2*}, María Victoria Alvarez³, Verónica Taberner¹, Lluís Palou¹, María Bernardita Pérez-Gago¹

¹ Laboratori de Patologia, Centre de Tecnologia Postcollita (CTP), Institut Valencià d'Investigacions Agràries (IVIA), 46113 Montcada, València, España.

² Vicerrectorado de Investigación, Universitat Politècnica de València, Camino de Vera, s/n, 46022 Valencia, España

³ Grupo Investigación en Ingeniería en Alimentos. Facultad de Ingeniería. Universidad Nacional de Mar del Plata. Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET, CCT Mar del Plata) Argentina.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN:

La podredumbre marrón, causada por *Monilinia fructicola*, es una de las principales enfermedades que afecta a la fruta de hueso en la etapa poscosecha, generando importantes pérdidas económicas. En ensayos *in vitro* se evaluó la actividad antifúngica de distintos aceites esenciales (AEs) y extractos naturales a distintas concentraciones inhibiendo el crecimiento micelial del hongo por exposición a los agentes antifúngicos, bien como volátiles o incorporados al medio patata dextrosa agar (PDA). Ocho de los compuestos inhibieron completamente el crecimiento radial del hongo a distintas concentraciones. Estos agentes fueron evaluados *in vivo* como ingredientes de recubrimientos comestibles a base de pectina y cera de abeja. Los recubrimientos se aplicaron en ensayos curativos a ciruelas 'Black Gold' inoculadas artificialmente con *M. fructicola* 24 h antes. Tras 3, 6 y 9 días de incubación a 20°C y 90% HR se evaluaron la incidencia y severidad de la enfermedad. Los recubrimientos formulados con geraniol (0,2%) y AEs de canela (0,2 y 0,4%), lemongrass (0,4%) redujeron de manera significativa la incidencia de la enfermedad en un 20-30% respecto al control a los 6 días de incubación. Estos recubrimientos y los formulados con 0,2% eugenol, 0,2% ajedrea y 1% mirra inhibieron el desarrollo de la enfermedad, con reducciones de la severidad respecto al control del 30-46%. Los resultados obtenidos muestran el potencial de estos recubrimientos comestibles antifúngicos formulados con pectina y AEs seleccionados como una alternativa prometedora para el control de la podredumbre marrón en la poscosecha de ciruelas.



Control de *M. incognita* mediante *Trichoderma saturnisporum*

Mila santos hernandez

Universidad de Almería

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Trichoderma saturnisporum se ha identificado como un agente promotor del crecimiento vegetal y biocontrolador de diferentes enfermedades causadas por hongos fitopatógenos de interés en horticultura. En el presente trabajo se estudia el efecto de la aplicación de *Trichoderma saturnisporum* (TS) en el control de enfermedades causadas por nematodos y el consiguiente efecto promotor de crecimiento vegetal en plantas de pepino variedad Oktan. El ensayo se realizó mediante la aplicación de 105 esporas·mL⁻¹ de TS al sustrato. Previo al transplante, se realizó la inoculación de *M. incognita* incorporando 1000 unidades de inóculo (juveniles en segundo estado), obtenidas a partir de raíces de plantas de pepino con agallas. De dichas agallas se obtuvieron masas de huevos, se desinfestaron con hipoclorito de sodio al 1 %, se lavaron hasta eliminar residuos y se incubaron a 27°C hasta la obtención de juveniles de segundo estadio (J2). Se analizó el grado de nodulación mediante la escala del Proyecto Internacional de *Meloidogyne sp.* (PIM) y se cuantificaron parámetros morfológicos al final de ensayo.

Los resultados mostraron que el índice de nodulación de *M. incognita* en plantas de pepino inoculadas con TS fue de 2,05 frente al 4,85 obtenido en el control, lo que redujo la gravedad de la enfermedad en un 58%. Asimismo, la aplicación de TS dio lugar a un incremento del peso seco aéreo y radical del 200 y 40%, respectivamente en las plantas de pepino infestadas con *M. incognita*.



Selección de bacterias capaces de degradar el fungicida fluopiram

Noelia Delgado-Pallares; María Camacho, José María Barcia-Piedras*
(josem.barcia@juntadeandalucia.es)

Filiación: Instituto Andaluz de Investigación y Formación Agraria, Pesquera, Alimentaria y de la Producción Ecológica (IFAPA), España

Autor de correspondencia: josem.barcia@juntadeandalucia.es

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

El aumento de la población mundial conlleva un aumento en la demanda de alimentos. Para conseguir este objetivo, el uso de productos fitosanitarios en la agricultura es cada vez mayor, lo que genera serios problemas medioambientales. La existencia de bacterias capaces de metabolizar estos compuestos surge como una oportunidad para disminuir la contaminación por ellos generada. En este trabajo se han aislado bacterias procedentes de un Phytobac® (sistema de degradación de efluentes agrícolas basado en un lecho biológico) capaces de degradar el fungicida fluopiram. Para ello, se hicieron cultivos consecutivos del lecho en un medio mineral cuya única fuente de carbono era dicho fungicida y se seleccionó la población bacteriana capaz de crecer en él. Dichas bacterias fueron aisladas e identificadas mediante la secuenciación del gen del ARNr 16S. Se obtuvieron siete aislados bacterianos, que fueron identificados como *Pseudomonas rhizosphaerae*, *P. atacamensis*, *Erwinia gerundensis*, *Stenotrophomonas maltophilia*, *Paenibacillus xylanilyticus*, *Pseudarthrobacter oxydans* y *P. huaxiensis*. Finalmente, para comprobar la eficacia de la biodegradación, se realizaron ensayos *in vitro* en placas Petri donde se sembró el hongo *Monilinia fructicola*. Tras 16 días de crecimiento, el diámetro del hongo fue mayor en aquellas placas envenenadas con el sobrenadante del fungicida en el que crecieron las bacterias, que en el control positivo conteniendo sólo el fungicida. Estos datos apoyan la capacidad del consorcio seleccionado para metabolizar el fungicida fluopiran.



Revalorización de residuos agrícolas como herramientas de biocontrol de la podredumbre radical causada por *Phytophthora cinnamomi*

María Ángeles Romero Martín¹, Rocío Rodríguez Arcos², Ana J Jiménez Araujo², María Socorro Serrano Moral¹

¹Departamento de Agronomía, Universidad de Córdoba; ²Departamento Fitoquímica de los Alimentos, Instituto de la Grasa (CSIC)

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

El sector agrícola se enfrenta actualmente a dos graves problemas: la muerte masiva del arbolado en las dehesas debida a la podredumbre radical causada por *Phytophthora cinnamomi* y la gestión de los abundantes residuos que la agricultura genera y desecha por su falta de valor económico. Sin embargo, algunos de estos residuos son ricos en compuestos fenólicos con actividad fungicida. El objetivo de este trabajo fue determinar la actividad biocida frente a *P. cinnamomi* de tres extractos orgánicos con alto contenido en fenoles procedentes del cultivo del espárrago y del olivo. Mediante experimentos *in vitro* se determinó que estos tres extractos a distintas dosis (0,15, 0,1, 0,05 y 0,025%) reducían el crecimiento micelial y la producción de esporangios significativamente más que el testigo no tratado, alcanzando porcentajes de inhibición mayores del 80% en la producción de esporangios. Si bien, solo el espárrago redujo efectivamente el crecimiento micelial (>85%), incluso a la dosis más baja. Además, ensayos *in planta* demostraron que los extractos y dosis ensayadas no afectan a la germinación de las semillas de *Lupinus luteus*. No se observaron síntomas de fitotoxicidad salvo una reducción en el rendimiento de las plantas que crecieron en sustratos tratados con el extracto de espárrago y uno de los extractos de olivo a la dosis más alta (0,15%). Actualmente, se están realizando ensayos *in planta* para determinar el efecto de estos extractos orgánicos eficaces frente al patógeno *in vitro*, sobre el progreso de la enfermedad radical.

Proyecto financiado por la Fundación BBVA (Beca Leonardo).



Efecto de aceites esenciales sobre el comportamiento alimentario de *Aphis gossypii* Glover (Hemiptera: Aphididae) en plantas de melón (*Cucumis melo* L.) y la dispersión de virus

Félix Martín^{1,3}, Alberto Fereres², Pedro Guirao³, María Jesús Pascual-Villalobos¹, Aranzazu Moreno².

¹Instituto Murciano de Investigación y Desarrollo Agrario y Medioambiental (IMIDA), c/ Mayor s/n, 30150 La Alberca, Murcia, España.

²Instituto de Ciencias Agrarias (ICA-CSIC), c/Serrano 115-bis, 28006 Madrid, España.

³Universidad Miguel Hernández, E.P.S.Orihuela, Carretera de Beniel Km. 3,2, 03312 Orihuela, Alicante, España.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

El uso de aceites esenciales (AE) supone una nueva alternativa para el control de virosis bajo un Manejo Integrado de Plagas. Estudios previos demuestran el efecto repelente y/o tóxico de AE sobre los pulgones vectores de virus, pero se desconoce si tienen efecto antialimentario sobre los insectos y cómo pueden afectar a la dispersión de virus transmitidos por éstos. Mediante la técnica de gráficos de penetración eléctrica (EPG) se estudió el comportamiento alimentario del pulgón *Aphis gossypii* sobre plantas de melón (*Cucumis melo* L.) tratadas con nanoemulsiones de sustancias de origen botánico (anís matalahúga, trans-anetol, farnesol y aceite destilado de limón). Además, se evaluó la actividad de la nanoemulsión de farnesol 0,5% contra la dispersión primaria y secundaria de un virus no circulativo (Cucumber mosaic virus, CMV) y otro circulativo (Cucurbit aphid-borne yellows virus, CABYV) transmitidos por *A. gossypii* en plantas de melón en invernadero y su posible efecto fitotóxico. Ninguna de las nanoemulsiones evaluadas tuvo efecto sobre el comportamiento alimentario de *A. gossypii* en melón, al menos durante las 8 horas de estudio, por lo que los efectos descritos previamente sobre pulgones para estos compuestos no se deben a alteraciones en la alimentación del insecto. El farnesol produjo fitotoxicidad a nivel morfológico en las plantas tratadas con dosis de 0,5%, desapareciendo los síntomas varias semanas después del tratamiento. Se apreció una reducción en la dispersión primaria de CABYV, mientras que la dispersión de CMV no se ve afectada por el tratamiento con este aceite.

Palabras clave: Manejo Integrado de Plagas, transmisión de virus por pulgones, Gráficos de penetración eléctrica



CRISPR-Cas editing of cucurbit genome using a combination of stable transformation and viral vectors

Arcadio García¹, Verónica Aragonés¹, Begoña García-Sogo¹, Benito Pineda¹, Cristina Sáez², Carmelo López², Belén Picó², Vicente Moreno¹ and José-Antonio Daròs¹.

¹IBMCP (CSIC-Universitat Politècnica de València), Valencia, Spain; ²COMAV, Universitat Politècnica de València, Valencia, Spain.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

The genomes of crop plants can be nowadays manipulated in an unprecedented manner using the CRISPR-Cas technologies. However, the necessity to deliver the CRISPR-Cas reaction components, usually a Cas nuclease and one or more guide RNAs, to plant cells implies that this technology goes hand in hand with transformation and regeneration techniques. There are certain families of plants, such as cucurbits, that show some recalcitrance to *in vitro* regeneration, which hampers application of CRISPR-Cas technologies. We are currently developing a strategy that combines the *Agrobacterium tumefaciens*-mediated transformation of some cucurbit cultivars, to obtain lines that stably express the Cas9 and Cas12a nucleases, with the expression of guide RNAs by means of viral vectors. While the Cas nucleases are common to many different CRISPR-Cas projects, the sequences of guide RNAs are highly variable and depend on each particular gene or genes to target. With this strategy, we aim to obtain new cucurbit cultivars knocked-out in some susceptibility (S) genes that mediate cucurbit infection by the tomato leaf curl New Delhi Virus (ToLCNDV) and the powdery mildew *Podosphaera xanthii*.



Mejora de *Bacillus velezensis* UMAF6639 como agente de biocontrol

Montserrat Grifé-Ruiz*, Jesús Hierrezuelo, David Vela-Corcía, Alejandro Pérez-García, Antonio de Vicente, Diego Romero.

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

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

La necesidad de implementar modelos agrícolas sostenibles ha llevado a la búsqueda de alternativas para hacer frente a las distintas enfermedades de las plantas, siendo el uso de agentes de biocontrol una de las opciones con mayor versatilidad.

Un claro ejemplo de estos agentes son las cepas pertenecientes al grupo de *Bacillus velezensis*, bacterias Gram positivas capaces de colonizar las distintas estructuras de las plantas y de sintetizar una variedad de compuestos con diversas actividades, que van desde la promoción del crecimiento hasta el antagonismo frente a distintos fitopatógenos gracias a la síntesis de moléculas como los lipopéptidos (surfactinas, fengicinas e iturinas) entre otras.

Estudios previos realizados en nuestro grupo de investigación han demostrado cómo la cepa *B. velezensis* UMAF6639 presenta una gran capacidad de biocontrol en plantas pertenecientes a la familia de las cucurbitáceas, derivada principalmente de la producción de lipopéptidos.

El objetivo de este trabajo se centra en la mejora genética por mutagénesis aleatoria de dicha cepa para obtener mutantes con mayor actividad antimicrobiana. Una vez identificados los derivados con mayor actividad antimicrobiana, se está realizando su caracterización para determinar los cambios genéticos que justifican el aumento de su capacidad de biocontrol, así como los cambios en el perfil de producción de metabolitos secundarios, profundizando así en los distintos mecanismos responsables de la actividad antagonista de dichas cepas.

Este trabajo ha sido financiado por el contrato 8.06/60.4086 financiado por la empresa biotecnológica KOPPERT B. V. (Países Bajos).



Identificación y caracterización de una proteína con actividad nematocida producida por el agente de biocontrol *Bacillus velezensis* UMAF6639

David Vela-Corcía, Ana Colino, Jesús Hierrezuelo, Antonio de Vicente, Alejandro Pérez García, Diego Romero.

Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea “La Mayora”, Universidad de Málaga Consejo Superior de Investigaciones Científicas (IHSM-UMA-CSIC), Departamento de Microbiología, Universidad de Málaga, 29071, Málaga.

E-mail: dvela@uma.es/diego_romero@uma.es

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Los nematodos fitoparásitos son uno de los grupos de patógenos de cultivos más destructivos causando graves pérdidas anuales a nivel mundial. La mayoría de los nematodos fitoparásitos se localizan en el suelo siendo patógenos de la raíz, lo que implica una gran dificultad en cuanto a su control y erradicación. En la actualidad, la aplicación de agentes químicos sigue siendo el método más común para la gestión y control de estos patógenos. Sin embargo, debido a la creciente preocupación sobre los problemas de seguridad del medio ambiente y salud pública, muchos compuestos químicos con alto grado de toxicidad se han retirado o restringido su uso. Por tanto, urge desarrollar alternativas ecológicas mas amigables con el medio ambiente para el control de estos patógenos.

El empleo de bacterias beneficiosas para combatir enfermedades de plantas ha cobrado gran importancia en las últimas décadas. En un estudio previo, se demostró que la cepa de *Bacillus velezensis* UMAF6639, es una excelente candidata como agente de biocontrol contra enfermedades fúngicas y bacterianas de las cucurbitáceas. Resultados preliminares indicaron que también podría ser efectiva contra nematodos parásitos de plantas.

Por tanto, este trabajo persigue identificar cuáles son los factores que median dicha actividad nematocida y el modo de acción de estos, para ello se usan aproximaciones genómicas que han permitido identificar determinantes proteicos responsables de dicha actividad.



Diversidad y actividad antagonista de la microbiota bacteriana cultivable de *Philaenus spumarius*, vector de *Xylella fastidiosa*

Gemma Roselló¹, Beatriz Gascón¹, Laura Montesinos¹, Anna Pareras¹, Clara Lago², Aránzazu Moreno², Alberto Fereres², Emilio Montesinos¹.

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

² Instituto de Ciencias Agrarias, Consejo Superior de Investigaciones Científicas. C/ Serrano, 115 dpdo, 28006 Madrid.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Xylella fastidiosa afecta a una gran diversidad de especies vegetales, tanto forestales como de alto interés agronómico y económico. Esta bacteria coloniza el xilema de las plantas huésped y se transmite mediante insectos chupadores principalmente cicadélidos, cercópidos y cigarras, entre los que se encuentra *Philaenus spumarius*. Teniendo en cuenta que actualmente las medidas de control para este patógeno son insuficientes y que la Unión Europea está restringiendo el uso de ciertos plaguicidas, hace necesario la búsqueda de nuevos ingredientes activos, como los agentes de control biológico. Con el objetivo de seleccionar bacterias candidatas a agentes de biocontrol de *X. fastidiosa*, se ha realizado un estudio de la diversidad de la microbiota bacteriana cultivable del vector *Philaenus spumarius*, y se ha evaluado su actividad antagonista. Se ha constituido una colección de cepas aisladas de huevos, ninfas y adultos de diferentes procedencias, y se han identificado mediante secuenciación del gen 16S rRNA. Se ha observado que la microbiota bacteriana cultivable difiere entre los distintos estados, aunque los géneros *Pseudomonas*, *Agrobacterium*, *Microbacterium* y *Stenotrophomonas* están presentes en todos ellos. En la evaluación de la actividad antagonista mediante cultivos duales *in vitro*, se han obtenido cepas de distintos géneros que han reducido claramente el crecimiento de *X. fastidiosa*. Estas cepas presentan un potencial interesante para ser utilizadas en ensayos de control, que en una primera fase se realizarán en plantas huésped en invernadero de bioseguridad. Este trabajo se ha desarrollado en el marco del proyecto AGL2017-89604-R.



Sensibilidad de *Liberibacter crescens* a péptidos líticos, un modelo de *Ca. Liberibacter spp.*

Beatriz Gascón¹, Laura Montesinos¹, Eduard Bardají² y Emilio Montesinos¹.

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

²LIPPSO, Departamento de Química, Universitat de Girona, Girona.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Huanglongbing (HLB) o *Citrus Greening* causado por *Candidatus Liberibacter asiaticus*, provoca el amarillamiento de los cítricos y es transmitida por vectores, principalmente por dos especies de insectos psílidos, *Diaphorina citri* y *Trioza erytreae*. Es una de las enfermedades más devastadoras de los cítricos, y no está presente en la UE. Su fácil y rápida dispersión, así como la falta de tratamientos eficaces y de variedades resistentes, provoca enormes pérdidas en la producción y deteriora la calidad de los frutos. En este trabajo se ha estudiado la actividad de péptidos funcionales sintéticos *contra Liberibacter crescens*, como microorganismo modelo de *Ca. Liberibacter*. Se seleccionaron 34 péptidos procedentes de varias librerías como CECMEL11, CYCLO10, péptidos híbridos, péptidos derivados de BP100, ciclolipopéptidos, péptidos endógenos de plantas (PEPs), y péptidos antibiofilm. En una primera fase se estudió su actividad antimicrobiana mediante un ensayo de inhibición del crecimiento para determinar la concentración mínima inhibitoria (MIC). Con los resultados obtenidos se seleccionaron los mejores péptidos y se determinó la actividad mínima bactericida (MBC) mediante un test de contacto (*killing assay*) y la viabilidad celular mediante un ensayo de actividad metabólica con resazurina. Mediante observación con microscopio electrónico de transmisión se apreciaron daños en la membrana celular. La sensibilidad a dichos péptidos parece estar mediada por la actividad de proteasas extracelulares. Los resultados de este estudio permitirán diseñar nuevos compuestos resistentes a dichas proteasas. Este trabajo se ha desarrollado en el marco del proyecto Pre-HLB del H2020 de la UE.



Control biológico de la podredumbre carbonosa (agente causal *Macrophomina phaseolina*) en arándano

Celia Borrero¹, Manuel Avilés¹, María Camacho², Berta. de los Santos^{2*}

¹ Dpto. Agronomía, E.T.S.I.A. Universidad de Sevilla, Ctra. Utrera km 1, C.P. 41013 Sevilla

² IFAPA Centro Las Torres, Apdo. Oficial, 41200 Alcalá del Río, Sevilla

*berta.santos@juntadeandalucia.es

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

En este trabajo se estudia la eficacia de la aplicación de *Rhizophagus irregularis* y de *Bacillus* spp. en el control de podredumbre carbonosa en arándano y la influencia en el desarrollo de la enfermedad de la fertilización con fósforo. Se utilizaron plantas de arándano de las variedades 'Star' y 'Ventura', de distinta susceptibilidad a *M. phaseolina*, cada variedad se consideró un ensayo individual. Se aplicó un diseño factorial con 5 repeticiones, con los siguientes factores: 1) concentración de fósforo; 2) nivel de inoculación con *Rhizophagus irregularis*; 3) nivel de inoculación con *Bacillus* spp. ; y 4) nivel de infección con *Macrophomina phaseolina*. Se analizaron los siguientes parámetros: área bajo la curva de desarrollo de la enfermedad, incidencia de podredumbre carbonosa y colonización de los tejidos de raíz y de tallo. La variedad no fue fuente de variación para ninguno de ellos, por lo que los resultados se presentan como la media de las dos variedades. Los resultados obtenidos contradicen la hipótesis de partida: "la micorrización se ve favorecida por la ausencia de fósforo, facilitando una mayor protección de la planta frente al patógeno", aunque, se corrobora que el aporte de fósforo reduce la colonización del patógeno en raíz, en ausencia de micorrizas. Por tanto, un correcto abonado en fósforo parece reducir la incidencia y severidad de podredumbre carbonosa en arándano. La sinergia micorriza-bacteria, en este caso, no parece favorecer el control de la enfermedad, si hay ausencia de fósforo.



Evaluación de la susceptibilidad de varias variedades comerciales de fresa a distintos patotipos de *Fusarium oxysporum* f. sp. *fragariae*

Celia Borrero, Paloma Hernández-Muñiz, Javier Ordóñez-Martín y Manuel Avilés*

Dpto. Agronomía, E.T.S.I.A. Universidad de Sevilla, Ctra. Utrera km 1, C.P. 41013 Sevilla

*aviles@us.es

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

La fusariosis vascular de la fresa es una enfermedad emergente en las distintas zonas freseras. Por otro lado, recientemente hemos puesto de manifiesto que los aislados españoles del hongo son patogénica y filogenéticamente distintos a los californianos, coreanos, australianos y japoneses. En este trabajo nos proponemos evaluar las susceptibilidades de algunas de las variedades empleadas en Huelva a los distintos patotipos.

El diseño experimental fue totalmente al azar con 6 repeticiones y la unidad experimental una planta de fresa en un contenedor de 500 ml. Los aislados de *Fusarium oxysporum* f. sp. *fragariae* fueron de la raza 1, raza 2 (origen California USA) y un aislado español. Además, se añadieron testigos no inoculados. Se incluyeron 7 variedades: 'Splendor' (susceptible a los aislados españoles), 'Ventana' (resistente a raza 1 pero susceptible a raza 2) 'Aitana', 'Amparo', 'Cozumel', 'Leticia' y 'Leyre'. El ensayo se repitió una vez. Los ensayos se llevaron a cabo en cámaras de cultivo con 28 y 20 °C de temperatura día/noche. La inoculación se realizó mediante baño de raíces con una suspensión de conidias de 2×10^6 conidias/ml. Se realizaron evaluaciones periódicas de la severidad como porcentaje de hojas afectadas.

Para el aislado español y la raza 1 las variedades 'Cozumel' y 'Ventana' resultaron las menos susceptibles. En cambio, el resto de variedades se comportaron como la variedad susceptible 'Splendor'. Para la raza 2, como era de esperar 'Ventana' fue susceptible como el resto de variedades, excepto la variedad 'Cozumel' que se mostró también la menos susceptible.



Selección y evaluación de microorganismos con potencial en el biocontrol de *Phytophthora infestans* agente causal del mildiu de tomate

Nuria Montes-Osuna, Celia Borrero*, Manuel Avilés.

Departamento de Agronomía, Escuela Técnica Superior de Ingeniería Agronómica, Universidad de Sevilla, Ctra. Utrera km 1, 41013 Sevilla, España

*cborrero@us.es

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Phytophthora infestans es un oomiceto fitopatógeno causante de numerosas pérdidas agronómicas en tomate y patata. El tomate (*Solanum lycopersicum*), es el segundo cultivo hortícola más cultivado a nivel mundial y cuya producción se encuentra seriamente comprometida por el mildiu del tomate producido por *P. infestans*. Tradicionalmente el control de la enfermedad se ha basado en la aplicación de tratamientos químicos convencionales, aunque en los últimos años con el auge y la búsqueda de opciones más sostenibles, el uso de agentes de control biológico (ACBs), se plantea como una opción más respetuosa con las personas y el medio ambiente. Este trabajo es el inicio de la evaluación de una amplia colección de potenciales ACBs frente al mildiu de tomate. Para ello, dos hojas maduras de plantas de tomate (variedad 'Robin F1') de 2 meses de edad fueron inoculadas mediante pulverización con diversas cepas de *Bacillus* sp. y *Paenibacillus* sp. Además, se incluye un control y un estándar químico y otro biológico. Transcurridas 24 horas *P. infestans* se inoculó de la misma forma. La evolución de la enfermedad se evaluó a los 6 y 9 días. Si bien, la mayoría de los 15 ACBs testados hasta el momento parecen no mostrar control de la enfermedad, en uno de ellos se ha detectado cierta eficacia respecto al control. Estos resultados preliminares deberán ser comprobados nuevamente en otros ensayos *in planta*, además de seguir evaluando la colección de ACBs.



Optimización del uso de residuos industriales en la desinfestación anaeróbica de suelo para el control de la fusariosis vascular en fresa

Paloma Hernández-Muñiz, Celia Borrero, Ana María Márquez, Manuel Avilés*
Dpto. Agronomía, E.T.S.I.A. Universidad de Sevilla, Ctra. Utrera km 1, C.P. 41013 Sevilla
*aviles@us.es

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

En el presente estudio se optimizó el uso de 3 residuos de industrias cercanas a la zona fresera de Huelva como enmiendas orgánicas en la desinfestación anaeróbica de suelo (DAS) contra la fusariosis vascular provocada por el patógeno *Fusarium oxysporum* f.sp. *fragariae* (Fof).

El diseño experimental consistió en 2 ensayos inoculados a distintas dosis, con 14 tratamientos y 3 bloques al azar. Las enmiendas evaluadas fueron el salvado de arroz, la harina de pescado y el residuo del extrusionado de fresa. Además, se incluyeron un tratamiento control y un fumigante químico. La efectividad de cada enmienda fue probada a dos dosis de enmendado y a dos duraciones del tratamiento. Posteriormente, fueron cultivadas fresas en el suelo resultante tras la DAS para evaluar su efecto sobre la enfermedad. Las medidas realizadas fueron el potencial redox durante DAS, la densidad poblacional tras la DAS de Fof y la severidad foliar durante el ensayo en planta.

Las densidades poblacionales de *F. oxysporum* sólo se redujeron en los tratamientos de harina de pescado y metam sodio en el ensayo a bajas dosis de inóculo. Como resultado común en ambos ensayos se observó que los tratamientos con harina de pescado a dosis baja para ambas duraciones del tratamiento y el de salvado de arroz a dosis alta y tiempo largo fueron efectivos.



Identificación y fluctuación e de áfidos vectores de Plum pox virus (PPV) en huertos comerciales de carozos en la zona central de Chile

Claudio Salas Figueroa¹, Jessica Devia Parra², Mónica Madariaga Villarroel² y Daniela Toro Flores¹
Instituto de Investigaciones Agropecuarias INIA, Centro Regional Intihuasi¹, Instituto de Investigaciones Agropecuarias INIA, Centro Regional La Platina². Autor correspondencia: claudio.salas@inia.cl

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Plum pox virus, es una plaga cuarentenaria para Chile que se encuentra presente desde 1992. Es una enfermedad viral que se propaga de forma no persistente por áfidos presentes en los huertos. El objetivo del presente trabajo fue identificar las especies de áfidos asociados a huertos comerciales de nectarina (*Prunus persica* var. nucipersica) y su fluctuación estacional como parte del desarrollo de una estrategia de mitigación basada en el uso de material de plantación libre de virus, la eliminación de fuentes de inóculo y el uso de barreras físicas como tratamientos con aceites mineral. La fluctuación estacional de los áfidos vectores del PPV se estudió durante la temporada de crecimiento 2021 en tres localidades de la región de O'Higgins, Chile. Se dispuso una trampa de agua (tipo Moericke) por cada estación de monitoreo. El interior de la trampa era de color amarillo ocre y en su interior se dispuso una solución compuesta agua y propilenglicol. Se identificaron cuatro especies de áfidos con importancia en la transmisión del PPV, correspondiendo en orden de abundancia a: *Brachycaudus helichrysi* (62%), *Myzus persicae* (31%), *B. persicae* (5%) y *B. schwartzi* (2%). Durante la temporada, tres periodos de vuelos fueron observados, el primero durante agosto, el segundo en septiembre y el tercero en noviembre. Durante la temporada, sólo se registró diferencias en la composición de las especies en el periodo de primavera registrándose prevalencia del complejo *Brachycaudus*. Estos resultados preliminares orientan el manejo de los vectores como estrategia de gestión sostenible.



Integrated control of dry bubble and cobweb diseases by the right management of the moisture content of the casing layer in mushroom crops

María Jesús Navarro^{a,*}, Milagrosa Santos^b, Jaime Carrasco^{c,d}, Fernando Diáñez^b, Francisco J. Gea^a

^a Centro de Investigación, Experimentación y Servicios del Champiñón (CIES). 16220 Quintanar del Rey, Cuenca, España.

^b Departamento de Agronomía, Escuela Politécnica Superior, Universidad de Almería. 04120 Almería, España.

^c Centro Tecnológico de Investigación del Champiñón de La Rioja (CTICH). 26560 Autol, España.

^d Department of Plant Sciences, University of Oxford, South Parks Road, Oxford OX1, UK.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

The effect of different moisture content of the casing layer on the incidence of two of the most important diseases in the mushroom growing farms, dry bubble and cobweb, has been evaluated. Four trials, two per each disease, were set up. The effect of two factors, initial volumetric water content of casing and irrigation program, was tested. The incidence of dry bubble disease (causal agent *Lecanicillium fungicola*) was not conditioned by the moisture of the casing layer, at the high moisture levels established in the study. In the case of *Cladobotryum mycophilum*, lower moisture level of the casing layer reported more incidence of the cobweb disease, and subsequently yield losses. These results could be related to the probably of mycelia of *Agaricus* to being infected by the pathogen. Moreover, one more trial was set up to check the influence of the moisture content on the crop yield. The higher the initial humidity content in the casing layer the higher the yield, with fewest number of mushrooms but heavier, while none influence on the dry matter and colour of the carpophores were noted. According to the results, the right management of the moisture level in the casing materials could restrict the incidence of some fungal diseases, as well as promote the crop yield.



Proceso de evaluación del riesgo asociado a la producción de metabolitos secundarios en los productos plaguicidas basado en microorganismos

Belén Guijarro Díaz-Otero, José Luis Alonso Prados.

Unidad de productos fitosanitarios, Departamento de Protección vegetal, INIA-CSIC).

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

La introducción de un agente de control biológico en un entorno natural no sólo implica actuar sobre el organismo patógeno, sino también sobre el medio ambiente y los seres humanos. Se debe demostrar que el bioplaguicida no tiene efectos negativos y/o contaminantes para el consumidor o el medio ambiente. El potencial de la especie en general y del aislado en particular para producir y acumular metabolitos y la presencia de estos metabolitos en el producto representan un punto crucial en la evaluación del riesgo.

El proceso de evaluación del riesgo se lleva a cabo por etapas: una vez determinado el tipo de evaluación necesaria, se recoge la información sobre el microorganismo y sus metabolitos -búsquedas bibliográficas y datos experimentales- para establecer una lista de metabolitos potencialmente preocupantes. Basándose en los datos relativos a la producción real de los metabolitos, las posibles vías de exposición y la evaluación cualitativa del riesgo de exposición, afinando así la lista de metabolitos de preocupación. Finalmente se realiza una evaluación cuantitativa del riesgo para cada metabolito identificado.

Los metabolitos de preocupación pueden identificarse basándose en la literatura científica o en la observación de la toxicidad, eco-toxicidad o actividad antimicrobiana. El análisis de la secuencia del genoma del microorganismo constituye una herramienta esencial para la predicción de metabolitos de preocupación. Se considera que la ausencia del gen/s que codifican el metabolito/s, evidenciada mediante el empleo de métodos genómicos demuestra la ausencia de capacidad para la producción de ese metabolito o esos metabolitos.



Eficacia de varios fungicidas y agentes de control biológico frente a la mole húmeda del champiñón

María Jesús Navarro^{a*}, Milagrosa Santos^b, Jaime Carrasco^{c,d}, Fernando Diáñez^b, Francisco J. Gea^a

^a Centro de Investigación, Experimentación y Servicios del Champiñón (CIES). 16220 Quintanar del Rey, Cuenca, España.

^b Departamento de Agronomía, Escuela Politécnica Superior, Universidad de Almería. 04120 Almería, España.

^c Centro Tecnológico de Investigación del Champiñón de La Rioja (CTICH). 26560 Autol, España.

^d Department of Plant Sciences, University of Oxford, South Parks Road, Oxford OX1, UK.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

La mole húmeda del champiñón, causada por el hongo micoparásito *Hypomyces perniciosus*, es una enfermedad de distribución mundial que se caracteriza por la formación de masas deformes de tejido del carpóforo sin diferenciación entre estipe y sombrero. Las medidas de control habitualmente utilizadas se basan en la implementación de prácticas culturales eficaces, higiene, aplicación de fungicidas y de agentes de control biológico.

Recientemente se ha observado un aumento significativo en la incidencia de mole húmeda en los cultivos de champiñón de Castilla-La Mancha, motivo por el que se ha llevado a cabo una valoración de la eficacia de tres fungicidas (clortalonil, metrafenona, procloraz-Mn) y dos agentes de control biológico (*Bacillus amyloliquefaciens*, *Bacillus subtilis*) para el control de la enfermedad. Se han realizado cinco ciclos de cultivo de champiñón artificialmente infectados con diferentes dosis de inóculo (10^6 , 10^5 y 10^3 conidios m^{-2}), en los que se ha valorado la incidencia de la enfermedad, la eficacia de los fungicidas y agentes de biocontrol, y la eficiencia biológica de cada ciclo.

La eficacia de los agentes de control biológico fue significativamente inferior a la de los fungicidas. El procloraz-Mn presentó altas eficacias incluso a dosis elevadas de inóculo ($> 75\%$ con 10^6 conidios m^{-2} en dos floradas), mientras que la metrafenona solo se mostró eficaz con niveles moderados de infección ($> 70\%$ con 10^5 conidios m^{-2} en tres floradas). Por otro lado, la eficiencia biológica de los ciclos de cultivo de champiñón fue comparable entre todos los tratamientos considerados.



Control biológico *in vitro* de hongos patógenos de madera de vid mediante el uso de aceites esenciales

Rodrigo Mirasierra Velardo¹, Fernando M. Alves-Santos¹, Juan José Guera-Nogales², Laura Martín².

¹Departamento de Producción Vegetal y Recursos Forestales. ETS. Ingenierías Agrarias de Palencia / Instituto Universitario de

Investigación en Gestión Forestal Sostenible (iuFOR). Universidad de Valladolid. Avenida de Madrid 57, 34071 Palencia, España. ² Centro de Investigaciones Científicas y Tecnológicas de Extremadura (CICYTEX). Área de Protección Vegetal. Instituto de Investigaciones Agrarias Finca La Orden-Valdesequera. Autovía A-5, km 372 - 06187 Guadajira, Badajoz

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Las enfermedades de madera de vid (EMV), como el decaimiento por Botryosphaeriaceae, la yesca, la eutipiosis o la enfermedad de Petri, son producidas por un complejo fúngico que provoca síntomas adversos hasta la muerte prematura de la planta. El control biológico es uno de los pilares fundamentales del manejo integrado de plagas y enfermedades. Dentro de este calificativo se encuentran tanto el uso y empleo de organismos vivos o productos naturales derivados de estos. Con el objetivo de encontrar un posible control biológico se han probado diferentes concentraciones de aceites esenciales producidos por las plantas de canela, citronela, clavo, pino, cedro y abeto, frente a diferentes hongos patógenos de la vid, como son *Phaeo-monella chlamydospora* (Pch) y *Neofusicoccum parvum* (Np). Todos los aceites esenciales estudiados inhiben el crecimiento de los tres patógenos ensayados, Pch-33, Pch-287 y Np-56, con dosis desde 30 a 3000 ppm. Los aceites esenciales de canela, clavo y citronela inhiben Pch a 30 ppm mientras que los otros aceites de abeto, cedro y pino suelen requerir dosis más altas. Por otro lado, Np crece más rápido y se requieren dosis elevadas para reducciones significativas de crecimiento. En los ensayos *in vitro* realizados, solo los aceites de canela, clavo y citronela consiguen inhibir a largo plazo (60 días) por completo el crecimiento de Pch (a 300 ppm) y Np (a 3000 ppm) y por ello serían los recomendables para estudiar *in vivo*.



Efecto de la aplicación de *Trichoderma aggressivum* f. *europaeum* en el control de *P. capsici* and *P. parasitica*

Fernando Diáñez^a, Mila Santos^a, Francisco J. Gea^b, Alejandro Moreno-Gavira^a, Brenda Sánchez-Montesinos^a, María Jesús Navarro^b.

^a Departamento de Agronomía, Escuela Politécnica Superior, Universidad de Almería. 04120 Almería, España.

^b Centro de Investigación, Experimentación y Servicios del Champiñón (CIES). 16220 Quintanar del Rey, Cuenca, España.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Actualmente, existe un número muy limitado de fungicidas autorizados para el control de *Phytophthora*, y su efectividad no está garantizada, además de que en muchos casos se generan resistencias a los mismos. Además, la capacidad de *Phytophthora* de superar la resistencia genética de las plantas gracias a su variabilidad genética, genera la necesidad de métodos alternativos para el control de ambas enfermedades. El principal objetivo de este trabajo es determinar el potencial de *Trichoderma aggressivum* f. *europaeum* (TA) como agente de control biológico frente a *P. capsici* y *P. parasitica*. Para ello, los objetivos fueron: a) determinar *in vitro* la capacidad antagónica mediante cultivo dual; b) determinar el efecto antagónico de los metabolitos volátiles y no volátiles de TA; y c) determinar el control de la enfermedad causada por ambos fitopatógenos en plantas de pimiento con 1 o 2 aplicaciones del agente de control biológico.

Los resultados más destacados muestran que los valores alcanzados de inhibición *in vitro* fueron muy similares para ambos patógenos, en torno al 88 y 82 % para *P. parasitica* and *P. capsici*, respectivamente. Metabolitos volátiles y no volátiles de TA mostraron porcentajes de inhibición frente a ambos fitopatógenos, en un rango entre 50 y 20%, respectivamente. La actividad antagónica in planta frente a *P. parasitica* fue muy superior que para *P. capsici*, siendo del 100% en caso de *P. parasitica* y del 54% y 76 para *P. capsici*, con 1 o 2 aplicaciones respectivamente.



Characterization of fungal extracts with nematocidal activity against *Meloidogyne javanica*

Díaz-González, Sandra^{1,2}; González-Sanz, Carlos²; Sacristán, Soledad^{2,3}; González-Coloma, Azucena¹ and Andrés, María Fe¹.

¹Instituto de Ciencias Agrarias, CSIC, Serrano, 115, Madrid, 28006, Spain

²Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas (CBGP, UPM-INIA/CSIC), Universidad Politécnica de Madrid (UPM) - Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria (INIA/CSIC) Pozuelo de Alarcón (Madrid) Spain

³Departamento de Biotecnología-Biología Vegetal, Escuela Técnica Superior de Ingeniería Agronómica, Alimentaria y de Biosistemas, Universidad Politécnica de Madrid (UPM) Madrid, Spain

Corresponding autor: María Fe Andrés (mafay@ica.csic.es)

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Root-knot nematodes are obligate endoparasites that cause significant agricultural losses worldwide. Second-stage juveniles (J2) are the responsible for infecting the plants by penetrating the roots. Infected plants show reduced plant growth and wilting, severely impacting crop productivity. Although synthetic nematicides have been broadly applied in the past, the use of active ingredients from biological origins, such as microorganisms, have gained relevance in the last decades. In this context, fungal endophytes are being studied as potential sources of bioactive compounds with nematicide capacity.

In the present work, ethyl acetate extracts from endophytic fungi of wild *Arabidopsis thaliana* plants from the central Iberian Peninsula have been screened for their nematocidal activity against the plant parasitic nematode *Meloidogyne javanica*. Fungal extracts were obtained by a liquid/liquid extraction with ethyl acetate of the culture filtrate previously separated from the mycelium. The extracts were screened *in vitro* at an initial concentration of 1.0 mg/mL on J2 hatched from egg masses of infected tomato roots. J2 mortality was recorded after 72 h. Extracts showing a mortality percent above 90% have been selected for further analysis with serial dilutions to determine effective lethal doses (LC50 and LC90) and their effect on egg hatching. Additionally, the chemical profile of the active extracts will be studied.



Uso de extractos biomásicos en el marco de la bioeconomía circular para control *in vitro* de patógenos fúngicos

Esther Sanz González¹, Enrique Barajas Tola¹, Rebeca Díez Antolínez², Ana Isabel Paniagua García², David Ruano Rosa¹.

Filiación: ¹Unidad de Cultivos Leñosos y Hortícolas Área de Investigación Agrícola; Instituto Tecnológico Agrario de Castilla y León.

²Unidad de Tecnologías Ambientales Aplicadas al Sector Agroindustrial; Instituto Tecnológico Agrario de Castilla y León.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Actualmente, existe un creciente rechazo al uso de productos fitosanitarios de síntesis química que, unido a la continua reducción de materias activas, está dando lugar al aumento del interés por la búsqueda de nuevas sustancias alternativas con capacidad biocida. A esto se une la fuerte apuesta que, desde la Unión Europea, se está haciendo para fomentar la circularidad de la economía, ya que sólo el 12 % de los materiales y recursos secundarios generados vuelven a formar parte del ciclo.

El presente trabajo evalúa 5 extractos *in vitro*, obtenidos a partir de residuos biomásicos procedentes del procesamiento industrial del café, la manzana y el tomate, frente a una colección de 21 patógenos fúngicos. Se evaluó la inhibición relativa del crecimiento, así como la aparición de posibles alteraciones en el desarrollo de los aislados.

Los resultados muestran un elevado potencial para el concentrado de café de autohidrólisis, dando lugar a porcentajes de inhibición relativa del crecimiento que algunos casos superaron el 50% y presentando el mayor espectro de acción. No se observaron alteraciones fisiológicas de interés (como fomento de estructuras de resistencia o disminución de la esporulación) aunque sí micelio más laxo.

En conclusión, la búsqueda de sustancias con capacidad fungicida a partir de subproductos o biomásas residuales (consecuencia de la actividad agraria o industrial) podría tener el potencial suficiente para ser una pieza clave en el control integrado de patógenos, prolongando además la vida útil de dichos materiales, revalorizándolos para obtener productos de alto valor añadido.



Búsqueda de genes candidatos de resistencia a *Venturia oleaginea* en olivo

Cristina Estudillo^{1,2}, María I. Márquez¹, Conchi M. Díez¹, Juan Moral ^{1*} y José V. Die^{2*}

¹AGR-157 Recursos Genéticos y Mejora del Olivo, Dpto. de Agronomía, Universidad de Córdoba, Edif. C4.

²AGR-114 Mejora Genética Vegetal, Dpto. de Genética, Universidad de Córdoba, Edif. C5.

*Cosupervisado: juan.moral@uco.es y z42diraj@uco.es

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN:

El género fúngico *Venturia* está constituido por especies hemibiótrofas altamente especializadas en su huésped que causa enfermedades como el Repilo del olivo, *V. oleaginea* o la Roña del manzano, *V. inaequalis*. Uno de los métodos de control más importantes de la Roña del manzano es el uso de variedades resistentes, pero ha sido poco desarrollado en el caso del Repilo.

En el manzano se han identificado 20 genes mayores de resistencia a *V. inaequalis* denominados Rvi. En este estudio realizamos una búsqueda de genes homólogos a los Rvi en olivo, estudiando, a su vez, su organización estructural y funcional.

Usando la secuencia de referencia del genoma de manzano (ASM211411v1), hemos identificado las regiones genómicas y/o QTL asociadas en la literatura con la resistencia, como el Rvi1 de 170 kb en el cromosoma 12, Rvi3 con 3 Mbp en el cromosoma 4 y Rvi5 de 240 kb en el cromosoma 17. La secuencia nucleotídica de los genes que contiene cada QTL se ha generado mediante un script en R. Después, hemos hecho una selección de genes basándonos en su anotación y a continuación hemos traducido sus secuencias a aminoácidos. Mediante búsquedas BLASTP hemos identificado las secuencias homólogas de los genes candidatos en el genoma del olivo (Cnag: Oe9), identificando la localización física sobre sus cromosomas. Por último, con los genes candidatos haremos una anotación funcional basada en términos de ontología génica (GO) asociados a cada secuencia, un análisis de enriquecimiento génico y, finalmente, de expresión mediante PCR cuantitativa en tiempo-real.



Screening primario de la microbiota fúngica endófitas de *Bethencourtia palmensis* y su aplicación en protección vegetal

Jorge Rojas López-Menchero¹, Juan Imperial², Maria Fe Andres¹, Carmen E. Díaz³, Azucena González-Coloma¹.

(1) Instituto de Ciencias Agrarias, CSIC, Serrano 115 bis. 28006 Madrid

(2) CBGP-INIA, CSIC-UPM. Campus de Montegancedo, Autopista M-40, km 38, 28223 Pozuelo de Alarcón, Madrid.

(3) Instituto de Productos Naturales y Agrobiología, CSIC, Avda. Astrofísico F. Sánchez, 3, 38206 La Laguna, Tenerife

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

La microbiota fúngica endófitas de las plantas es considerada uno de los mayores reservorios de biocompuestos con una potencial aplicación en medicina o agricultura. En un estudio previo se aislaron y caracterizaron diversos compuestos bioactivos a partir de un hongo aislado de *Bethencourtia palmensis* (especie endémica de la laurisilva canaria) en la isla de Tenerife. Por ello, como parte de nuestro proyecto relacionado con la biodiversidad y producción de metabolitos activos de los hongos endófitas aislados de *B. palmensis*, se ha realizado un nuevo aislamiento de endófitas de una población localizada en la isla de La Palma, con el objetivo de comparar su biodiversidad de hongos endófitas con la de la población de Tenerife y estudiar el potencial de sus biocompuestos frente a fitopatógenos diana.

De este nuevo aislamiento, se obtuvieron 50 cepas de hongos, que se cultivaron en medio PDB durante 21 días. Al cabo de ese tiempo se realizó una extracción líquido-líquido con acetato con el fin de separar los metabolitos producidos por el hongo en el medio de cultivo para obtener sus microextractos, los cuales se ensayaron in vitro contra el nematodo fitoparásito *Meloidoyne javanica* y contra el hongo *Botrytis cinerea*, con el fin de seleccionar cepas candidatas adecuadas para la producción de bioplaguicidas basados en productos naturales.

Un total de 25 de las 50 cepas totales fueron activas frente al menos uno de los fitopatógenos de las dianas ensayadas. El análisis metabolómico de los extractos activos permitirá determinar la relación estructura-actividad.



Comparative metabolite signature of phloem sap of citrus genotypes with different levels of resistance to *Candidatus Liberibacter asiaticus*

M.C. Herranz¹, J.A. Navarro¹, A. Locascio², P. Manzanares², M. Gandía², J.F. Marcos², B. Alquerzar¹, L. Peña¹, V. Pallás¹.

¹ Department of Food Biotechnology, Instituto de Agroquímica y Tecnología de Alimentos (IATA), Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), Avda Agustín Escardino 7, 46980 Paterna, Valencia, Spain.

² Department of Plant Molecular Virology, Instituto de Biología Molecular y Celular de Plantas (IBMCP), Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), Av. De los Naranjos s/n Ed. 8E CPI, 46020, Valencia, Spain.

* Corresponding author: Mari Carmen Herranz Gordo (cherranz@ibmcp.upv.es); Vicente Pallás Benet (vpallas@ibmcp.upv.es)

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

ABSTRACT

Bacterial diseases of plants are usually very challenging to control causing huge losses in crop production and quality. The citriculture is threatened by the emerging disease Huanglongbing (HLB), commonly known as “citrus greening”, currently considered the most ravaging citrus disease due to its rapid dispersal, severity, and fast progression. HLB is associated with at least three known species of uncultured alpha-proteobacteria of the genus *Candidatus Liberibacter* vectored by psyllids into the phloem-cells. Currently, efforts are focused on searching for either curative treatments or resistant cultivars which may afford long-lasting solutions to mitigate the harmful effects caused by this devastating disease.

Omics-based approaches are a powerful tool to understand *Citrus* response to the pathogen and perform comparative analyses on profiling among *Citrus* cultivars with different levels of resistance to HLB. In particular, metabolomics has been widely utilized to unravel the mechanisms supporting this resistance. Herein, we have selected nine Citrinae genotypes previously classified according to their level of resistance to carry out a metabolomic comparative analysis. Concerning the amino acid profiles, our data showed that the content of lysine was significantly increased in the susceptible cultivars. Remarkably, research on the catabolism of this amino acid has been focused lately on tolerance to biotic and abiotic stresses. In the present study, the expression of different genes involved in lysine catabolic routes has been analyzed by qPCR. Our findings and the potential implication of these pathways in the cultivar resistance to the disease will be discussed.



Caracterización de las respuestas de defensa de *Solanum lycopersicum* al biocontrol con nuevos bacteriófagos líticos de *Ralstonia solanacearum*

L. Scalschi ^{1,2}, A. Figàs-Segura ¹, L. Gadea-Pallás ¹, B. Álvarez ^{1,3}, B. Vicedo ², E. G. Biosca ¹

¹ Departamento de Microbiología y Ecología. Facultad de Ciencias Biológicas. Universitat de València. Valencia, España.

² Departament de Biologia, Bioquímica i Ciències Naturals, Universitat Jaume I. Castelló. España.

³ Departamento de Investigación Aplicada y Extensión Agraria. Instituto Madrileño de Investigación y Desarrollo Rural, Agrario y Alimentario (IMIDRA). Madrid, España.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

La marchitez bacteriana causada por *Ralstonia solanacearum* es una enfermedad devastadora responsable de graves pérdidas económicas en cultivos básicos en todo el mundo. Los métodos de control agroquímicos tienen una eficacia variable y un alto impacto ambiental, siendo necesarias estrategias de control innovadoras, ecológicas y seguras. Recientemente hemos patentado el uso de tres nuevos bacteriófagos (fagos) líticos de *R. solanacearum* para el biocontrol de la marchitez bacteriana en agua medioambiental y en planta. Sin embargo, se desconoce la respuesta de la planta al sistema patógeno-fagos. En este trabajo, se han analizado las respuestas de defensa de la planta al biocontrol con un cóctel de estos tres fagos mediante su aplicación en tallo. Los ensayos de biocontrol se realizaron en plantas de tomate del cultivar Roma mediante la coinoculación del patógeno y del cóctel de fagos en el tallo. Las respuestas de defensa de la planta al biocontrol se analizaron frente a las hormonas implicadas en las principales rutas de defensa (ácidos abscísico, salicílico y jasmónico) y dos compuestos fenólicos implicados en el sistema defensivo (ácidos cafeico y clorogénico). Los resultados han mostrado que el cóctel de fagos es responsable de reducciones significativas de la marchitez bacteriana en la planta de tomate y que esta utiliza diversas respuestas de defensa frente a *R. solanacearum*. Además, se ha demostrado por primera vez que el cóctel de fagos mejora la respuesta defensiva de la planta frente a este patógeno.

Proyecto RTA2015-00087-C02 financiado por MCIN/AEI/10.13039/501100011033, INIA y FEDER "Una manera de hacer Europa".



Control químico de chancros y muerte regresiva de ramas de aguacate causada por hongos de la familia Botryosphaeriaceae

Juan Manuel Arjona-López¹, Carlos Casanova Muñoz¹, Rodrigo Casado Salgado¹, Nieves Capote², Carlos José López-Herrera^{1*}

¹Departamento de Protección de Cultivos, Instituto de Agricultura Sostenible, Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), Alameda del Obispo s/n, 14004 Córdoba.

²Instituto Andaluz de Investigación y Formación Agraria, Pesquera, Alimentaria y de la Producción ecológica, Centro IFAPA Las Torres, ctra. Sevilla-Cazalla de la Sierra, km. 12,2, 41200, Alcalá del Río, Sevilla.

* Autor de correspondencia: lherrera@ias.csic.es

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Los chancros y muerte regresiva de ramas de aguacate es una enfermedad emergente reciente (2013) causada por diferentes géneros de hongos de la Familia Botryosphaeriaceae. Prospecciones de campo realizadas durante 5 años (2013- 2017), manifestaron incidencias de distintos patógenos tales como *Neofusicoccum parvum*, *N. australe*, *N. luteum*, *N. Mediterraneum* y *Lasiodiplodia teobromae*, presentando *N. parvum* la mayor incidencia en un rango del 50-70% de las muestras analizadas. Se han desarrollado ensayos de control químico *in vitro* de 16 fungicidas (contacto y sistémicos) sobre aislados de *N. parvum* y *luteum* en medio de cultivo PDA, procedentes de árboles de aguacate infectados. Los primeros datos indican que la especie *N. luteum* aparece más resistente a la acción de algunos fungicidas de contacto y sistémicos. Los fungicidas de contacto a base de cobre presentan las dosis letales del 50 (DL50) y 90 (DL90) más altas de inhibición del orden de 300 y 10.000 ppm, respectivamente. Los fungicidas sistémicos del grupo de los fosfonatos indican unas altas dosis de inhibición del orden de 3.000 a 5.000 ppm para DL50 y DL90 respectivamente. Actualmente se están ensayando *in vitro*, los fungicidas más efectivos resultantes sobre nuevos aislados de *Neofusicoccum*, incluyendo otros adicionales procedentes del cultivo de almendro. Posteriormente los fungicidas más efectivos se ensayarán para su control en plantas de aguacate bajo invernadero previamente inoculadas con los aislados del patógeno más virulentos, para determinar los fungicidas más efectivos a utilizar de forma preventiva y curativa en plantaciones comerciales de aguacate y almendro.



Efecto de las chalconas frente a hongos de la familia *Botryosphaeriaceae* causantes de chancros

Rafael Campos Figueras¹, Alejandro Calderón-Urrea^{2,3}, Glenda W. Polack³, Venu Polineni³, M^a Ángeles Romero Martín¹, M^a Esperanza Sánchez Hernández¹, M^a Socorro Serrano Moral¹

¹Departamento de Agronomía, Universidad de Córdoba, España; ²Department of Biology, California State University Fresno, EEUU; ³Telluris Envirotechnology LLC., Fresno, EEUU.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN:

El uso de chalconas o 1,3-difenil-2-propen-1-ona, compuestos de tipo aromático simple producidos de forma natural por las plantas o mediante síntesis, son una buena alternativa para controlar las enfermedades que afectan a los cultivos de forma respetuosa con el medio ambiente. En este trabajo se evaluó la efectividad de dos chalconas, Chalcona 17 y 30, individualmente y combinadas, para el control de *Botryosphaeria dothidea*, *Diplodia seriata* y *Neofusicoccum mediterraneum*, hongos causantes de chancros en especies leñosas. Mediante un experimento *in vitro* se determinó el efecto de estas chalconas frente al crecimiento micelial de tres aislados de cada especie en medio PDA con las chalconas (Chalcona 17, 30 y 17+30) a tres concentraciones distintas (10^{-4} , 10^{-5} y 10^{-6} M), más su correspondiente testigo. Ambas chalconas, individualmente y combinadas, a la dosis más alta fueron capaces de inhibir eficazmente el crecimiento micelial de todos los hongos, alcanzando porcentajes de inhibición superiores al 50%. Posteriormente, se evaluó su efecto preventivo frente al desarrollo de chancros mediante inoculación de ramas cortadas procedentes de almendro para los aislados de *B. dothidea* y *D. seriata* y pistacho para *N. mediterraneum*. Las ramas fueron previamente tratadas mediante pulverización con las chalconas individualmente y combinadas a 10^{-4} M. Aunque no se obtuvieron diferencias significativas entre el tamaño de las lesiones desarrolladas en las ramas tratadas y no tratadas, los buenos resultados obtenidos *in vitro* abren nuevas posibilidades para continuar con el estudio de las chalconas como potenciales productos de control.



A moderate level of hypovirulence conferred by a hypovirus in the avocado white root rot fungus, *Rosellinia necatrix*

Juan Manuel Arjona-López¹, Nieves Capote², Paul Telengech³, Nobuhiro Suzuki³, Carlos José López-Herrera^{1*}.

¹Departamento de Protección de Cultivos, Instituto de Agricultura Sostenible, Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), Alameda del Obispo s/n, 14004 Córdoba.

²Instituto Andaluz de Investigación y Formación Agraria, Pesquera, Alimentaria y de la Producción ecológica, Centro IFAPA Las Torres, ctra. Sevilla-Cazalla de la Sierra, km. 12,2, 41200, Alcalá del Río, Sevilla.

³Institute of Plant Science and Resources, Okayama University, Chuo 2-20-1, Kurashiki, 710-0046, Japan.

* Autor de correspondencia: lherrera@ias.csic.es

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Avocado is mainly grown in the southern coastal area of Spain, where avocado white root rot, caused by the soil borne fungi *Rosellinia necatrix*, is one of the most important diseases. Two isolates of *R. necatrix* (Rn118-8 and Rn480) have previously obtained from diseased avocado trees in commercial orchards located in the producing area of Malaga. In the previous SEF congress of 2018, Rn118-8 and Rn480 were described with weak virulence on avocado plants, and both are infected by *Rosellinia necatrix* hypovirus 2 (RnHV2). In this work, the possible biological effects of the hypovirus on *R. necatrix* were tested. First, RnHV2 was transmitted from each of Rn118-8 and Rn480 to a highly virulent and RnHV2-free isolate of *R. necatrix* (Rn400) through hyphal anastomosis, using zinc compounds which attenuate the mycelial incompatibility reactions and allow for horizontal virus transfer between vegetatively incompatible fungal strains. Next, we carried out a virulence test of these newly infected strains in avocado plants. We obtained five strains of Rn400 infected by RnHV2 after horizontal transmission, and some of them showed lower virulence on avocado plants compared with virus free Rn400. These results suggest that *R. necatrix* isolates infected by RnHV2 could be used as novel virocontrol agents to combat avocado white root rot.



Efecto de tres residuos obtenidos en el proceso de extracción de aceite de *Camellia* spp. frente a *Gnomoniopsis smithogilvyi*

María Fraga Meizoso¹, Olga Aguín Casal², Carmen Salinero Corral², Pilar Vela Fernández², María López Burgos¹, Pilar Piñón Esteban², José Pedro Mansilla Vázquez²

¹ Fauna Útil S.L., 36730 Tomiño, Pontevedra.

² Estación Fitopatológica Areeiro, Deputación de Pontevedra, 36153 Pontevedra.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN:

Gnomoniopsis smithogilvyi, es un patógeno emergente, detectado en el año 2021 en Galicia, causando pudrición en frutos de castaño, y reduciendo de forma significativa la producción de este cultivo. En la actualidad no existe ningún tratamiento efectivo para su control. Por otro lado, la camelia es una planta muy apreciada por su uso ornamental y por las numerosas propiedades del aceite extraído de sus semillas mediante prensado en frío, muy utilizado en cocina, cosmética, medicina e industria. A partir de los residuos obtenidos mediante este proceso, se obtienen extractos ricos en saponinas que, según diversos estudios, muestran actividad antibiótica y antifúngica frente a diferentes patógenos vegetales. El objetivo del presente trabajo fue evaluar el efecto de tres residuos, obtenidos durante el proceso de prensado en frío de semillas de *Camellia* spp. como agentes de control biológico frente a *Gnomoniopsis smithogilvyi*. Para cada residuo (CJ, AC y DE) se evaluaron *in vitro* 5 concentraciones (0,5%, 1%, 3%, 5% y 10% w/v) con 15 repeticiones por concentración frente a un aislado de *G. smithogilvyi* obtenido de castañas afectadas. Se calculó el porcentaje de inhibición del crecimiento radial (IRG) del hongo para cada residuo y en cada concentración. Los residuos AC y DE mostraron una capacidad inhibitoria superior al 95% a las concentraciones más bajas, siendo del 100% a partir de concentraciones superiores al 3% (w/v). Los resultados obtenidos indican que los residuos AC y DE podrían ser una alternativa de control para esta enfermedad, aunque es necesario continuar con los estudios.

Palabras clave: Control biológico, extracto de *Camellia*, *Gnomoniopsis smithogilvyi*, valoración de residuos.



Coinfection of *Rosellinia necatrix* by a partitivirus and a virga-like virus is associated with hypovirulence

Juan Manuel Arjona-López¹, Nieves Capote², Paul Telengech³, Nobuhiro Suzuki³, Carlos José López-Herrera^{1*}.

¹Departamento de Protección de Cultivos, Instituto de Agricultura Sostenible, Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), Alameda del Obispo s/n, 14004 Córdoba.

²Instituto Andaluz de Investigación y Formación Agraria, Pesquera, Alimentaria y de la Producción ecológica, Centro IFAPA Las Torres, ctra. Sevilla-Cazalla de la Sierra, km. 12,2, 41200, Alcalá del Río, Sevilla.

³Institute of Plant Science and Resources, Okayama University, Chuo 2-20-1, Kurashiki, 710-0046, Japan.

* Autor de correspondencia: lherrera@ias.csic.es

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Spain is the first avocado producing country in European Union. *Rosellinia necatrix* is a soil-borne ascomycete and the causal agent of avocado white root rot, one of the most relevant diseases in the main producing areas of Spain (Malaga and Granada). Several *R. necatrix* isolates, obtained from commercial orchards of Malaga, have previously been screened for viruses. Among them is isolate Rn459 that has been shown to be infected by at least three viruses such as *Rosellinia necatrix* partitivirus 10 (RnPV10), *Rosellinia necatrix* hypovirus 2 (RnHV2), *Rosellinia necatrix* fusagravirus 1 (RnFGV1), and *Rosellinia necatrix* virga-like virus (RnVLV). Here, we attempted to eliminate the viruses by hyphal tip cultures to examine their virulence effect on avocado plants. Hyphal tips were cut under a microscope inside the laminar flow cabinet and transferred to PDA Petri plates. One obtained fungal strain termed, Rn459_PV10F/VLVF, which was confirmed to be cured of RnPV10 and RnVLV by RT-PCR, displayed lower virulence on avocado plants of this Rn459_PV10F/VLVF strain was higher than the original Rn459 strain. These combined results suggest that RnPV10 and RnVLV, alone or together, contribute to confer hypovirulence on the *R. necatrix* isolates.



Manejo integrado de la podredumbre blanca radicular del aguacate mediante la combinación de aislados no patogénico de *Rosellinia necatrix* y el fungicida fluazinam

Juan Manuel Arjona-López¹, Nieves Capote², Carlos José López-Herrera^{1*}.

¹Departamento de Protección de Cultivos, Instituto de Agricultura Sostenible, Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), Alameda del Obispo s/n, 14004 Córdoba.

²Instituto Andaluz de Investigación y Formación Agraria, Pesquera, Alimentaria y de la Producción ecológica, Centro IFAPA Las Torres, ctra. Sevilla-Cazalla de la Sierra, km. 12,2, 41200, Alcalá del Río, Sevilla.

* Autor de correspondencia: lherrera@ias.csic.es

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

La podredumbre blanca radicular del aguacate (Málaga y Granada) está causada por el ascomiceto de suelo *Rosellinia necatrix*. Bajo condiciones *in vitro*, se comparó el crecimiento de un aislado patogénico de *R. necatrix* (Rn400) en placas Petri con PDA bajo los tratamientos combinados de cada aislado no patogénico de *R. necatrix* (Rn12 y Rn29) junto con cada dosis de fungicida Fluazinam 50% (0; 0,01; 0,05; 0,1 y 0,5 mg l⁻¹). *In vivo*, se utilizaron plantas de aguacates de 5 meses de edad y se aplicaron un total de 12 tratamientos. Todos los tratamientos se inocularon con Rn400, excepto los controles: plantas sin inocular, plantas inoculadas sólo con Rn12 ó sólo con Rn29. Se emplearon dos dosis del fungicida (0,01% y 0,001%), cada una de ellas se aplicó a plantas inoculadas con Rn400 y en combinación con cada uno de los aislados no patogénicos. La aplicación de cada uno de los aislados no patogénicos redujeron significativamente el crecimiento micelial de Rn400. Además, la combinación con 0,01 mg l⁻¹ de fluazinam redujo el crecimiento de Rn400 de forma significativa. En plantas de aguacate, la combinación de 0,001% y Rn12 redujeron significativamente la incidencia de la enfermedad comparado, con el tratamiento control Rn400, con la aplicación de sólo esta dosis o aplicación de sólo Rn12, e incluso mostró una respuesta similar a plantas tratadas con la dosis 0,01% del fungicida. De esta forma, se ha obtenido de forma efectiva un nuevo método de control integrado contra la podredumbre blanca radicular del aguacate.



Efectos de seis especies de *Trichoderma* como limitantes del crecimiento lineal de cuatro aislados de *Fusarium solani* patogénicos en fresa

Carlos Arenas, Carlos Casanova Muñoz, José María Melero Vara, Carlos José López Herrera*
Departamento de Protección de Cultivos, Instituto de Agricultura Sostenible, Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), Alameda del Obispo s/n, 14004 Córdoba. * Autor de correspondencia: lherrera@ias.csic.es

TIPO DE PRESENTACIÓN: **Póster**

RESUMEN

Se ha realizado *in vitro* un estudio de biocontrol con aislados de *Trichoderma* spp. recuperados de suelo, plantas de fresa y de aguacate, para confirmar los posibles mecanismos involucrados y el potencial control de la Podredumbre de Raíz y Corona de la Fresa causada por *Fusarium solani*. La identificación de los aislados de *Trichoderma*, se realizó mediante amplificación y secuenciación de la región ITS4 y ITS5, obteniendo la identificación de 14 aislados de *T. asperellum*, 5 de *T. atroviride*, 1 de *T. cerinum*, 1 de *T. gamsii*, 8 de *T. harzianum* y 1 de *T. virens* como posibles agentes de biocontrol. Se realizaron cultivos duales (CD) *in vitro* en PDA y sobre discos de celofán estéril (DCE) con los aislados de *Trichoderma* y cuatro aislados de *F. solani* patogénicos en planta de fresa (FS393, FS614, FS725, FSABG). *T. harzianum* formó un halo de inhibición frente al crecimiento en CD con aislados de *F. solani*, pero no redujo el crecimiento del mismo en el ensayo con DCE. *T. virens* y *T. asperellum* redujeron el crecimiento de los *F. solani* en DCE y limitaron el crecimiento del patógeno. Destacaron reduciendo el crecimiento lineal de los aislados de los *F. solani*: 7 aislados de *T. asperellum*, 3 de *T. harzianum*, 1 de *T. atroviride* y 1 de *T. virens*.



Obtención y caracterización de bacteriófagos de *Erwinia amylovora* de ambientes mediterráneos con potencial de biocontrol

À. Figàs-Segura¹, J. F. Català-Senent¹, P. Moreno¹, M. Orero¹, J.J. González-López¹, E. G. Biosca¹

¹ Departamento de Microbiología y Ecología. Facultad de Ciencias Biológicas. Universitat de València. Valencia, España.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

El fuego bacteriano de las rosáceas, causado por *Erwinia amylovora*, es una enfermedad de difícil control debido a la gran capacidad de diseminación y supervivencia de esta bacteria y a la falta de métodos eficaces de control. Los bacteriófagos (fagos) pueden ser una opción de tratamiento alternativo ecológico y sostenible para el control de *E. amylovora*. En este estudio, se han aislado y caracterizado fagos activos frente a *E. amylovora* de ambientes mediterráneos con potencial en biocontrol. El aislamiento de los fagos se realizó a partir de muestras de material vegetal, de suelo y de agua de parcelas con presencia del patógeno. Como resultado se generó una colección de fagos con actividad lítica frente a cepas españolas y de referencia de *E. amylovora*. La caracterización de los fagos se inició determinando su rango de huéspedes, especificidad y capacidad de control del patógeno *in vitro* y *ex vivo*. Una selección de ellos fue capaz de infectar y lisar específicamente las células de *E. amylovora*, reduciendo significativamente sus poblaciones *in vitro*. Los ensayos *ex vivo* en frutos inmaduros revelaron que la aplicación de algunos de los fagos o sus combinaciones retrasó la aparición de síntomas de fuego bacteriano y redujo la severidad, sugiriendo su potencial de biocontrol. La caracterización morfológica y molecular de los fagos seleccionados de *E. amylovora* permitió clasificarlos como miembros de la familia *Myoviridae*. Estos resultados abren nuevas perspectivas para el control biológico del fuego bacteriano.

Proyecto RTA2015-00087-C02 financiado por MCIN/AEI/10.13039/501100011033, INIA y FEDER "Una manera de hacer Europa".



Evaluación de tratamientos fungicidas para el control de la antracnosis del almendro

María Lovera¹, Octavio Arquero¹, Luis F. Roca², Ana López-Moral², M^a Carmen Raya², Carlos Agustí-Brisach², Antonio Trapero²

¹Departamento de Fruticultura Mediterránea, IFAPA, Alameda del Obispo s/n, 14004 Córdoba

²Grupo Patología Agroforestal AGR-216, Departamento de Agronomía, Unidad de Excelencia María de Maeztu 2020-23, ETSIAM, Universidad de Córdoba, Campus de Rabanales, Edif. C4, 14071 Córdoba

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

El almendro en los últimos años ha tenido una gran expansión hacia zonas no tradicionales que presentan mejores condiciones de suelo y clima, y en régimen de riego. Ello ha propiciado la emergencia de algunas enfermedades, siendo la antracnosis, causada por *Colletotrichum* spp., una de las que mayor incidencia y severidad presenta. El objetivo de este trabajo fue evaluar varios fungicidas y momentos de aplicación por su eficacia para el control de esta enfermedad. Para ello, durante los años 2015, 2016, 2017 y 2018 se plantearon ensayos en plantaciones comerciales situadas en cuatro zonas de Andalucía. Se han evaluado productos cúpricos, protectores orgánicos y sistémicos, previamente seleccionados por su eficacia en el laboratorio. El diseño experimental fue en bloques al azar con cuatro bloques de 4-10 árboles por bloque y tratamiento. La aplicación de los productos se realizó con atomizador y los momentos de tratamiento se determinaron en función de las condiciones climáticas y estados fenológicos del cultivo. Se ha evaluado la incidencia de frutos y ramas afectadas, así como diversos parámetros agronómicos. En general, los fungicidas sistémicos, y especialmente del grupo de los triazoles, se han mostrado más eficaces que los fungicidas protectores, aunque hubo excepciones. La floración ha resultado ser un periodo crítico para el control de la enfermedad. Asimismo, se ha demostrado un efecto significativo de la aplicación de cobre a la caída de la hoja y se ha puesto de manifiesto una correlación negativa significativa entre la incidencia de antracnosis y la cosecha.

Palabras Clave: *Colletotrichum*, control químico, fungicidas, *Prunus dulcis*



Diversidad en la resistencia varietal a la mancha ocre y al cribado del almendro

María Lovera¹, Octavio Arquero¹, Ana López-Moral², Francisca Luque², María Dolores Ruiz-Prados², Carlos Agustí-Brisach², Antonio Trapero²

¹Departamento de Fruticultura Mediterránea, IFAPA, Alameda del Obispo s/n, 14004 Córdoba.

²Grupo Patología Agroforestal AGR-216, Departamento de Agronomía, Unidad de Excelencia María de Maeztu 2020-23, ETSIAM, Universidad de Córdoba, Campus de Rabanales, Edif. C4, 14071 Córdoba.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

La mancha ocre, causada por el ascomiceto *Polystigma amygdalinum* (Sordariomycetes, Phyllostictales), y el cribado, debido a *Wilsonomyces carpophilus* (Dothideomycetes, Pleosporales), son dos de las enfermedades más frecuentes e importantes del almendro en España. La alta incidencia y prevalencia de estas enfermedades puede ser debida a la elevada susceptibilidad de los cultivares que se utilizan en las nuevas plantaciones y a la escasa eficacia de las medidas de control utilizadas. En la red de ensayos de variedades de almendro establecida por el IFAPA de Córdoba en Andalucía, se han detectado en los últimos años graves ataques de estas dos enfermedades en varios campos. Ello ha permitido caracterizar la susceptibilidad/resistencia de los nuevos cultivares procedentes de los programas de mejora, para lo que se ha determinado la incidencia y severidad de las lesiones foliares y la producción de inóculo en dichas lesiones. En general, existió una correlación negativa significativa entre la susceptibilidad a las dos enfermedades, siendo las variedades Diamar, Vairo y Vialfás las más resistentes a la mancha ocre y las más susceptibles al cribado; mientras que lo contrario ocurrió con las variedades Guara, Penta y Marinada, que resultaron las más resistentes al cribado y altamente susceptibles a la mancha ocre.

Palabras Clave: *Polystigma amygdalinum*, resistencia varietal, *Prunus dulcis*, *Wilsonomyces carpophilus*



Evaluación *in vitro* de dos compost en forma de té de compost para el control de patógenos fúngicos

Soraya Arín Pérez¹, Esther Sanz González¹, Berta Gil Pérez², M^a Cruz García González², David Ruano Rosa¹.

¹Unidad de Cultivos Leñosos y Hortícolas Área de Investigación Agrícola; Instituto Tecnológico Agrario de Castilla y León.

²Unidad de Tecnologías Ambientales Aplicadas al Sector Agroindustrial; Instituto Tecnológico Agrario de Castilla y León.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

La economía europea es casi lineal, donde la mayor parte de los recursos se pierden durante su procesado y/o consumo como desechos. Es por ello que, en los últimos años, se busca un desarrollo más sostenible a través del fomento de la *Economía Circular*. El compostaje es una alternativa muy interesante, donde el compost y derivados como el té de compost (TdC) permiten reincorporar estos recursos desaprovechados y valorizarlos.

Este trabajo evaluó *in vitro* la capacidad antifúngica de varios TdC aireados con diferentes días de «infusión» (2-4-7-14), con y sin esterilización, obtenidos a partir de 2 compost (A y B). Se calculó el porcentaje de inhibición relativa (%IRC), y se evaluó la microbiota cultivable para cada TdC.

Los TdC de 2 días esterilizados mostraron mayor homogeneidad y espectro de acción, aunque sus %IRC no superaron el 20%. El mayor porcentaje fue para el TdC_B de 14 días, llegando al 30%. Sin embargo, algunas elaboraciones dieron lugar al incremento del crecimiento de algún patógeno. Su aplicación sin filtrar evitó el desarrollo de aquellos patógenos con tasa de crecimiento moderada/baja, ya que la microbiota existente competía por el espacio de forma eficiente. En este caso, a mayor tiempo de «infusión», mayor presencia de hongos e inhibición por competencia.

En conclusión, el uso del TdC como alternativa para el control de patógenos podría servir de complemento en las estrategias de control integrado, donde un aspecto fundamental podría venir de la mano de la competencia que la microbiota presente ejerce frente a dichos patógenos.



Detección, identificación y control de la podredumbre acida de la manzana causada por *Colletotrichum chrysophilum*

Jordi Cabrefiga, Alba Basacoma, Maria Victoria Salomon, Pere Vilardell, Jordi Luque
Patología, Protección Vegetal Sostenible, IRTA

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Durante la última década, se han descrito en Europa nuevas especies dentro de los complejos *Colletotrichum acutatum* y *C. gloeosporioides* causantes de afectaciones severas de podredumbre acida en manzana y también de defoliaciones drásticas en manzano. Las primeras referencias fueron en Italia en 2012, y posteriormente se han descrito en otros países europeos como Francia, Reino Unido, Bélgica y Eslovenia. En España, la primera detección fue en septiembre de 2020, concretamente en Gualta (Cataluña), y al año siguiente ya se reportaron daños significativos en un número elevado de fincas de Golden, Pink lady y Joya repartidas por toda la zona del Empordà. A partir de frutos infectados procedentes de este primer foco de 2020, se obtuvieron un total de 21 aislados que se identificaron como *C. chrysophilum* mediante la secuenciación de varios genes y posterior análisis filogenético, siendo la primera referencia en Europa de esta especie. Todas las cepas se mostraron patogénicas, utilizando tanto esporas sexuales como asexuales, aunque la infectividad fue mayor con las esporas sexuales. También se observó que la temperatura óptima de crecimiento era entre 27 y 28°C, hecho que explica que las infecciones aparezcan en condiciones de alta temperatura y humedad, condiciones típicas de climas tropicales pero cada vez más frecuentes en esta región. Finalmente, las cepas se mostraron sensibles a la ditianona, al fludioxonil y al captan combinado con fosfonato potásico, tanto en placa como en frutos, lo que abre la posibilidad de diseñar una estrategia fitosanitaria para su control.



Caracterización genética de *Cryphonectria parasitica* y sus micovirus asociados en Cantabria

Farooq Ahmad¹ y Julio J. Diez¹

¹University of Valladolid

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

El castaño europeo (*Castanea sativa*) es un árbol forestal de importancia económica, que se cultiva principalmente en los bosques mediterráneos, incluyendo España. El árbol está amenazado por un hongo, *Cryphonectria parasitica*, que causa el chancro del castaño. La forma más eficaz de controlar *C. parasitica* es aplicando el biocontrol a través de un hiperparásito, el *Cryphonectria hypovirus 1* (CHV-1). El virus aprovecha la anastomosis hifal del hongo para propagarse en las poblaciones del huésped. Sin embargo, el sistema de no auto-reconocimiento del hongo le limita a fusionarse con otras cepas que pertenecen a diferentes tipos de compatibilidad vegetativa (VC), lo que conduce a una baja o nula propagación del virus. Por lo tanto, es esencial conocer los tipos de VC presentes en una zona para aplicar con éxito las medidas de biocontrol en una región. Por lo tanto, el presente estudio tuvo como objetivo estudiar las poblaciones de *C. parasitica* en Cantabria, hasta ahora inexplorada, y estudiar los diferentes tipos de VC presentes en la región. El otro objetivo del estudio era estudiar la presencia de CHV-1 en la región y encontrar micovirus adicionales que pudieran estar presentes en la región. Los resultados preliminares han mostrado un alto grado de variabilidad de los hongos aislados. Este estudio permitiría el potencial control biológico de una enfermedad devastadora y evitaría pérdidas económicas y ecológicas en la región.



Uso de productos de mico-control naturales y hongos endófitos para la reducción de la presencia de patógenos en ecosistemas forestales

Alvaro Benito¹, Wilson Acosta¹ y Julio J. Díez¹

¹University of Valladolid

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Los bosques mediterráneos se ven afectados por estreses bióticos, incluyendo una variedad de patógenos capaces de debilitar y reducir poblaciones de especies forestales. Una combinación de estreses bióticos y abióticos puede debilitar los árboles afectando así la salud de todo el ecosistema forestal. En nuestro marco de trabajo nos interesa proveer pruebas del concepto del uso de productos de mico-control naturales a partir de especies de hongos endófitos para reducir la presencia de patógenos en ecosistemas forestales, por lo que nuestros objetivos incluyen la identificación de hongos endófitos que puedan servir de agentes de bio-control frente a insectos u otros hongos, así como la descripción de la diversidad en los ecosistemas. Para lograr nuestros objetivos, cuatro localidades fueron seleccionadas en distintas áreas de la región de Salamanca. En cada localidad la especie forestal predominante fue distinta: *Quercus ilex*, *Quercus pyrenaica*, *Quercus suber* y *Castanea sativa*. En estas cuatro localidades, madera, ramas, corteza y hojas fueron muestreadas de 5 árboles sanos y 5 árboles enfermos. Utilizando estas muestras se llevó a cabo un análisis de metabarcoding para caracterizar las poblaciones fúngicas presentes en el área. A su vez, las muestras se cultivaron en placas Petri para aislar la mayor cantidad de hongos nativos posible. La identificación de hongos endófitos de bio-control que puedan reducir la población de hongos o insectos patógenos puede proveer una herramienta útil para el manejo sostenible de los bosques mediterráneos.



Biocontrol of the phytopathogenic nematode *Meloidogyne* spp. in *Solanum lycopersicum* with Rhizobacteria from *Bacillus* spp.

F.E. Díaz-Manzano^{1*}, D.X. Amora², A. Martínez-Gómez¹, J. Almeida², T. Oliveira², L. Moelbak² and C. Escobar¹

¹Área de Fisiología Vegetal, Facultad de Ciencias Ambientales y Bioquímica, Universidad de Castilla-La Mancha, Avenida de Carlos III, 21, 45004, Toledo, Spain.

²CHR Hansen Holding A/S, Boege Alle, 10, 2970, Hoersholm, Denmark.

*Correspondence: Carolina.Escobar@uclm.es

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Nematodes are multicellular microorganisms that are widespread in most ecosystems and habitats on planet Earth. The genus *Meloidogyne*, root-knot nematodes (RKNs), is the most abundant and damaging to crops; particularly at Mediterranean areas *Meloidogyne incognita*, *Meloidogyne javanica* and *Meloidogyne arenaria*. They are obligate plant parasites that constitute a major pest for agriculture worldwide. RKNs penetrate the plant roots, forming feeding sites called galls, where they induce 6-8 giant cells from which they feed till life cycle completion. Therefore, reducing the availability of water and nutrients for the plant growth and causing a significant impact on crop yield (Escobar et al., 2015).

One alternative on focus now for nematode management is the biological control. Among, the bacteria know to be efficient for the control of *Meloidogyne* spp., Rhizobacteria within the *Bacillus* genus, such as *B. subtilis* has shown a great potential for RKNs control (Ahmad et al., 2021). In this context, we evaluated the combination of two strains (*B. subtilis* and *B. licheniformis*) on reducing nematode infestation in plants while allowing an adequate plant growth in tomato. We also started to explore their mode of action in different infection stages of *Meloidogyne* spp. parasitism. The combination of both bacteria strains showed nematocidal properties in *Meloidogyne javanica* J2 larvae, interfering also with hatching, gall formation, and nematodes development during *Meloidogyne-Solanum lycopersicum* interaction. Our results have shown an effective control of *M. javanica* *in vitro* and *in soil* containers.

Financiación:

This work was supported by the Spanish Government (PID2019-105924RB-I00 MCIN/ AEI /10.13039/501100011033 and RED2018-102407-T) and by the Castilla- La Mancha Government (SBPLY/17/180501/000287; SBPLY/21/180501/000033).



Biochar as a potential alternative for the management of *Meloidogyne javanica*

Ángela Martínez-Gómez¹, María Fe Andrés², Fernando E. Díaz-Manzano¹, Ángel Barón-Sola³, Luis E. Hernández³, Ismael F. Mena⁴, Elena Díaz⁴ and Carolina Escobar¹

¹ Facultad de Ciencias Ambientales y Bioquímica, Universidad de Castilla-La Mancha, Toledo, Spain ² Departamento de Protección Vegetal, Instituto Ciencias Agrarias CSIC, Madrid, Spain ³ Departamento de Biología, Universidad Autónoma de Madrid, Madrid, Spain ⁴ Departamento de Ingeniería Química, Universidad Autónoma de Madrid, Madrid, Spain

Correspondence: Carolina.Escobar@uclm.es

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Root-knot nematodes (*Meloidogyne* spp.) are obligate parasites that need to establish inside the plant's roots to complete its life cycle, and represent a major threat to agriculture worldwide. Due to increasing restrictions on pesticide use, the development of alternative management strategies becomes essential. Biochar is a product derived from the pyrolysis of organic material, with the potential to improve plant growth and defence against pathogens.

We obtained two biochars (BC350, BC700), produced from the pyrolysis (at 350 and 700 °C) of residues from the wine industry (grape pomace). Both biochars presented higher concentrations of C and plant macro and micronutrients when compared to the raw material, as shown by ICP-MS. As biochar-derived water extracts have shown beneficial effects for plant growth, we assayed (*in vitro*) water extracts from BC350 and BC700 in tomato seedlings at different dilutions. The more concentrated dilutions showed phytotoxicity, as revealed by a reduced root length. Toxicity disappears at higher dilutions (1/10 for B350, 1/100 for B700). No significant effects of the biochar water-extract treatments evaluated *in vitro* during the tomato-*Meloidogyne javanica* interaction were observed. However, biochar-treated (0.75% BC350) soils significantly reduced the reproductive traits of the *M. javanica* population (a 42% reduction of the number of egg masses/plant and a 29% reduction of the number of eggs/plant) with respect to the untreated control in pot experiments. Future experiments will help to elucidate mechanism of action of biochar responsible for the control of root-knot nematodes.

This work was supported by the Spanish Government (PID2019-105924RB-I00 MCIN/ AEI /10.13039/501100011033 and RED2018-102407-T) and by the Castilla- La Mancha Government (SB-PLY/17/180501/000287; SBPLY/21/180501/000033). AMG was recipient of a PhD grant from Fundación Tatiana Pérez de Guzmán el Bueno.



Hacia el control del Huanglongbing (HLB) de cítricos: identificación de péptidos sintéticos y proteínas de cítricos con actividad *in vitro* frente a *Liberibacter crescens*

A. Locascio*, M. Carmen Herranz**, M. Gandía*, J. Antonio Navarro**, P. Manzanares*, V. Pallás**, J. F. Marcos*

* Departamento de Biotecnología de Alimentos, IATA-CSIC (), Paterna (Valencia)

** Grupo de Virología Molecular de Plantas, IBMCP-CSIC (), Valencia.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

El Huanglongbing (HLB) es una enfermedad de origen bacteriano conocida también como “dragón amarillo”. Es una de las enfermedades más destructivas de los cítricos, provocando desde una reducción considerable en la producción del fruto (60-100%) hasta la muerte del árbol. La bacteria asociada con la enfermedad es *Candidatus Liberibacter spp*, transmitida por los psílidos *Diaphorina citri* y *Trioza erytreae*.

Una alternativa prometedora para el control de microorganismos patógenos es el uso biotecnológico de péptidos y proteínas antimicrobianas (AMPs).

El objetivo principal de este trabajo es la identificación de AMPs frente a *Liberibacter crescens* (patógeno subrogado de *Candidatus Liberibacter asiaticus*). Inicialmente se han puesto a punto las condiciones de crecimiento *in vitro* de la bacteria, para poder determinar la actividad antibacteriana de los diferentes AMPs candidatos. Como péptido control se ha utilizado el MaSAMP2, cuya actividad anti-HLB se ha descrito previamente en la bibliografía. Se han analizado una serie de péptidos sintéticos PAF de nuestra colección y se han identificado tres posibles candidatos con actividad antibacteriana a concentraciones similares a MaSAMP2. Además, mediante análisis de homología se han identificado 5 defensinas y 2 lectinas en *Citrus sinensis*, como potenciales candidatos. El análisis de su actividad antibacteriana ha revelado que una de las defensinas y una de las lectinas inhiben el crecimiento *in vitro* de *L. crescens*. Finalmente, se presentará un estudio de caracterización de la actividad antibacteriana de los nuevos AMPs identificados.



Spray-induced gene silencing (SIGS) as an effective strategy to reduce *Fusarium* diseases impacts on agriculture and forestry

Huma Amin¹ | [Jonatan Niño Sánchez](#)¹ | Irene Bocos Asenjo¹ | Julio Javier Diez Casero¹

¹Department of Plant Production and Forest Resources, University of Valladolid, Spain. iuFOR- Sustainable Forest Management Research Institute, University of Valladolid-INIA, Spain. |

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Fusarium spp. is one of the most aggressive pathogens of crops, cereal, and forests worldwide, causing seedling, stem and floral diseases. *Fusarium* is a ubiquitous plant pathogen of global significance due to high socio-economic impacts. Injudicious use of chemicals to combat fusarium diseases does not only harm the environment but also leave residual effects on the crops for the future and induce fungicide-resistant pathogenic strains. RNA interference (RNAi) has emerged as an alternative eco-friendly technology for plant protection. RNAi offers specificity and efficacy to silence the genes at mRNA level. The Spray-induced Gene Silencing (SIGS) provides plant protection through the foliar application of double-stranded RNA (dsRNA: molecule that trigger specific RNAi) targeting fungal essential genes. Here, we targeted two essential fungal pathways (cell wall synthesis and vesicle trafficking) in *Fusarium graminearum* (causal agent of fusarium blight) and *Fusarium circinatum* (causal agent of pine pitch canker). For a quick effectivity test of our pool of dsRNA molecules that target different genes of the same essential fungal pathways, inoculation assays were conducted in spinach and/or Arabidopsis leaves. Then, we selected the dsRNA molecules with the best inhibition of fungal growth that causes weaker infection symptoms on the leaves to be use in SIGS on wheat and on *Pinus radiata* seedlings. The application of the selected dsRNA molecules resulted in the inhibition of both fungal pathogens growth in their hosts. Therefore, our data suggests that SIGS by external application of dsRNA is a potentially sustainable and environmentally friendly method for *Fusarium* disease management.



Valoración de las medidas de erradicación de *Ralstonia solanacearum* en la isla de Tenerife

Moisés Botella Guillén¹, Tomás Suárez Encinoso², Ana Alfaro Fernández³, Felipe Siverio de la Rosa^{1,4}.

¹ Sección de Laboratorio de Sanidad Vegetal. Consejería de Agricultura, Ganadería y Pesca del Gobierno de Canarias, San Cristóbal de La Laguna, Tenerife. ² Servicio Técnico de Agricultura y Desarrollo Rural del Cabildo Insular de Tenerife, Santa Cruz de Tenerife, Tenerife. ³ Instituto Agroforestal de Mediterráneo. Universitat Politècnica de València, Valencia. ⁴ Instituto Canario de Investigaciones Agrarias (ICIA), San Cristóbal de La Laguna, Tenerife

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

La bacteria *Ralstonia solanacearum*, causante de la podredumbre parda de la papa, se detectó en el noroeste de la isla de Tenerife en 2003. Se estableció un programa para determinar su distribución, impedir su propagación y llevar a cabo su erradicación durante cinco años. Para valorar el resultado de dichas medidas a largo plazo, los objetivos de este trabajo fueron: la inspección visual de las parcelas afectadas, la toma de muestras de tubérculos de papa y su análisis mediante técnicas moleculares. Además, se caracterizaron cinco aislados de la bacteria obtenidos en focos iniciales de la enfermedad en Canarias. Se localizaron las nueve parcelas agrícolas afectadas y se recogieron muestras de tubérculos de papa en siete de ellas y en dos no se encontraron solanáceas. Las muestras se procesaron siguiendo los protocolos establecidos para *R. solanacearum*, y se analizaron mediante PCR convencional y PCR en tiempo real. No se detectaron síntomas de enfermedad ni de bacteria en los tubérculos analizados. Dos de los cinco aislados crioconservados de la bacteria crecieron en medio de cultivo, mientras que los restantes no eran viables. Tres de los extractos permitieron la obtención de positivos mediante PCR convencional y cinco mediante PCR en tiempo real. Se obtuvieron también productos de amplificación mediante PCR con cebadores universales para 16S, que se secuenciaron. Las secuencias obtenidas presentaron 100% de identidad con cepas de referencia de *R. solanacearum*. Los resultados indican que las medidas que se aplicaron en su momento consiguieron erradicar la bacteria de las parcelas afectadas.



Aplicación de dos formulados comerciales a base de *Trichoderma* spp en heridas de poda como preventivos de enfermedades de madera de la vid

María Dolores Vela¹, Blanca García-García², Inmaculada Concepción Bernal¹, Laura Méndez-Grano de Oro², Enrico Cretazzo¹ y Laura Martín²

¹IFAPA Rancho de la Merced, Carretera Cañada de la Loba (CA-3102) PK. 3,1. 11471 Jerez de la Frontera (Cádiz)

²Centro de Investigaciones Científicas y Tecnológicas de Extremadura (CICYTEX). Área de Protección Vegetal. Instituto de Investigaciones Agrarias Finca La Orden-Valdesequera. Autovía A-5, km 372 - 06187 Guadajira, Badajoz

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Las enfermedades de la madera de la vid (EMV) son actualmente una gran preocupación para el sector vitivinícola mundial porque causan la muerte prematura de cepas, limitando los años de producción. Diversos estudios han demostrado que los cortes de poda son vías de entrada para los hongos patógenos asociados a EMV. El objetivo de este trabajo es conocer el efecto de la aplicación de agentes de biocontrol (ACB) sobre el patosistema EMV en viñedos productivos de Extremadura y Cádiz. Se han ensayado dos formulados comerciales a base de diferentes cepas del hongo *Trichoderma* como protectores de las heridas de poda. Los ensayos se han realizado en dos zonas vitivinícolas, Tierra de Barros y Marco de Jerez, durante dos campañas. En cada viñedo se han recogido muestras de madera de poda a los 30 y 90 días tras el tratamiento. El análisis microbiológico de la madera (n=20) para aislar e identificar hongos asociados a EMV y porcentajes de implantación de *Trichoderma* spp. mostró ausencia del ACB en los testigos no tratados. En general, los mayores porcentajes de implantación (70-80%) del ACB *Trichoderma* se han obtenido a los 30 días post-tratamiento y en el segundo año. Los resultados han sido variables entre zonas vitivinícolas, obteniéndose una implantación significativamente mayor en los viñedos extremeños ($62,75 \pm 8,02$) que en los del Marco de Jerez ($32,50 \pm 8,56$). Este trabajo arroja nueva información sobre la eficacia de estos tratamientos y la necesidad de realizar más ensayos combinados con diferentes condiciones de aplicación.

Palabras Clave:

Poda, cepas, Tierra de Barros, Marco de Jerez, heridas, agentes de biocontrol (ACB)



Evaluación de variedades resistentes a nematodos del quiste de la patata (*G. rostochiensis* y *G. pallida*) en la comarca de A Limia (Ourense)

José Carlos Barrio Carballo¹, Cristina Cabaleiro Sobrino², Lucio García Calvo¹

¹Centro Tecnológico da Carne, INGACAL.

²Escola Politécnica Superior de Enxeñaría, Campus Terra, Universidade de Santiago de Compostela, Lugo. Email: cristina.cabaleiro@usc.es

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Los “nematodos del quiste de la patata” (PCN) (*Globodera rostochiensis* (Wollenberger, 1923) y *G. Pallida* (Stone, 1973) son endoparásitos sedentarios y organismos de cuarentena (A2 EPPO) con normativa de control específica (Directiva 2007/33/CE; RD 920/2010). Ambas especies están presentes en A Limia (Ourense) causando daños económicos graves. Desde 2011 se han evaluado 60 variedades comerciales de patata; 10 mostraron suficiente resistencia como para recomendarlas en las rotaciones para reducir el riesgo de selección de razas que superen la resistencia. Con las dos con mejor adaptación a suelo, clima y mercado (Lady Anna y Alcander), se hicieron ensayos con cuatro repeticiones por variedad de 2018 a 2020 como testigos Agria, resistente a *G. rostochiensis* y Kennebec, sensible a ambas especies. Se tomaron muestras de suelo antes y después del cultivo; se extrajeron quistes (método Fenwick modificado) y se contaron huevos y juveniles (J2) en 100 g de suelo. El descenso medio de J2/100g fue del 58% en las parcelas de Alcander y 74% en las de Lady Anna; en los testigos el aumento J2 fue del 116% (Agria) y 168% (Kennebec). La producción bruta media de Alcander y Lady Anna fue de 62 y 54 t/ha frente a 34 y 18 t/ha de Agria y Kennebec, respectivamente. Los buenos datos de producción y la reducción de viabilidad de quistes en suelos infestados hacen de Alcander y Lady Anna buenas candidatas para el control de nematodos, reduciendo el nivel de infestación del suelo y obteniendo excelentes producciones.



Estrategias de control basadas en el uso de ARN: micovirus y ARN de interferencia, HIGS y SIGS. ¿Aplicable a *Phytophthora*?

Bocos-Asenjo, Irene T.¹, Niño-Sánchez, Jonatan ¹, Amin, Huma ¹ y Díez, Julio J. ¹

¹ Department of Plant Production and Forest Resources, University of Valladolid, Spain. iuFOR- Sustainable Forest Management Research Institute, University of Valladolid-INIA, Spain

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

El uso de agroquímicos para controlar enfermedades vegetales libera residuos nocivos y provoca la aparición de resistencias en los patógenos. En este contexto, la búsqueda de métodos de control sostenibles es apremiante en el escenario de cambio climático y globalización actual. El uso de estrategias basadas en ARN es una herramienta con gran potencial en este aspecto. Por un lado, los micovirus de ARN que causan hipovirulencia se han usado satisfactoriamente en el control de enfermedades, en concreto nuestro laboratorio ha desarrollado la aplicación de estirpes hipovirulentas de *Cryphonectria parasitica* para el control del chancro del castaño. Sin embargo, se necesitan más esfuerzos en investigar nuevos virus que causen hipovirulencia y su transmisión horizontal. En cuanto a estrategias basadas en ARN de interferencia, en la técnica HIGS (host-induced gene silencing), la planta hospedante (modificada genéticamente) envía moléculas pequeñas de RNA al patógeno para inhibir su patogenicidad; mientras que la técnica SIGS (spray-induced gene silencing), incluye la aplicación tópica de moléculas de ARN de doble cadena (dsRNA) que desencadenan el silenciamiento de genes del patógeno con el mismo propósito. Mediante SIGS, aún inexplorado en oomicetos, estamos desarrollando tratamientos para el control de *Phytophthora capsici* y *Phytophthora cinamomi* causantes del tizón del pimiento y de la seca de la encina. El test de un pool de dsRNAs frente a genes esenciales arrojó buenos resultados cuando se probaron como tratamiento en *Arabidopsis*. Las moléculas más eficientes en la inhibición de la enfermedad se aplicarán a gran escala tanto en pimiento como en encina.



Sistemas de control contra bacteriosis mediante silenciamiento génico y nanopartículas. Estrategias de trabajo

Rafael Taengua¹, Pablo Llop Pérez¹

1: Bacteriología, Centro de Protección Vegetal. IVIA, Valencia.

TIPO DE PRESENTACIÓN: **Póster**

RESUMEN

Las bacterias constituyen un grupo cada vez más numeroso de organismos fitopatógenos y causan graves pérdidas económicas. Las enfermedades se han multiplicado en los últimos años, afectando a gran variedad de cultivos, muchos de ellos de carácter estratégico, desde hortalizas a leñosos, e incluye bacteriosis de gran impacto, como son las bacterias de cuarentena.

Uno de los últimos avances en la ciencia ha sido el de los pequeños RNAs interferentes (siRNAs) con funciones reguladoras. El silenciamiento de genes es una de estas funciones, mediante la unión de un siRNA a un RNAm. Moléculas de RNA o DNA artificial para silenciar genes y su uso como antimicrobianos es una de sus principales aplicaciones.

Un oligo antisentido (ASO) contra la bacteria *Erwinia amylovora* ha sido diseñado con modificaciones químicas para obtener alta estabilidad que evite su degradación y conseguir mayor facilidad de penetración en la bacteria, y ha demostrado tener una eficacia similar a la producida por el antibiótico estreptomycin. También se ha diseñado con éxito un ASO contra la bacteria del HLB empleando otras modificaciones diferentes. Sin embargo, el alto coste necesario para producirlos hace que no estén disponibles comercialmente. Por ello, los objetivos previstos en este trabajo pretenden ensayar nuevas modificaciones químicas y unión a nanopartículas de los ASOs de forma que sean asequibles para ser comercializados.

Se pretende obtener sistemas económicos para producir compuestos para la prevención y control de las plantas afectadas contra patógenos bacterianos y servir como nueva metodología para obtener compuestos comercializables contra otros patógenos.



Evaluación preliminar de extractos de piel de granada para el control de las podredumbres marrón y amarga en nectarinas

Verónica Taberner, M^a Bernardita Pérez-Gago, Lluís Palou.

Laboratori de Patologia, Centre de Tecnologia de Postcollita (CTP), Institut Valencià d' Investigacions Agràries (IVIA).

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Las podredumbres marrón y amarga, causadas respectivamente por los hongos *Monilinia fructicola* y *Geotrichum candidum*, generan importantes pérdidas económicas en la poscosecha de fruta de hueso. Para el control de dichos patógenos, en la actualidad se emplean fungicidas de síntesis, como el fludioxonil y el pirimetanil. Sin embargo, debido al perjuicio sobre el medio ambiente y la salud humana que puede ocasionar la acumulación de este tipo de sustancias, se necesitan estrategias de control alternativas no contaminantes, como es la aplicación de extractos naturales vegetales. Numerosos estudios han reportado la actividad antimicrobiana de los extractos de la piel de granada (*Punica granatum* L.), atribuidos principalmente a su elevado contenido en polifenoles. En este trabajo se evaluó la aplicación preliminar de dos extractos de piel de granada (EPG metanólico y EPG acuoso) previamente seleccionados para el control de las podredumbres marrón y amarga en nectarinas 'Big Bang' y 'Ambra' inoculadas artificialmente con *M. fructicola* ó *G. candidum* 24 h antes (actividad curativa) e incubadas a 20°C. La aplicación de EPG acuoso y de EPG metanólico (30 g/L) redujeron en un 58 y 71% la incidencia de la podredumbre marrón, respectivamente, tras 4 días de incubación, perdiendo efectividad en periodos de incubación mayores. Sin embargo, ambos extractos disminuyeron la severidad de la enfermedad en un 40-50% y la esporulación del patógeno en un 42-51% tras 6 días a 20°C. Resultados similares se obtuvieron con la podredumbre amarga en fruta inoculada.



Caracterización genómica y filogenética de bacteriófagos líticos de *Ralstonia solanacearum* con capacidad de biocontrol en agua medioambiental y en planta

Elena G. Biosca¹, José Francisco Català-Senent^{1,2}, Àngela Figàs-Segura¹, Edson Bertolini^{1,3}, Marta Orero¹, María Milagros López⁴, Belén Álvarez^{1,5}

¹ Departamento de Microbiología y Ecología. Facultad de Ciencias Biológicas. Universitat de València (UV). Valencia, España.

² Centro de Investigación Príncipe Felipe. Unidad de Bioinformática y Bioestadística. Valencia, España.

³ Faculdade de Agronomia. Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS). Porto Alegre, Brasil.

⁴ Centro de Protección Vegetal y Biotecnología. Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias (IVIA). Valencia, España.

⁵ Departamento de Investigación Aplicada y Extensión Agraria. Instituto Madrileño de Investigación y Desarrollo Rural, Agrario y Alimentario (IMIDRA). Madrid, España.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Ralstonia solanacearum, agente etiológico de la marchitez bacteriana, es una de las bacterias fitopatógenas más devastadoras. Los virus bacteriófagos (fagos) que la infectan pueden ser agentes prometedores de control biológico que permitan agrosistemas sostenibles. Tres fagos líticos de *R. solanacearum*, vRsoP-WF2, vRsoP-WM2 y vRsoP-WR2, aislados de agua de distintos ríos españoles han demostrado su capacidad de biocontrol del patógeno tanto en agua medioambiental como en planta, siendo necesaria su caracterización genómica para profundizar en el conocimiento de su biología. En este trabajo, se secuenciaron y realizaron análisis bioinformáticos de los genomas completos de los tres fagos, así como análisis filogenéticos con una selección de fagos activos frente a *R. solanacearum* y a la especie fitopatógena estrechamente relacionada *R. pseudosolanacearum*. Los resultados revelaron que los genomas de estos fagos oscilan entre 40.688 y 41.158 pb con casi un 59% de contenido de GC, 52 ORFs en vRsoP-WF2 y vRsoP-WM2, y 53 en vRsoP-WR2, pero con sólo 22 o 23 proteínas predichas con homólogos funcionales. Entre ellas, dos lisinas y una despolimerasa de exopolisacáridos, siendo este tipo de despolimerasa identificado por primera vez en los fagos de *R. solanacearum*. Estos tres fagos pertenecen a la misma nueva especie dentro del género *Gyeongsanvirus*, familia *Autographiviridae*. Estos nuevos datos genómicos contribuirán a una mejor comprensión de las capacidades de estos fagos para dañar las células de *R. solanacearum* y, en consecuencia, a una mejora del control biológico de la marchitez bacteriana.

Proyecto RTA2015-00087-C02 financiado por MCIN/AEI/10.13039/501100011033, INIA y FEDER "Una manera de hacer Europa"



— PÓSTERES
ÁREA TEMÁTICA:
EPIDEMIOLOGÍA

Distribución e incidencia de *Fusarium oxysporum f. sp. lactucae* en la Región de Murcia

María del Mar Guerrero Díaz^a, M^a Carmen Martínez Lluch^a, , Sandra Alcazar Carrasco^a, Jerónimo Torres Corcuera^a, Victoriano Martínez Alarcón^a, Antonio Monserrat Delgado^a, Carmen M^a Lacasa Martínez^a

^a Departamento de Protección de Cultivos IMIDA. mariam.guerrero@carm.es

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Fusarium oxysporum f. sp. lactucae fue identificado como productor de amarilleos, ennegrecimiento de vasos, marchitez y muerte en plantas de lechuga por primera vez en España en la Región de Murcia en 2017. A nivel mundial es el mayor causante de enfermedad produciendo importantes pérdidas económicas. El cultivo de lechuga ocupa en la Región de Murcia una superficie aproximada de 13.237 ha distribuidas en 4 comarcas: Valle del Guadalentín, Campo de Cartagena, Altiplano, Noroeste y Vega del Segura. El objetivo del trabajo fue conocer la incidencia y distribución del hongo en la Región de Murcia. Para ello se prospectaron durante varias campañas las principales zonas. 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 laboratorio de 20-50 plantas por parcela. Una vez allí se analizaron en komada. Después de incubación 4-5 días se realizaron las lecturas bajo microscopio. El mayor porcentaje de parcelas afectadas por *Fusarium oxysporum f. sp. lactucae* se encontró en la zona del Noroeste, seguido del Valle del Guadalentín y del Altiplano. Hasta el momento no se ha aislado el hongo en la comarca del Campo de Cartagena. Los mayores porcentajes del hongo se encontraron en la Comarca del Noroeste y Altiplano en la época de verano, aunque también se obtuvieron aislados en primavera. El porcentaje de aislamiento del hongo en plantas con síntomas fue entre el 30 y 100%.



Presencia y distribución de la verticilosis del Ailanto en la zona noreste de la Península Ibérica

Júlia Carol¹, Isidre Llorente¹, Enric Bisbe², Enric Fàbregas², Concepció Moragrega¹

¹Institut de Tecnologia Agroalimentària- CIDA, Universitat de Girona, 17003 Girona; ²Galanthus, Associació per a l'estudi i divulgació del medi ambient, 17460, Celrà

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Las comarcas de Girona concentran la mayor variedad de especies vegetales exóticas en Catalunya según el proyecto EXOCAT 2013 (CREAF). Dentro de estas está incluido el ailanto (*Ailanthus altissima* (Mill.)), un árbol altamente invasivo establecido en todo el mundo, especialmente en la cuenca mediterránea debido a su buena resistencia a la sequía y al clima. Éste también se incluye en la lista de especies exóticas invasoras de la Unión Europea, por lo que requiere medidas de erradicación y gestión. En 2018 se detectaron zonas en Girona con una alta población de árboles de ailanto afectados por clorosis, marchitez y desecamiento. Los hongos *Verticillium dahliae* Kleb. y *Verticillium nonalfalfae* Iderb. et al. (anteriormente *V.albo-atrum* Reinke & Berthold) han sido reportados como los agentes causales del marchitamiento y la mortalidad del ailanto, conocido también como verticilosis. Este estudio describe la enfermedad por primera vez en España. Desde su detección se realizó un seguimiento de la evolución y la distribución de la verticilosis en la zona noreste de Catalunya. Se ha puesto de manifiesto que la verticilosis del ailanto afecta únicamente esta especie y no a otras especies vegetales autóctonas. Se observó un progreso espacial de la enfermedad en los rodales de ailanto evaluados durante los cuatro años de estudio. Los mecanismos implicados en el progreso de la enfermedad permitirán conocer el potencial del hongo en la erradicación natural del ailanto.

Esta investigación ha sido financiada por los proyectos (2017/8719, 2019/3091, 2020/7565, 2021/1468, 2022/3571) de la Diputació de Girona.



Comparación de diferentes técnicas de secuenciación en el análisis de la microbiota de *Bactericera* sp, vector de *Candidatus Liberibacter solanacearum* (CLso)

Cristina Redondo, Jaime Cubero.
Departamento de Protección Vegetal, INIA-CSIC, Madrid.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

La detección y caracterización de los agentes causales de las enfermedades de las plantas es crucial para prevenir la propagación de infecciones. En los últimos años, se ha profundizado además en el estudio generalizado de la microbiota de las plantas infectadas o no, o de los vectores que transmiten enfermedades, ya que el conocimiento sobre su estructura y composición y de su efecto modulador, puede proporcionar ventajas para el control de los patógenos. En este contexto, el uso de tecnologías de secuenciación masiva rápidas y sensibles, que permitan la clasificación de un número considerable de géneros, es de especial interés.

Candidatus Liberibacter solanacearum (CLso) es agente causal de enfermedades en solanáceas, apiáceas y poligonáceas. La detección de CLso en plantas sintomáticas es normalmente utilizada para determinar la distribución de esta bacteria en los cultivos. Sin embargo, hay que considerar también la existencia de plantas con CLso pero asintomáticas que constituyen un riesgo que suele infravalorarse. Los estudios del microbioma de estas plantas y la evaluación de CLso junto a otros microorganismos en su vector, pueden proporcionar información no solo sobre su distribución en un área, sino ayudar a establecer el efecto de endosimbiontes en la propagación del patógeno.

En este estudio se han comparado dos técnicas de secuenciación masiva mediante nanoporos y por síntesis Illumina para determinar los géneros de bacterias presentes en *Bactericera trigónica* y *B. nigricornis*, vectores de CLso, en presencia y ausencia de CLso, determinándose el efecto de CLso en la composición de la microbiota del insecto.



Estudio de factores asociados a la virulencia de *Xylella fastidiosa* y su interacción con el agente de biocontrol *Pseudomonas putida* KT2440 mediante el uso de cámaras microfluídicas simulando los haces del xilema

María Pilar Velasco-Amo¹, Cristina Civantos², Carlos Quiles-Pando¹, Jaime López-Alcalá^{3,4}, Paula Tomás-Viejo^{1,5}, Miguel Román-Écija¹, Blanca B. Landa¹ y Patricia Bernal²

¹Instituto de Agricultura Sostenible del Consejo Superior de Investigaciones Científicas IAS-CSIC. 14004 Córdoba.

²Departamento de Microbiología, Facultad de Biología, Universidad de Sevilla, 41012 Sevilla

³Departamento de Biología Celular, Fisiología e Inmunología, Instituto Maimónides de Investigación Biomédica de Córdoba, Universidad de Córdoba, Hospital Universitario Reina Sofía, Córdoba

⁴CIBER Fisiopatología de la Obesidad y Nutrición (CIBERObn), Instituto de Salud Carlos III

⁵Universidad de Sevilla, 41012 Sevilla

TIPO DE PRESENTACIÓN: póster

ÁREA TEMÁTICA: Gestión de enfermedades

RESUMEN

Xylella fastidiosa (*Xf*) es una bacteria fitopatógena de cuarentena habitante del xilema que puede infectar más de 650 plantas huésped. La colonización de la planta y el desarrollo de enfermedades por *Xf* está relacionado con la formación de agregados y biopelículas y la motilidad celular. *Pseudomonas putida* KT2440 es un agente de biocontrol que usa un sistema de secreción de tipo VI (T6SS) para inyectar toxinas en bacterias causando inhibición del crecimiento o muerte. Para simular nichos ecológicos naturales donde *Xf* desarrolla su ciclo de vida (vasos del xilema de plantas y aparato bucal de insectos vectores) se han utilizado cámaras microfluídicas con flujos de medios de crecimiento simulando la composición de la savia del xilema. Mediante estas cámaras se han caracterizado diversos factores asociados con la virulencia en una colección de cepas de *Xf* aisladas de los focos epidémicos de España, observando diferencias en fuerza de adhesión y motilidad entre cepas pertenecientes a la misma subespecie y grupo MLST. Los estudios de competición entre *Xf* y *P. putida* señalan la posible existencia de diferentes mecanismos de antagonismo microbiano incluyendo la competición por espacio, y la muerte celular mediada por T6SS. Estos mecanismos necesitan ser validados con otras aproximaciones y ver si siguen operando *in planta* a fin de determinar el potencial uso de *P. putida* para controlar *Xf*.

Financiado por Beca Leonardo-Fundación BBVA (2021), Proyecto E-RTA2017-00004-C06-02 de AEI-INIA y la Plataforma Temática Interdisciplinar SolXyl de *X. fastidiosa* y el Proyecto Intramural 201840E111 del CSIC.



Evaluación de la capacidad de desplazamiento en suelo de los J_2 de *Heterodera schachtii* Schmidt

Carmen M^a Lacasa; Victoriano Martínez; Sandra Alcázar, M^a Carmen Martínez; Antonio Monserrat IMIDA. Instituto Murciano de Investigación y Desarrollo Agrario y Medioambiental

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

La presencia de *Heterodera schachtii* Schmidt, aunque habitualmente inadvertida, es frecuente en suelos agrícolas del levante español, gracias a hospedantes arvenses tan comunes como las quenopodiáceas y crucíferas. Durante las últimas décadas, debido a la intensificación de las plantaciones de brócoli y otras brassicas, y al aumento de las temperaturas medias de los suelos, se han incrementado las poblaciones del nematodo en amplias zonas, hasta dañar gravemente plantaciones de crucíferas. La necesidad de altos niveles poblacionales para que *Heterodera* cause daños a la plantación podría estar relacionado, entre otros factores, con una baja movilidad de sus formas móviles.

Por ello, con el objetivo de determinar la capacidad de desplazamiento de las formas infectivas, los J_2 , se realizan diferentes experiencias a lo largo de dos años. La metodología implica, básicamente, colocar plantas hospedantes a diferentes distancias de un foco del nematodo para después medir, mediante tinciones, la colonización de las raíces. Los resultados indican que los juveniles de *Heterodera* tendrían una escasa capacidad de desplazamiento a través del suelo, superando solo un pequeño porcentaje los 2,5 centímetros de distancia, resultando similares los resultados en suelo franco-arenoso y en arcilloso.

Esta baja movilidad de las formas infectivas de *Heterodera* explicaría, al menos en parte, las altas densidades poblacionales de quistes en suelo que son necesarias para que se produzcan afecciones importantes al conjunto del sistema radicular de la planta, habitualmente por encima de los 30 quistes/100 ml suelo, con consecuencias en las producciones.

Palabras clave: *Heterodera*, movilidad juveniles, nematodos brassicas



Factores que determinan la liberación de juveniles de los quistes de *Heterodera schachtii* Schmidt

Antonio Monserrat; Victoriano Martínez; Carmen M^a Lacasa; Sandra Alcázar, Caridad Ros; M^a del Mar Guerrero

IMIDA. Instituto Murciano de Investigación y Desarrollo Agrario y Medioambiental

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Heterodera schachtii Schmidt constituye una de las mayores preocupaciones de los productores de brócoli del levante español. Para unas mismas densidades poblacionales, la incidencia sobre los cultivos sensibles va a depender de diversos factores que determinan la salida de juveniles de los quistes y posterior colonización de las raíces. Para estudiar el efecto de la temperatura y de estimulantes en suelo sobre la incidencia de daños de *Heterodera* en cultivos de brassicas, durante los últimos cuatro años se ha realizado una serie de ensayos consistentes en aislar quistes y someterlos a extractos de plantas de brócoli y de suelo, estimulantes citados en bibliografía (Cl_2Zn) y un control con agua desionizada y a diferentes temperaturas. Tras los periodos de incubación en fitotrones, se realizan controles bajo microscópio para determinar el número de J_2 liberados por cada uno de los quistes de cada variante.

Los resultados obtenidos indican que son necesarias temperaturas mínimas próximas a 15°C para que aviven los huevos de los quistes y liberen sus J_2 . Además, precisa de estimulantes que son liberados al suelo por las raíces de plantas sensibles y que pueden permanecer activos en los mismos durante un determinado tiempo. Extractos de otras partes de plantas de brócoli no han resultado activos. El Cl_2Zn solo ha mostrado una importante actividad cuando las temperaturas se aproximan a los 25°C. Estos resultados explicarían la intensidad de daños que se producen cuando tras una plantación hospedante se pone muy rápido otro ciclo y las temperaturas del suelo son relativamente elevadas.

Palabras clave: *Heterodera*, estimulación de quistes, juveniles J_2



***Monilinia* spp.: avances de su epidemiología en almendro**

Anna Segura-Palau^{1,2,3}, Carla Casals¹, Laura Torguet², Joan Segarra³, Xavier Miarnau², Neus Teixidó¹, Rosario Torres¹

¹IRTA-Programa de Postcosecha. Fruitcentre. PCiTal, Parque Gardeny, Edificio Fruitcentre, 25003 Lleida.

²IRTA-Programa de Fruticultura. Fruitcentre. PCiTal, Parque Gardeny, Edificio Fruitcentre, 25003 Lleida.

³ETSEA (Escola Técnica Superior de Enginyeria Agrònoma), Universitat de Lleida.

Anna Segura-Palau: anna.segura@irta.cat, Carla Casals: carla.casals@irta.cat, Laura Torguet: laura.torguet@irta.cat, Joan Segarra: joan.segarr@udl.cat, Xavier Miarnau: xavier.miarnau@irta.cat, Neus Teixidó: neus.teixido@irta.cat, Rosario Torres: rosario.torres@irta.cat

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

En los últimos años, la intensificación del cultivo del almendro ha provocado la emergencia de nuevas enfermedades y la proliferación de algunas antiguas como *Monilinia* spp., causante de moniliosis, que afecta especialmente flores y frutos recién cuajados. Para mejorar el conocimiento de la enfermedad, en este trabajo se han estudiado los factores que afectan a su epidemiología en el Valle del Ebro. Durante los años 2020, 2021 y 2022 se han evaluado dos fincas de la variedad “Tarraco”, considerada como una de las más susceptibles a la moniliosis. Se ha evaluado la presencia de inóculo primario, analizando momias del árbol y del suelo, así como chancros. Además, durante todo el ciclo fenológico del cultivo se ha evaluado la presencia del inóculo secundario y se han registrado diferentes variables meteorológicas. En paralelo se ha determinado la presencia de esporas de *Monilinia* spp. en el ambiente. Se ha determinado que la especie causante de la enfermedad es *Monilinia laxa*. También se ha observado que la principal fuente de inóculo primario son las momias de los árboles y los chancros. En cuanto al inóculo secundario, se ha determinado su incidencia en flores y se ha correlacionado con las condiciones meteorológicas, siendo la pluviometría uno de los factores más importantes. La presencia ambiental de esporas no se puede considerar como fuente de inóculo secundario. La información generada ha permitido avanzar en el conocimiento de la enfermedad y permite desarrollar un modelo predictivo que indique el riesgo de infección para conseguir aplicaciones fungicidas más sostenibles.

AGRADECIMIENTOS:

Este estudio está financiado a través del proyecto GO-ALMON de la Operación 16.01.01 (Cooperación para la innovación) del Programa de desarrollo rural de Catalunya 2014-2020, y del Programa CERCA/Generalitat de Catalunya.



Modelización de la respuesta in vitro de *Xylella fastidiosa* a la temperatura y su relación con la de los vasos del xilema

Miguel Román-Écija, Blanca B. Landa, Luca Testi, Juan Antonio Navas-Cortés.

Filiación: Instituto de Agricultura Sostenible (IAS), Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), Córdoba.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN:

La caracterización de la respuesta de *Xylella fastidiosa* (*Xf*) a la temperatura es relevante para poder desarrollar modelos de riesgo regionalizados y determinar el potencial para su establecimiento en un territorio. Al estar *Xf* confinada en el xilema del huésped y migrar a la raíz en invierno, es de interés conocer las condiciones de temperatura en los tejidos de la planta. Los objetivos de este trabajo fueron determinar la respuesta de *Xf* a la temperatura in vitro y determinar la dinámica estacional de la temperatura del xilema en olivo y almendro. Para ello, se evaluó el crecimiento, formación de biopelícula y supervivencia de células de 37 cepas de *Xf* representativas de cinco subespecies en un rango entre 4 y 40°C. Además, se instalaron termopares en ramas, tronco, raíz y aire para medir la temperatura del xilema. Los modelos ajustados a la función beta estimaron, agrupando por subespecies, un óptimo más amplio para *Xf* subsp. *fastidiosa* y *multiplex* (19-33°C y 20-31°C, respectivamente), que fue inferior (19-27°C) para *Xf* subsp. *pauca*. Las temperaturas entre 4-10°C, que disminuyeron el crecimiento, no afectaron la supervivencia de células; en cambio, temperaturas de incubación de 36-40°C resultaron letales. Los modelos de regresión estimaron un efecto amortiguador de la temperatura en tronco y raíz respecto a la del aire, especialmente para las temperaturas máximas en verano. Nuestros resultados indican la importancia que la temperatura puede tener en la distribución geográfica y capacidad de supervivencia de *Xf* en distintos territorios.

Financiación: XF-ACTORS-H2020-UE, ITS2017-095 (CAIB), E-RTA2017-00004-C06-02 (AEI-INIA), OIAOE



Detección temprana de *Xylella fastidiosa* en almendro y olivo mediante el uso de sensores proximales de reflectancia

Miguel Román-Écija, Concepción Olivares-García, Juan Carlos Rivas, Maria del Pliar Velasco-Amo, Blanca B. Landa, Juan Antonio Navas-Cortés.

Filiación: Instituto de Agricultura Sostenible (IAS), Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), Córdoba, Spain.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN:

La detección temprana de plantas infectadas por *Xylella fastidiosa* (*Xf*) es clave para una adecuada gestión de sus enfermedades. Pero la ocurrencia de infecciones asintomáticas, largos periodos de incubación o el desarrollo de síntomas inespecíficos dificultan su detección mediante inspección visual. Los objetivos de este trabajo fueron evaluar la respuesta a la infección por *Xf* en rasgos fisiológicos de la planta a nivel foliar, en almendros infectados naturalmente y plantas de olivo inoculadas artificialmente con varias cepas de *Xf* representativas de los brotes europeos. Se llevaron a cabo mediciones en hoja con los sensores Dualex Scientific, FluorPen FP100 y dos espectrómetros PolyPen (rango espectral 380 a 1.050 μm). En almendro, se evaluaron hojas de árboles asintomáticos no infectados, o de árboles infectados en ramas asintomáticas o sintomáticas. En olivo, se seleccionaron hojas de plantas infectadas y no infectadas por *Xf* a diferentes alturas del punto de inoculación y se confirmó mediante qPCR la presencia de la bacteria en hojas y tallo. El análisis jerárquico y discriminante de 74 índices fisiológicos y del contenido en pigmentos identificó diversos índices que discriminan entre hojas asintomáticas y sintomáticas. En almendro, estos índices están relacionados con el contenido de antocianinas, carotenoides y xantofilas, mientras que en olivo están relacionados con el contenido en carotenoides, xantofilas y nitrógeno y la fluorescencia cloroflica. Estos resultados han permitido la selección de un conjunto de índices espectrales con diferente capacidad predictiva de la infección por *Xf* en hojas asintomáticas.

Financiación: XF-ACTORS-H2020-UE, ITS2017-095 (CAIB), E-RTA2017-00004-C06-02 (AEI-INIA-Spain, FEDER), OIAOE



Epidemiología y daños por potyvirus en *Phaseolus vulgaris* cv “faba galaica” en A Mariña lucense

Sonia Expósito, María Álvarez, Cristina Cabaleiro

Escola Politécnica Superior de Enxeñaría, Campus Terra, Universidade de Santiago de Compostela, 27002 Lugo. Email: cristina.cabaleiro@usc.es

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

La “faba galaica” es el cultivar de *Phaseolus vulgaris* L. amparado por la Indicación geográfica protegida “Faba de Lourenzà” en A Mariña lucense. Trabajos previos y la sintomatología en campo indican alta incidencia de Potyvirus. Se analizó por DIP-ELISA la presencia de Potyvirus y específicamente BCMV (Bean common mosaic virus) en lotes de semilla en 2020 y 2021 y se hizo el seguimiento de dos parcelas para ver la evolución de la epidemia entre mayo y septiembre (100-150 plantas por parcela y fecha). Se evaluó la disminución de cosecha y el nivel de transmisión a las semillas de plantas infectadas. Se detectaron Potyvirus en todos los lotes de semilla analizados con un 25,5% (2020) y un 24,5% (2021) de positivos (BCMV >85%). En campo la infección por BCMV aumentó muy rápido; en una parcela, del 10% inicial de BCMV en mayo, subió a un 17% en junio, 72% en julio, en agosto 88% y 100% en septiembre, un mes antes de cosecha. En la otra, del 10% de mayo se pasó a 16% en junio y ya al 100% en julio. La producción disminuyó en función del momento de transmisión del virus, con pérdidas desde 16% (septiembre) a 40% (junio). La transmisión de BCMV a semillas en plantas infectadas fue del 29,7%. En 2021 se inició un proyecto coordinado por la Asociación Galega de Cooperativas Agrarias (FEADER 2021/066A) para la producción de semilla de “faba de Lourenzà”.



Incidencia de las infecciones por los principales agentes asociados con las enfermedades de la madera en vid (EMVs) en cepas asintomáticas vs. sintomáticas

María Dolores Vela¹, Juana I. Páez-Sánchez², Beltrán Peña³, Manuel J. Valcárcel³, Ana López-Moral⁴, María del Carmen Raya⁴, Antonio Trapero⁴ y Carlos Agustí-Brisach⁴

¹IFAPA Rancho de la Merced. ²Laboratorio de Control Oficial Agroalimentario y Agroganadero, Utrera. Sevilla. | ³Bodegas Fundador | | ⁴Departamento de Agronomía y Patología Agroforestal, UCO

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Con el objetivo de identificar los agentes causales que están provocando una alta mortandad en cepas de viñedos jóvenes en el Marco de Jerez, se llevó a cabo una prospección durante dos años en la 'Finca Majuelo' de Bodegas Fundador. Se analizaron 24 cepas sin síntomas externos y 34 sintomáticas. De todas las cepas se tomaron muestras de los brazos, tronco, patrón y raíces, realizando aislamiento fúngico tanto de tejidos sin síntomas como sintomáticos y determinando la consistencia del aislamiento. Los aislados fúngicos obtenidos se identificaron morfológica y molecularmente. En raíz existe una alta prevalencia de hongos asociados con pie negro en ambos tipos de cepas, con un porcentaje de aislamiento similar, 95.8 y 94.1%. En el patrón se aislaron hongos asociados con enfermedad de Petri y decaimiento por *Botryosphaeria*, con un 45.8 y 4.2% de consistencia en cepas asintomáticas, y 61.8 y 5.9 % en sintomáticas. En los brazos, las prevalencias en cepas asintomáticas fueron para decaimiento por *Botryosphaeria* y enfermedad de Petri de 4 % en ambos casos, mientras que, en sintomáticas para las mismas enfermedades, fueron del 11 y 3%. En tronco, decaimiento por *Botryosphaeria* y enfermedad de Petri se aislaron en cepas asintomáticas en 4 y 13% y en sintomáticas los aislamientos para ambas enfermedades fueron del 9%. Estos resultados demuestran la importancia que las infecciones latentes pueden tener en la infección y dispersión de las EMVs. En la actualidad, se están estudiando qué posibles factores influyen sobre la expresión de la enfermedad y su agresividad.



Variabilidad genética de poblaciones de *Fusarium oxysporum* f. sp. *asparagi*, causante del síndrome de decaimiento lento del espárrago en España

Alexandri Brizuela¹, Nieves Capote², Daniel Palmero^{1*}

¹Laboratorio de Protección Vegetal, Escuela Técnica Superior de Ingeniería Agronómica, Alimentaria y de Biosistemas, Universidad Politécnica de Madrid, Avda. Puerta de Hierro 4, 28040, Madrid.

²IFAPA Centro Las Torres, Apdo. Oficial 41200, Alcalá del Río, Sevilla.

TIPO DE DOCUMENTO:

RESUMEN

En los últimos años, el cultivo de espárrago (*Asparagus officinalis* L.) ha tenido un importante crecimiento a nivel mundial, incrementando tanto el área dedicada al cultivo como sus rendimientos. Sin embargo, los agricultores se enfrentan a una grave patología que puede llegar a comprometer la viabilidad económica del mismo. El síndrome de decaimiento lento, de etiología compleja, pero cuyo principal agente incitante es *Fusarium oxysporum* f. sp. *asparagi* (Foa) provoca la pérdida gradual de vigor de las plantas afectadas, ocasionando la pudrición de la raíz y la corona, e impidiendo su replantación. Este trabajo evalúa la variabilidad genética y diversidad haplotípica de aislados de *Fusarium oxysporum* f. sp. *asparagi* de tres zonas de España; Madrid, Navarra y Badajoz, mediante el análisis de tres loci filogenéticamente informativos: el factor de elongación de traducción-1 alfa (EF-1 α); la ARN polimerasa II (RPB1); y la segunda subunidad más grande (RPB2). Los resultados muestran una baja variabilidad genética entre los aislados, con porcentajes de ácidos nucleicos y de homología entre las secuencias de los aislados estudiados mayores del 90%. El análisis de diversidad haplotípica de *Fusarium oxysporum* permitió distribuirlos en 15 haplotipos. El trabajo presenta la distribución y diversidad de los haplotipos en las distintas poblaciones del patógeno estudiadas, identificándose además diferentes haplotipos únicos multilocus (singletons) en las tres poblaciones estudiadas.



Water deficit impact on virus transmission to melon plants

Carolina Junca Morales, Myrto Mela, Aranzazu Moreno, Alberto Fereres

Instituto de Ciencias Agrarias, Consejo Superior de Investigaciones Científicas. C/ Serrano, 115 dpdo, 28006 Madrid, España.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Climate change predictions suggest a decrease in rainfall in the Mediterranean basin; this water stress may cause modifications in the virus-vector-plant interaction, influencing viral dispersal and in turn threatening agricultural production. In this study, we evaluated how water stress affects inoculation, viral titer and symptomatology in melon plants inoculated with the non-persistent cucumber mosaic virus (CMV) and/or the persistent cucurbit aphid-borne yellows virus (CABYV). The viruses were inoculated mechanically (CMV) or by the vector *Aphis gossypii* (CABYV) in single or mixed infection on plants previously subjected to 3 water regimes: field capacity, moderate stress, and severe stress. After inoculation, half of the plants subjected to water deficit treatments remained in their corresponding stress (continuous stress) and the other half was irrigated to field capacity (stress relieved). To corroborate the effect of the water treatments, the leaf water potential was recorded during the experiment and length, fresh weight and dry weight was measured in the final sampling. Symptoms were assessed by visual inspection and by ImageJ software. Transmission rate and viral titer were measured using DAS-ELISA and RT-qPCR. A general decrease of the melon biomass was seen when inoculated with CMV but not with CABYV, probably due to tolerance of the cultivar used (cv. 'Bazan'). No synergism or antagonism between the two viruses was observed. Most importantly, a decrease in virus transmission rate was recorded when severe stress plants were inoculated with CMV. Our results suggest that plants subjected to water stress might be less sensitive to CMV infection.

Key word: Cucumber mosaic virus, Cucurbit aphid-borne yellows virus, *Aphis gossypii*, Inoculation rate, Climate change



Análisis de la agresividad de aislados españoles de *Xylella fastidiosa* en cultivares de almendro y olivo

Aina Baró, Aniol Buissac, Laura Montesinos, Emilio Montesinos

Laboratorio de Patología Vegetal-CIDSAV, Instituto de Tecnología Agroalimentaria, Univesitat de Girona, Girona.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Se ha estudiado la agresividad de aislados españoles de *X. fastidiosa* en cultivares de almendro (Avijor, Soleta y Pentacebas) y de olivo (Arbequina, Picual, Hojiblanca, Argudell, Arbosana), cultivados en maceta en invernadero de bioseguridad. La agresividad se determinó mediante la dinámica de los niveles poblacionales y síntomas, y relaciones dosis-respuesta. En almendro, la dinámica del patógeno mostró tiempos de duplicación de 2,1 a 2,5 días, con un tamaño máximo de población a 35 dpi (10^6 a 10^8 UFC/g o ml). Los primeros síntomas se observaron entre 20 y 60 dpi, siendo máximos a los 120 dpi. En el cultivar Avijor, la cepa IVIA 5387.2 alcanzó niveles de población más altos que IVIA 5901.2, pero su ED50 fue menor que en IVIA 5387.2. La dosis mínima infectiva para IVIA 5901.2 (30 y 300 UFC/planta) fue menor que en IVIA 5387.2 (300 y 3000 UFC/planta). En olivo, las cepas mostraron diferencias significativas entre cultivares. Los síntomas fueron más tardíos y las variedades más sensibles fueron Arbequina y Picual. Los niveles poblacionales (10^2 a 10^5 UFC/g) fueron inferiores a los observados en plantas de almendro. En 'Arbequina', IVIA 5901.2 alcanzó los niveles más elevados, seguida de CFBP 8430. En el caso de Temecula, IVIA 5235.4 y De Donno, éstos fueron más bajos en la mayoría de cultivares. Este trabajo se ha desarrollado en el marco del proyecto E-RTA INIA 2017-00004-C06-03 y de un contrato con la Organización Interprofesional del Aceite de Oliva Español.



Evaluación de patogenicidad de aislados de *Neopestalotiopsis* spp. en el cultivo de la fresa

Patricia López-González, Celia Borrero, Paloma Hernández-Muñiz, Javier Ordoñez y Manuel Avilés*.

Dpto. Agronomía, E.T.S.I.A. Universidad de Sevilla, Ctra. Utrera km 1, C.P. 41013 Sevilla

*aviles@us.es

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Las enfermedades causadas por hongos en el cultivo de la fresa han resurgido con fuerza en los últimos años debido a la prohibición, cada vez mayor, de los fumigantes químicos. Además, están apareciendo enfermedades emergentes que desde la campaña pasada comienzan a generar problemas mayores, como la enfermedad causada por *Neopestalotiopsis* spp.

Con el fin de evaluar si hay diferencias de patogenicidad entre aislados antiguos y recientes de *Neopestalotiopsis* spp. obtenidos en la provincia de Huelva, se realizaron pruebas de patogenicidad con tres aislados en cinco variedades comerciales de fresa. Otro objetivo fue ver si hay diferencias de susceptibilidad a la enfermedad inducida por *Neopestalotiopsis* spp. en dichas variedades. Dos aislados fueron obtenidos desde plantas de fresa sintomáticas y el otro desde una planta de arándano sintomática, para este aislado se comprobó previamente que era patogénico en fresa. Una vez obtenidos los aislados, se realizó un cultivo monospórico. Se inocularon las plantas con una suspensión de $1 \cdot 10^4$ conidias/mL. La inoculación se realizó tanto por baño de raíces como por pulverización de la parte aérea. Semanalmente se midió la severidad de la enfermedad como porcentaje de hojas sintomáticas.

Los aislados sólo mostraron distinta agresividad en la variedad 'Rociera', donde un aislado de los recientes provocó mayor severidad que los otros dos. Respecto a las variedades, 'Leticia', sin presentar diferencias estadísticamente significativas con 'Palmeritas' y 'Cozumel', presentó menor susceptibilidad que 'Rociera' y 'Pos20'.



Diversidad de endófitos en plantas de aguacate (*Persea americana* Mill.) de vivero con especial interés en especies de la familia Botryosphaeriaceae

David Hernández Hernández^{1*}, Rubén Jiménez Canino², Felipe Siverio de la Rosa¹.

¹Instituto Canario de Investigaciones Agrarias (ICIA), San Cristóbal de La Laguna, Tenerife. ²Servicio General de Apoyo a la Investigación (SEGAI) de la Universidad de La Laguna, San Cristóbal de La Laguna, Tenerife.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Las especies de la familia *Botryosphaeriaceae* causan en la actualidad algunas de las principales afecciones por hongos en el cultivo del aguacate. Su aparición acarrea importantes pérdidas económicas, debido a que frecuentemente dañan las inflorescencias, lo que conlleva la pérdida parcial o total de la producción. La infección puede iniciarse por un ataque externo, favorecido por las condiciones de humedad y precipitación elevadas o por heridas que facilitan la entrada del hongo. También es conocida su presencia como endófito, en cuyo caso la enfermedad podría desarrollarse en condiciones desfavorables para la planta hospedadora. Con el fin de evaluar el posible papel de los endófitos en la epidemiología de la enfermedad, el objetivo de este estudio fue el aislamiento e identificación de especies fúngicas y bacterianas endófitas en plantas de aguacate de vivero. Se analizaron 166 plantas de nueve viveros. Fragmentos procedentes de los portainjertos e injertos se sembraron en medio PDAS después de un estricto protocolo de desinfección para epífitos. También se sembraron en PDA alícuotas del triturado en PBS de porciones de dichos fragmentos. Se obtuvieron aislados de endófitos fúngicos o bacterianos en 62 de las 166 plantas procesadas, que se identificaron mediante secuenciación utilizando iniciadores para las regiones ITS y 16S, respectivamente. Se obtuvieron 146 aislados fúngicos, correspondiendo 15 de ellos a especies de la familia *Botryosphaeriaceae* (*Neofusicoccum luteum*, *N. parvum* y *N. sp.*) y 41 aislados bacterianos pertenecientes a los géneros *Pantoea*, *Raoultella*, *Serratia*, *Sphingomonas*, *Methylobacterium*, *Paraburkholderia*, *Paracoccus*, *Herbaspirillum*, *Bacillus*, *Priestia* y *Paenibacillus*, entre otros.



Factores limitantes en la distribución de los patógenos de cuarentena *Xylella fastidiosa* y *Phytophthora ramorum*

Eduardo Moralejo¹, Àlex Giménez-Romero².

¹Tragsa, Passatge Cala Figuera 6, 07009 Palma de Mallorca, Spain; ²Instituto de Física Interdisciplinar y Sistemas Complejos IFISC (UIB-CSIC), 07122 Palma de Mallorca, Spain

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Los daños causados por patógenos en cultivos, plantas ornamentales o ecosistemas forestales son proporcionales a los incrementos poblacionales del patógeno sobre y entre individuos que conforman la población del hospedador. En el caso de patógenos introducidos, las tasas de crecimiento poblacional del organismo invasor además determinan el riesgo de establecimiento y de desarrollo de epidemias. Aunque la importancia de las cadenas de transmisión planta-planta parecen obvias, pocas veces se integran modelos epidemiológicos en la construcción de mapas de riesgo de organismos de cuarentena. En su lugar y hasta la fecha, se han utilizado mayoritariamente modelos correlativos de distribución de especies (SDM), cuya mayor virtud es evitar precisamente la complejidad del ciclo del patógeno. En este trabajo, comparamos las predicciones de los SDM frente a mapas contruidos a partir de modelos epidemiológicos con un componente mecanicistas para dos organismos nocivos de cuarentena: la bacteria *Xylella fastidiosa* y el oomiceto *Phytophthora ramorum*. Ambos patógenos son invasores, afectan a múltiples hospedadores en California y han sido introducidos en Europa. Difieren, sin embargo, en el mecanismo de transmisión: una impulsada por la dispersión de esporangios por salpicadura de lluvia, y la otra por la transmisión vía insectos vectores que se alimentan de la savia de los hospedadores. Mostramos cómo los modelos que identifican bien los factores ambientales que modulan las cadenas de transmisión y que consideran la variabilidad climática en las interacciones del patosistema, acotan significativamente los mapas de riesgo y proporcionan escenarios más realistas a las proyecciones de cambio climático.



Efecto de estrategias de manejo integrado de plagas en alfalfa en la epidemiología del virus del mosaico de la alfalfa

Fernando Escriu^{1,2}, Eva Núñez¹.

Filiación: ¹ Departamento de Sistemas Agrícolas, Forestales y Medio Ambiente, Centro de Investigación y Tecnología Agroalimentaria de Aragón (CITA). Avda. Montañana 930, 50059 Zaragoza. ² Instituto Agroalimentario de Aragón - IA2 (CITA - Universidad de Zaragoza), Zaragoza. fescriu@aragon.es

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Una de las estrategias de Gestión Integrada de Plagas en el cultivo de alfalfa consiste en dejar bandas sin cortar en cada siega de forraje, que se van alternando de lugar en cada corte. Estas bandas ofrecen refugio durante la siega a polinizadores y enemigos naturales de plagas y facilitan la recolonización del cultivo, contribuyendo a su papel como servicio ecosistémico. Se presenta el seguimiento durante tres campañas consecutivas de cuatro alfalfares sometidos a control integrado mediante manejo en bandas y cuatro alfalfares bajo manejo convencional, localizados en Zaragoza. Se pretende evaluar el efecto diferencial de ambos tipos de manejo en la dinámica vectorial de pulgones transmisores del virus del mosaico de la alfalfa (AMV) y en la propia epidemiología del virus, a través de su interacción con sus vectores.

Un análisis mediante regresión logística indicó un efecto significativo del tipo de manejo en la incidencia viral y que su tasa de incremento fue superior en el manejo convencional. Se realizaron capturas semanales de pulgones en trampas "Irwin" colocadas en las bandas y en el cultivo (manejo en bandas) y en el cultivo (manejo convencional). El número medio de alados por captura y parcela difirió entre campañas (superior en las dos últimas) y por tipo de captura, siendo superior en las trampas colocadas en el cultivo respecto a las colocadas en bandas. Los picos de vuelo se observaron en mayo, junio y agosto durante las tres campañas. Se analizan los factores que pueden explicar el efecto del manejo en la epidemiología de AMV.



Evolución temporal de la estructura poblacional de *Fusarium circinatum*

David Fariña-Flores^{1,2}, Mónica Berbegal³, M. Teresa Morales¹, Eugenia Iturrirxa⁴, Nebai Mesanza⁴, Elena Landeras⁵, Cristina Pintos Varela⁶, Olga Aguin Casal⁶, Rosa Raposo¹.

¹ Centro de Investigación Forestal, INIA, CSIC, Ctra. Coruña km 7.5, 28040 Madrid

² Departamento de Biotecnología-Biología Vegetal, Escuela Técnica Superior de Ingeniería Agronómica, Alimentaria y de Biosistemas, 28040-Madrid, Universidad Politécnica de Madrid

³ Instituto Agroforestal Mediterráneo, Universitat Politècnica de València, Camino Vera s/n 46022 Valencia

⁴ NEIKER, Granja Modelo-Arkaute, 01080 Vitoria-Gasteiz

⁵ Laboratorio de Sanidad Vegetal, Consejería de Medio Rural y Pesca del Principado de Asturias, 33011 Oviedo

⁶ Estación Fitopatológica Areeiro, Diputación de Pontevedra, 36153 Pontevedra

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Fusarium circinatum es un patógeno invasivo en Europa, causante de la enfermedad del cancro resinoso del pino. Su introducción fue oficialmente descrita en España en 2005, quedando su área de ocurrencia limitada a la costa atlántica. Un análisis de la estructura genética de la población inicial de *F. circinatum* después de su introducción reveló dos grupos de haplotipos, compatibles con dos posibles introducciones independientes del patógeno. El objetivo de este trabajo es analizar la estructura de la población actual, para conocer los cambios en su composición. Para este estudio se obtuvieron 45 aislados a partir de plantaciones y masas forestales en Galicia, Asturias y País Vasco. Se determinaron los grupos de compatibilidad vegetativa (vcg), tipo de apareamiento y análisis por marcadores moleculares utilizando los mismos 8 microsatélites con los que se caracterizó la población inicial. Los resultados muestran que la población actual del País Vasco sigue incluyendo un único haplotipo y un solo tipo de apareamiento. Sin embargo, en la población actual de Galicia y Asturias se identificaron los dos tipos de apareamiento y dos haplotipos que no habían sido identificados previamente, muy relacionados genéticamente con los mayoritarios identificados en la población inicial. El número de vcg pasó de los 4 iniciales a 7. Este estudio demuestra que la diversidad genética de *F. circinatum* ha aumentado en Galicia y Asturias, pero el análisis de los datos indica que la reproducción sexual del patógeno continúa siendo improbable. El riesgo de nuevas introducciones ha disminuido fruto de la nueva legislación.

Trabajo financiado por MCIN/AEI/10.13039/501100011033 (Proyecto I+D+i PID2020-118734RR-C21 "Expresión de la enfermedad en Pinus pinaster como respuesta a los estreses bióticos y abióticos: defensa de la planta y diversidad de comunidades endófitas"). D. Fariña está financiado por un contrato predoctoral INIA (FPI-INIA).



La intensificación del uso del suelo en la agricultura provoca una homogeneización biótica en las comunidades de nematodos fitoparásitos a escala regional

Antonio Archidona Yuste¹, Thorsten Wiegand², Nico Eisenhauer³, Carolina Cantalapiedra-Navarrete⁴, Jorge Martín Barbarroja⁴, Guillermo León Ropero⁴, Ilenia Clavero-Camacho⁴, Miguel Talavera Rubia¹, Juan E. Palomares-Rius⁴ y Pablo Castillo⁴

¹Instituto Andaluz de Investigación Agraria, Pesquera, Alimentaria y de la Producción Ecológica (IFAPA), Centro Alameda del Obispo, Córdoba, Spain.

²Department of Ecological Modelling, Helmholtz Centre for Environmental Research - UFZ, Permosers-trasse 15, 04318 Leipzig, Germany.

³German Centre for Integrative Biodiversity Research (iDiv) Halle-Jena-Leipzig, Deutscher Platz 5e, 04103 Leipzig, Germany.

⁴IAS-CSIC – Instituto de Agricultura Sostenible-CSIC, Alameda del Obispo, s.n., 14004, Córdoba, Spain.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN:

El cambio de uso de la tierra debido a la intensificación agrícola es uno de los principales impulsores de la pérdida de biodiversidad del suelo. La intensificación en la agricultura está bien reconocida como motor de la homogeneización biótica. Sin embargo, existe un gran desconocimiento sobre el efecto de la intensificación del uso de la tierra sobre la composición de las comunidades de nematodos de suelo. La homogeneización biótica significa una disminución de la diversidad, así como, un incremento en la similitud taxonómica y funcional en la variación espacial de la composición de especies. En este estudio, evaluamos el efecto del cambio de uso del suelo y la intensificación en la diversidad y composición de las comunidades de nematodos fitoparásitos derivado del proceso de conversión de ecosistemas naturales complejos a ecosistemas agrícolas intensivos. Este estudio se llevó a cabo en la zona olivarera andaluza en un amplio gradiente de intensidad del uso de la tierra e incluyendo el ecosistema natural del olivo silvestre y el olivo cultivado. El principal resultado indica que la conversión de sistemas naturales a agrícolas e incluso los aumentos moderados de la intensidad de uso de la tierra causaron una importante homogeneización biótica al aumentar las similitudes funcionales de las comunidades de nematodos fitoparásitos. Además, se detecta la importancia del tamaño del cuerpo de nematodo en la estructuración de las comunidades de nematodos en respuesta al tipo e intensidad del uso de la tierra.



Pervivencia y evolución del inóculo de *Fusarium proliferatum* en condiciones naturales de campo

Laura Gálvez Patón, Daniel Palmero Llamas.

Laboratorio de Protección Vegetal, Producción Agraria, Escuela Técnica Superior de Ingeniería Agronómica, Alimentaria y de Biosistemas (ETSIAB), Universidad Politécnica de Madrid (UPM).

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Fusarium proliferatum es el principal agente causal de la podredumbre seca de los bulbos de ajo en España. En este trabajo se pretende estudiar el efecto de las condiciones naturales de campo sobre la pervivencia y evolución del inóculo de *F. proliferatum* presente en el suelo y en los restos de cultivo tras la cosecha, así como el efecto de la incorporación de los residuos en el suelo. Para ello se inocularon dos tipos de materiales, suelo y restos de cosecha de ajo, con un aislado del patógeno y colocados en bolsas de rafia (en la superficie y enterrados) en una parcela en los Campos Experimentales de la ETSIAB (Madrid). Cada 3 meses y a lo largo de los dos años que duró el estudio, fueron analizadas mediante el conteo de las unidades formadoras de colonias en medio de cultivo selectivo para *Fusarium*. Después de dos años (730 días) en condiciones de campo, *F. proliferatum* se pudo reaislar tanto de las muestras con residuos como del sustrato. Sin embargo, tras el paso del primer año, se observó una drástica reducción de un 89,75% en la cantidad de inóculo del hongo con respecto a lo inicialmente situado en campo. Las muestras de residuos de ajo situadas en la superficie de suelo mostraron siempre mayor cantidad de propágulos del hongo a lo largo de todo el ensayo en comparación, con los residuos enterrados a 20-30 cm de profundidad. Los resultados aportan información útil para la planificación de rotaciones frente a este patógeno.



La enfermedad de yesca: Factores causantes y susceptibilidad de los cultivos Tempranillo y Pardina

M^a José Dorado Rico¹, Teresa Guerra Sánchez Simón², M^a Victoria Alarcón Sánchez³, Laura Martín¹.

¹Centro de Investigaciones Científicas y Tecnológicas de Extremadura (CICYTEX). Área de Protección Vegetal. Instituto de Investigaciones Agrarias Finca La Orden-Valdesequera. Autovía A-5, km 372 - 06187 Guadajira, Badajoz. ² Centro Universitario Santa Ana, c/ IX Marqués de la Encomienda, num 2, Almendralejo, Badajoz. ³ CICYTEX Área de CICYTEX Área de Agronomía de cultivos leñosos y hortícolas. Instituto de Investigaciones Agrarias Finca La Orden-Valdesequera. Autovía A-5, km 372 - 06187 Guadajira, Badajoz.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

La yesca es una patología del complejo de las enfermedades de madera de vid (EMV). Actualmente, no existen materias curativas para sanar las plantas enfermas. El conocimiento de factores causantes de yesca y la búsqueda de material vegetal tolerante son demandas del sector vitivinícola. Extremadura es la segunda región en extensión de viñedo con unas 80.000 ha. El presente trabajo tiene como objetivos i) Dimensionar la incidencia de yesca en la región, ii) Identificar los factores causantes de la enfermedad y iii) Comparar la susceptibilidad de las dos variedades mayoritarias: Tempranillo y Pardina. Se ha establecido una red de 38 viñedos comerciales, sobre los cuales se han realizado valoraciones de síntomas de yesca desde 2018 a 2021 y se han analizado muestras de madera (n=114) y suelo (n=114). El porcentaje medio de plantas sintomáticas ha sido del 22% para viñedos del cultivar Tempranillo, 12% para el cv. Macabeo y 6% para el cv. Pardina. La presencia de hongos de los phylum Ascomycota y Basidiomycota en la madera; la edad del viñedo y la utilización de planta injertada frente al injerto en campo han resultado en distintos grados de incidencia de yesca. El tipo de suelo no ha mostrado tener un efecto significativo sobre la enfermedad. Los primeros ensayos de inoculación controlada del hongo *Phaeomoniella chlamydospora* sobre estaquillas enraizadas de los cv. Tempranillo y Pardina resultaron en un alto porcentaje de plantas infectadas, siendo la severidad significativamente menor en el cv. Pardina (25,0±10,5%) que en la variedad Tempranillo (83,3±8,3%).



Antecedentes preliminares de la expresión relativa de RNA viral durante almacenamiento refrigerado de ciruela infectada con virus

Mónica Madariaga Villarroel, Isabel Ramírez Abarca, Bruno Defilippi Bruzzone, Jéssica Devia Parra, Karina Sepúlveda Gajardo, y Claudio Salas Figueroa
Instituto de Investigaciones Agropecuarias INIA, Centro Regional La Platina.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Plum pox virus raza D (PPV-D), está presente en Chile desde 1992. Pero, el buen manejo de la enfermedad ha permitido que la industria siga exportando fruta, considerando que ésta es un elemento de consumo y, dado que, PPV-D no se transmite por semilla, hace que la fruta infectada no represente un riesgo de diseminación de la enfermedad. No obstante, en casos puntuales, se ha considerado un riesgo fitosanitario. El objetivo del presente trabajo fue indagar respecto del comportamiento de PPV-D presente en fruta chilena sometida al proceso de exportación. Mediante PCR (PPV-9196/PPV-9506, Sánchez-Navarro, 2002), se identificó en un huerto, 10 plantas de ciruelo, variedad Red Lyon infectadas con PPV-D. Desde estas plantas se cosechó fruta con síntomas evidentes de la infección y se simuló el proceso de exportación en frío realizado a mercados de destino. El título viral relativo en la fruta tratada se evaluó en 5 tiempos que consideraron temperaturas de frío y góndola. En cada tiempo se analizaron 10 frutos. El título viral relativo se estimó mediante PCR semi cuantitativo. Los partidores utilizados fueron PPV-9196/PPV-9506 y Nad5 (W.Menzel et al, 2002) como control interno. Los datos obtenidos fueron sometidos a un análisis de varianza con post-test LSD Fisher ($\alpha < 0.05$). Los resultados indicaron diferencias significativas entre el título viral relativo obtenido en la fruta analizada justo después de cosecha con la fruta sometida al proceso de exportación. Estos resultados preliminares sugieren que el frío al que es sometida la fruta de exportación infectada con PPV disminuye significativamente el título viral.



Los sistemas de ayuda en la toma de decisiones permiten reducir a la mitad el uso de fungicidas. Un análisis global desde el metanálisis bayesiano

Elena Lázaro¹, David Makowski², Antonio Vicent¹.

Filiación: ¹Centre de Protecció Vegetal i Biotecnologia, Institut Valencià d'Investigacions Agràries (IVIA), Ctra. CV-315 km 10.7, 46113 Moncada. ²INRAE, Applied Mathematics and Computing Unit (UMR 518) INRAE AgroParisTech Université Paris-Saclay, 75231 Paris.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Dentro del Pacto Verde Europeo, la estrategia «De la granja a la mesa» tiene como objetivo la reducción del 50% en el uso de fitosanitarios químicos en 2030. Los fungicidas representan el 46% del total de fitosanitarios vendidos en la Unión Europea, por lo que conseguir una reducción en su uso será determinante para el éxito de la estrategia. Los programas fungicidas basados en sistemas de ayuda en la toma de decisiones (DSS) son herramientas que permiten programar los tratamientos en función del riesgo de enfermedad y reducir así su frecuencia de aplicación. Pero ¿pueden los DSS garantizar la misma eficacia de control que los programas a calendario con la mitad de las aplicaciones? Mediante una revisión bibliográfica sistemática se seleccionaron un total de 80 estudios de evaluación de DSS donde se comparaba la incidencia de la enfermedad respecto a un programa a calendario y un testigo sin tratar. Los estudios se analizaron conjuntamente a través de un metanálisis definido con una regresión beta-binomial mixta bayesiana, cuantificando el efecto del número de aplicaciones fungicidas con los DSS y los programas a calendario en la estimación de la incidencia de la enfermedad. Los resultados obtenidos indicaron que reduciendo a la mitad el número de aplicaciones fungicidas con los DSS, la incidencia de la enfermedad aumentaba como máximo un +5% respecto a los programas a calendario. Por tanto, con los DSS es posible reducir el número de aplicaciones en al menos un 50% sin comprometer el control de la enfermedad.

Trabajo financiado por los proyectos RTA2013-00004-C03-02 y RTA2017-00009-C04-02 FEDER INIA AEI-MCI



Análisis de la distribución espacial de la resistencia de *Plurivorosphaerella nawae* a estrobirulinas

Martina Cendoya¹, Luan Vitor Nascimento^{1,2}, David Conesa³, Josep Armengol², Mónica Berbegal², Antonio Vicent¹

Filiación: ¹ Centre de Protecció Vegetal i Biotecnologia, Institut Valencià d'Investigacions Agràries (IVIA), 46113 Moncada, Valencia, España. ² Instituto Agroforestal Mediterráneo, Universitat Politècnica de València, 46022 Valencia, España. ³ Valencia Bayesian Research Group (VaBaR), Departament d'Estadística i Investigació Operativa, Universitat de València. C/ Dr. Moliner 50, 46100 Burjassot (València), España.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

La mancha foliar del caqui, causada por el hongo *Plurivorosphaerella nawae*, produce necrosis en las hojas, defoliación y abscisión prematura de los frutos. Desde su detección, esta enfermedad ha sido controlada de forma efectiva mediante tratamientos que incluyen entre otros a los fungicidas Qol (estrobirulinas). En 2019 se observó la reducción de la eficacia de estas aplicaciones en algunas zonas de cultivo de caqui en la Comunidad Valenciana. En 2020 se prospectó la principal área de producción de caqui, obteniendo 183 aislados de *P. nawae* procedentes de 60 ubicaciones georreferenciadas (parcelas). La resistencia de los aislados a los fungicidas Qols se analizó fenotípicamente calculando la EC_{50} para piraclostrobin y molecularmente secuenciando un fragmento del gen citocromo b. La prevalencia de la mutación G143A en los aislados analizados fue del 55,4%. La sensibilidad a piraclostrobin de los aislados con esta mutación fue en promedio 696 veces menor. La distribución de la ocurrencia de los aislados resistentes en el área de estudio se analizó mediante un modelo espacial jerárquico bayesiano con la metodología INLA. Debido a la heterogeneidad del número de aislados analizados en las parcelas, éstas se consideraron positivas cuando al menos uno resultó resistente. El modelo presentó un fuerte efecto de la componente espacial, resultando en una alta probabilidad de presencia del hongo resistente en las zonas próximas a las parcelas positivas. Estos resultados sugieren que la diseminación del hongo mediante ascosporas tendría un papel determinante en la dispersión de los aislados resistentes.



Distribución, dinámica y huéspedes de vectores potenciales de *Xylella fastidiosa* en Catalunya. Prospección de la bacteria a partir de insectos centinela

Jordi Sabaté, Jonatan Ortega, Cristina Castañé.

IRTA-CABRILS. Institut de Recerca i Tecnologia Agrolimentàries. Programa de Protecció Vegetal Sostenible.

Ctra. De Cabrils, Km2. 08348. Cabrils, Barcelona.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Xylella fastidiosa es una bacteria fitopatógena que obtura los vasos del xilema causando graves daños, muerte de árboles y grandes pérdidas económicas. No se dispone de tratamiento curativo directo. Se transmite por multiplicación vegetativa y de forma natural mediante insectos chupadores del xilema principalmente de las familias *Aphrophoridae* en Europa y *Cicadellidae* en América (Subfamilia *Cicadellinae*). Afecta a cultivos de gran importancia como vid, almendro, cítricos y olivo con mayor o menor gravedad en función de la cepa de la bacteria, la variedad y el manejo. Se han identificado cientos de especies vegetales como huéspedes, muchas de ellas asintomáticas que representan reservorios de difícil erradicación. La amenaza es grande dada la gran superficie con cultivos susceptibles en España, la ubiquidad y abundancia del vector y la presencia de diferentes subespecies del patógeno en Baleares y Alicante. Con el objetivo de disminuir la expansión y el daño causado por la enfermedad, se ha estudiado la diversidad y el ciclo vital de los vectores potenciales en Cataluña. Así mismo se han analizado mediante q-PCR los insectos capturados para determinar la presencia de la bacteria inadvertida por los síntomas. El estudio se ha llevado a cabo en Cataluña desde 2017 en aproximadamente 10 parcelas y 100 puntos cada año. Se han identificado y analizado individuos de *Aphrophora* spp., *Cercopis* spp., *Neophilaenus campestris*, *N. lineatus*, *Lepyronia coleoptrata* y sobretodo *Philaenus spumarius*. Además se han detectado 2 especies de cicadelas invasoras nuevas: *Sophonia orientalis* y *Draculacephala robinsonii*. Todos los insectos analizados han resultado negativos.



Dispersión y transmisión de *Xylella fastidiosa* en Baleares: ciclo, dinámica y detección de subespecies en vectores y huéspedes alternativos

Jordi Sabaté, Miquel Llompart

IRTA-CABRILS. Institut de Recerca i Tecnologia Agrolimentàries. Programa de Protecció Vegetal Sostenible. Ctra. De Cabrils, Km2. 08348. Cabrils, Barcelona.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Xylella fastidiosa es una bacteria fitopatògena sin tratamiento que obtura los vasos del xilema causando graves daños, muerte de árboles y grandes pérdidas económicas. Se transmite por multiplicación vegetativa y de forma natural mediante insectos chupadores del xilema, en Europa principalmente de la familia *Aphrophoridae*. Desde la detección en 2016 de la subespecie *fastidiosa* en Mallorca, la presencia de otras subespecies de la bacteria se ha ampliado a Menorca y Mallorca (Subsp. *Multiplex*) e Ibiza (Subsp. *Pauca*). Entre 2019 y 2021 se han capturado vectores potenciales quincenalmente en Mallorca y mensualmente en el resto de las islas. Se ha estudiado su dinámica y huéspedes en parcelas de olivo vid y almendro de marzo a diciembre mediante aspiración y manguero. Los individuos capturados y las plantas presentes en las parcelas se han analizado mediante q-PCR y Multiplex q-PCR para detectar la bacteria y sus subespecies. La especie vectora dominante en todas las islas es *Philaenus spumarius* con un 95% de las capturas, seguida de *Neophilaenus campestris*. *P. spumarius* se ha capturado mayoritariamente sobre herbáceas en otoño y primavera y sobre leñosas en verano, destacando el algarrobo, el lentisco y el acebuche en Mallorca y Menorca, y los pinos y las sabinas en Ibiza. El porcentaje de *P. spumarius* positivos a *X. fastidiosa* resultó muy variable entre huéspedes, islas y época del año, llegando a más del 50% en agosto en determinados huéspedes y ubicaciones de Mallorca. La subespecie *multiplex* es claramente dominante en Mallorca tanto en insectos vectores como en plantas.



Aplicación de la estadística espacial en el diseño de estrategias coordinadas para el control de los vectores del HLB

Anaïs Galvañ¹, Renato Bassanezi², Weiqi Luo³, Elena Lázaro¹, Antonio Vicent¹.

Filiación: ¹ Centro de Protección Vegetal y Biotecnología, Institut Valencià d'Investigacions Agràries (IVIA), Ctra. CV-315 km 10.7, 46113 Moncada. ² Fundo de Defesa da Citricultura (Fundecitrus). ³ Agricultural Research Service of the United States Department of Agriculture (USDA-ARS).

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

El Huanglongbing (HLB) de los cítricos está asociado a las bacterias '*Candidatus Liberibacter asiaticus*', '*Ca. L. africanus*' y '*Ca. L. americanus*'. Estos patógenos se transmiten mediante injerto y por los insectos vectores *Diaphorina citri* y *Trioza erytreae*. No se ha descrito la presencia del HLB en la cuenca Mediterránea pero, *T. erytreae* está presente en la Península Ibérica y *D. citri* en Israel. El HLB está considerada como la enfermedad más destructiva de los cítricos a nivel mundial y actualmente no tiene una terapia efectiva. No obstante, estudios en EEUU y Brasil indican que es posible manejar la enfermedad mediante tratamientos coordinados contra el vector a través del establecimiento de áreas regionales de manejo, *Citrus Health Management Areas* (CHMAs). Mediante estadística espacial, se han desarrollado CHMAs para las principales áreas cítricas de España, basados en un mapa de riesgo de 1km² de resolución. La estimación del riesgo se realizó considerando la información climática, así como otras variables que pueden influir en el desarrollo de los vectores como la densidad cítrica, las rutas de transporte, la presencia de cítricos urbanos y de explotaciones en cultivo ecológico. Sobre este mapa de riesgo se implementó un algoritmo de regionalización con restricciones de tamaño y de homogeneidad de riesgo para definir el tamaño y localización de los CHMAs. La herramienta es de acceso abierto y permite incorporar nuevas estimaciones del riesgo y modificar las restricciones de tamaño del algoritmo. Los resultados ayudarán a los productores a gestionar las posibles introducciones y dispersión del HLB.



Evaluación de la idoneidad climática de la cuenca Mediterránea para la mancha negra de los cítricos, causada por *Phyllosticta citricarpa*, mediante un modelo genérico de infección

Anaïs Galvañ¹, Naima Boughalleb-M'Hamdi², Najwa Benfradj², Sabrine Mannai², Elena Lázaro¹, Antonio Vicent¹.

Filiación: ¹Centro de Protección Vegetal y Biotecnología, Institut Valencià d'Investigacions Agràries (IVIA), Ctra. CV-315 km 10.7, 46113 Moncada. ²Institut Supérieur Agronomique de Chott Mariem, LR21AGR05, University of Sousse, Department of Biological Sciences and Plant Protection, Tunisia.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Estudios previos sobre la mancha negra de los cítricos (CBS), causada por *Phyllosticta citricarpa*, indicaron que esta enfermedad fúngica no es capaz de desarrollarse en condiciones de clima Mediterráneo. No obstante, en 2019 se describió por primera vez la presencia de CBS en Túnez. El objetivo del presente estudio es evaluar la idoneidad climática de la cuenca Mediterránea para el desarrollo de CBS, simulando las infecciones potenciales por ascosporas y picnidiosporas de *P. citricarpa* mediante un modelo genérico de infección. El modelo se implementó para todas las regiones cítricas de la cuenca Mediterránea y en localizaciones afectadas por CBS, usando datos climáticos de alta resolución espacial (9km²) procedentes de la base de datos de ERA5-Land. Se consideraron dos escenarios de simulación, en el primero los parámetros del modelo se estimaron con valores procedentes de bibliografía y en el segundo mediante un proceso inferencial bayesiano. Los resultados indicaron que las infecciones por ascosporas y picnidiosporas se concentraban principalmente en los meses de otoño, y también en primavera para las picnidiosporas. A diferencia de otros estudios, el modelo estimó que el porcentaje de horas favorables para las infecciones por picnidiosporas era superior al de ascosporas. Los valores simulados en Túnez y algunas zonas afectadas por CBS fueron, en general, similares a los de las regiones cítricas de Europa y el Magreb, zonas en las que no se ha descrito la enfermedad. Estos resultados confirman la idoneidad climática de la cuenca Mediterránea para el desarrollo del CBS.



Actualización de los estudios sobre la importancia y etiología del mal de Panamá causado por *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* en cultivos de platanera de Tenerife

Santiago Perera González¹, David Hernández Hernández², Patricia Brito López², Federico Salvador Laich², Felipe Siverio de la Rosa^{2,3}.

¹Servicio Técnico de Agricultura y Desarrollo Rural del Cabildo Insular de Tenerife, Santa Cruz de Tenerife, Tenerife. ²Unidad de Protección Vegetal, Instituto Canario de Investigaciones Agrarias (ICIA), San Cristóbal de La Laguna, Tenerife. ³Sección de Laboratorio de Sanidad Vegetal. Consejería de Agricultura, Ganadería y Pesca del Gobierno de Canarias, San Cristóbal de La Laguna, Tenerife.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

El mal de Panamá de la platanera, causado por el hongo *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* (FOC), es considerado la enfermedad más dañina del cultivo, porque causó cuantiosas pérdidas el siglo pasado y obligó a sustituir la variedad más cultivada por otras resistentes. En Canarias, y en Tenerife en particular, se registraron brotes de la enfermedad durante el siglo XX y se identificó al hongo causante como FOC raza subtropical 4 (FOC-STR4). La raza más destructiva, denominada raza tropical 4 (FOC-TR4), ha sido citada recientemente en África y América con síntomas similares. Por tanto, FOC-TR4 podría afectar a plantaciones de platanera de Canarias y pasar temporalmente desapercibida. En este trabajo se recogen resultados de los estudios realizados desde 2020 en Tenerife destinados a: i, recopilar información general de la platane- ra; ii, valorar la importancia de los daños causados por el mal de Panamá; y iii, determinar la raza del patógeno (FOC-STR4 o FOC-TR4) en las parcelas afectadas. Se visitaron 100 parcelas distribuidas por todas las zonas productoras de plátano, lo que representa el 13,85% de la superficie de cultivo. Se encontraron síntomas en el 25% de las parcelas y en todas ellas se detectó FOC-STR4. La enfermedad causaba daños de importancia en sólo dos parcelas con un 12,3% y 49,1% de plantas afectadas. De las 98 parcelas restantes, un 7% presentaba un 1-3% de plantas afectadas, otro 7% entre 0,1-1,0% y un 9% en menos del 0,1% de las plantas. Los resultados de los análisis descartan la presencia de FOC-TR4.



Caracterización e incidencia en el medio natural de la gama de huéspedes de *Xylella fastidiosa* en Baleares

Francesc Adrover Adrover¹, Juan Rita Larrucena², Mauricio Ruiz Pérez³, Margarita Gomila Ribas⁴, María Cañellas Cifre⁴, Antonio Busquets Bisbal⁵, Juan Manuel Marín Barea⁶, Eugenio Peñalvo⁶, Ana Pedrosa Gálvez⁶, José A. Domínguez Sánchez⁷, Francesc Castella Virgili⁷, Julia Torres Gregorio⁷, Alicia Nieto López⁸, Diego Olmo García⁸

¹Sanidad Vegetal CAIB- Serveis de Millora Agrària i Pesquera (SEMILLA). C/Eusebi Estada 145. CP 07009, Palma

²Àrea de Botànica, Departament de Biologia, Universitat de les Illes Balears. Cra. de Valldemossa, km 7.5. CP

07122, Palma. ³Departament de Geografia, Universitat de les Illes Balears. ⁴Àrea de Microbiologia, Departament de Biologia, Universitat de les Illes Balears. ⁵Servicio de Microscopía, Servicios Científico-Técnicos, Uni-

versitat de les Illes Balears. ⁶TRAGSA, Empresa de Transformación Agraria, Delegación de Baleares. Passatge de

Cala Figuera, 4, 07009 Palma, Illes Balears. ⁷ Dep. d'Agricultura. Consell d'Eivissa. Avda. d'Espanya, 49 - 07800

Eivissa (Illes Balears) ⁸Laboratorio Oficial de Sanidad Vegetal de las Islas Baleares (LOSVIB)- Serveis de Millora

Agrària i Pesquera (SEMILLA), C/Eusebi Estada 145.07009 Palma. dolmo@semilla-caib.es

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Con el objetivo de caracterizar la gama de huéspedes de *Xylella fastidiosa* en las Islas Baleares y determinar la incidencia en los diferentes hábitats y comunidades vegetales, se han realizado las siguientes acciones: un muestreo en 236 localidades repartidas por todas las Islas Baleares, un muestreo de la mayor parte de las especies vegetales de 6 áreas de 1 Km² situadas en diferentes zonas bioclimáticas de Mallorca e Ibiza, un muestreo de 32 plantas silvestres al azar en 18 parcelas de comunidades de acebuche, y la evaluación de series temporales del índice NDVI entre los años 1984-2018.

Los resultados obtenidos indican que la prevalencia de *X. fastidiosa* en el medio natural es baja, aunque significativa para algunas especies en concreto, tanto de la flora autóctona, como *Fraxinus angustifolia* y *Olea europea* var. *sylvestris*, como de la flora endémica, como *Santolina magonica* y *Genista valdes-bermejoi*. La prevalencia es menor en el interior de las zonas forestales que en los bordes de las mismas y en los cultivos. No obstante, el número de distintas especies vegetales silvestres afectadas es elevado, detectándose positivos de 20 especies del medio natural, 12 de las cuales no habían sido citadas anteriormente.

Por otro lado, sigue sin detectarse la presencia de *X. fastidiosa* en la isla de Formentera ni en los islotes periféricos de las Islas Baleares y tampoco parece no haberse establecido la bacteria en la Sierra de Tramuntana de Mallorca.



Diversidad genética intra- e inter-varietal de ilarvirus presentes en variedades autóctonas de almendro [*Prunus dulcis* (Miller) Webb] en la región mediterránea

L. Corachán-Valencia¹, M. Rubio², P. Martínez-Gómez², I. Batlle³, J. A. Sánchez-Navarro¹ and V. Pallás¹

¹Instituto de Biología Molecular y Celular de Plantas-Consejo Superior de Investigaciones Científicas-Universidad Politécnica de Valencia (IBMCP-CSIC-UPV), Valencia, Spain;

²Centro de Edafología y Biología Aplicada del Segura-Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CEBAOS-CSIC), P.O. Box 164, 30100 Espinardo, Murcia, Spain;

³Institut de Recerca i Tecnologia Agroalimentàries (IRTA) Mas de Bover, Ctr. Reus-El Morell Km 3,8, Constantí, Tarragona;

Corresponding author: jesanche@ibmcp.upv.es; vpallas@ibmcp.upv.es

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

El cultivo del almendro se ve afectado por enfermedades de etiología viral que pueden ocasionar una reducción de hasta el 25% dependiendo de la susceptibilidad del cultivar. Entre éstas cabe destacar las ocasionadas por el virus de los anillos necróticos de los *Prunus* (PNRSV) y el del enanismo del ciruelo (PDV). Las infecciones mixtas de PNRSV y PDV están asociadas con la caída de las yemas y la formación de rosetas lo que da como resultado árboles con una apariencia desnuda y una producción reducida de frutos. En este trabajo se ha analizado la incidencia de los dos virus en variedades de los bancos de germoplasma del CEBAS-CSIC de Murcia (30 muestras de 30 variedades diferentes), el IRTA de Reus (15 muestras de 15 variedades diferentes) y de plantaciones comerciales de Requena, Valencia (72 muestras de una única variedad). El virus más prevalente fue el PNRSV con porcentajes de incidencia mayores del 90% mientras que el PDV osciló entre 80-85% en las tres localizaciones analizadas. Es de destacar el alto porcentaje de co-infección alcanzando, el 83% en las muestras de la localidad Requena, 34 % en el banco de germoplasma del CEBAS y 33% en el del IRTA, observándose un aumento del título viral del PDV en presencia de PNRSV. Se determinó la secuencia completa del RNA3 de 13 aislados para PNRSV y de 15 para PDV y sus relaciones filogenéticas. La variabilidad intra-varietal fue mucho menor que la inter-varietal reflejando un efecto específico de huésped o un efecto fundador.



Catalogue of viruses infecting *Trioza erytreae* populations, vector of the huanglongbing (HLB) disease, from different geographic origins

Pedro Serra¹, Javier Forment¹, Beatriz Navarro², Alberto Fereres³, José A. Pereira⁴, Marcos de la Peña¹, Michela Chiumenti², Francesco di Serio², Leandro Peña¹, Ricardo Flores¹ and Vicente Pallás¹

¹Instituto de Biología Molecular y Celular de Plantas (IBMCP), Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), Av. de los Naranjos s/n Ed. 8E CPI, 46022, Valencia, Spain.

²Istituto per la Protezione Sostenibile delle Piante, Consiglio Nazionale delle Ricerche, Bari, 70126, Italy

³Instituto de Ciencias Agrarias, Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), Serrano 115b, 28006 Madrid, Spain.

⁴Instituto Politécnico de Bragança, Campus de Santa Apolónia, 5300-253 Bragança, Portugal

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Huanglongbing (HLB), considered to be the most serious insect-vectored bacterial disease of citrus, is transmitted by citrus psyllids including the African *Trioza erytreae*. In the last decade, the presence of this psyllid has been detected in the Iberian Peninsula, which poses a major threat to the Spanish citriculture, the largest citrus producer in Europe. The lack of a cure for HLB has led to several approaches to control the disease where insect vector management can be a helpful strategy.

Here we report the identification and characterization of viral sequences detected by a high-throughput sequencing approach in *T. erytreae* populations from areas in the north and the west of the Iberian Peninsula as well as some islands in the east of the African continent.

Analysis of total RNA, total DNA and small RNA sequencing has allowed us to identify eight novel viruses belonging to the *Narnaviridae*, *Totiviridae*, *Ambiguiviridae*, *Sobemoviridae*, *Botourmiaviridae* and *Partitiviridae* families. In addition, we have detected the presence of viral sequences inserted into the insect genome that promote a gene silencing mechanism for defense against new viral infections. These endogenous viral elements belong to viruses of the families *Parvoviridae*, *Chuviridae*, *Xinmoviridae*, *Reoviridae*, *Orthomyxoviridae* and *Partitiviridae*.

This is the first study to identify *T. erytreae*-associated viruses. Information may be able to help guide the direction of biotechnological pest control efforts involving a number of viruses infecting *T. erytreae* detected for the first time, some of which may have the potential to be used as biocontrol agents.



Interceptación de tobamovirus en semillas comerciales de tomate y pimiento

Esmeralda Sanahuja, Laura Guidoum, María Mut, Ana Alfaro-Fernández, María Isabel Font-San-Ambrosio

Grupo de Virología Vegetal. Instituto Agroforestal Mediterráneo. Universitat Politècnica de València

TIPO DE PRESENTACIÓN: POSTER

RESUMEN

El comercio internacional de semillas ha supuesto la diseminación de virosis a largas distancias y la aparición de epidemias en nuevas áreas donde no estaban presentes. Concretamente, el virus del fruto rugoso marrón del tomate (tomato brown rugose fruit virus, ToBRFV) y el virus del mosaico moteado del tomate (tomato mottle mosaic virus, ToMMV) son dos tobamovirus que han sido detectados en España en 2019 y 2015 respectivamente, aunque presentan distribuciones restringidas en el país. Ambas especies están incluidas en las listas de la EPPO (A2 y Lista de Alerta, respectivamente). Asimismo, para evitar la introducción y propagación de ToBRFV en la Unión Europea existe un Reglamento de Ejecución 2021/1809 (UE) donde se indica el procedimiento a seguir para el muestreo y detección de este virus en material de plantación y semillas de tomate y pimiento. En este trabajo, se presentan los resultados obtenidos de los análisis realizados mediante RT-PCR a tiempo real y convencional de semillas comerciales de tomate y pimiento procedentes de países terceros, muestreadas en los puestos de inspección fronteriza españoles entre noviembre de 2019 y octubre de 2022, en el caso de ToBRFV (613 lotes) y entre noviembre de 2019 y enero de 2022 en ToMMV (308 lotes). Durante estos años se han interceptado 2 lotes de semilla de tomate positivos a ToBRFV y 8 lotes (7 de tomate y 1 de pimiento) positivos a ToMMV. Los fragmentos obtenidos en la RT-PCR de ToMMV mostraron más de un 99,52% de identidad nucleotídica con el aislado MX de ToMMV (GenBank Acc. No. KF477193).



ToMMV y ToBRFV: Tasa de transmisión por semilla y su localización

Laura Guidom, Irene Mañez, David Ferrer, Esmeralda Sanahuja, Ana Alfaro-Fernández, María Isabel Font-San-Ambrosio

Grupo de Virología. Instituto Agroforestal Mediterráneo. Universitat Politècnica de València.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Tomato brown rugose fruit virus (ToBRFV) y tomato mottle mosaic virus (ToMMV) son dos especies pertenecientes al género Tobamovirus, detectados en España en 2019 y 2015, respectivamente. Los estudios llevados a cabo en este trabajo trataron de determinar la infectividad de estos virus en semillas contaminadas, su tasa de transmisión y la localización de los viriones en la semilla. Para ello, se sembraron 5 lotes de semillas contaminadas: 2 lotes comerciales contaminados con ToMMV y 3 lotes contaminados con ToBRFV (1 lote comercial y 2 procedentes de plantas inoculadas artificialmente con ToBRFV). Se evaluó la presencia del virus en las plántulas emergidas mediante DAS-ELISA, resultados confirmados después mediante técnicas moleculares empleando cebadores específicos. En ambas especies virales se determinó la transmisión de semilla a plántula en lotes comerciales. El estudio de localización de los viriones en la semilla demostró la presencia de ToBRFV no solo en la cubierta seminal, sino también en la zona interna de la semilla.



Efecto de las cubiertas vegetales en el viñedo sobre la dispersión del inóculo aéreo de *Phaeomoniella chlamydospora*

Mónica Berbegal¹, Daniele Pinna¹, Elisa González-Domínguez², Gultakin Hasanaliyeva³, Titto Caffi³, Vittorio Rossi³, Josep Armengol¹

¹Instituto Agroforestal Mediterráneo, Universitat Politècnica de València, Camino de Vera S/N, 46022-Valencia, España. ²Horta srl., Via Egidio Gorra 55, 29122 Piacenza, Italy. ³Department of Sustainable Crop Production (DIPROVES), Facoltà di Scienze Agrarie, Alimentari e Ambientali, Università Cattolica del Sacro Cuore, Via Emilia Parmense, 84, 29122 Piacenza, Italy.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Phaeomoniella chlamydospora es uno de los hongos implicados en la yesca y la enfermedad de Petri en vid. El objetivo de este estudio fue comprobar si las cubiertas vegetales podrían actuar como una barrera física impidiendo la dispersión del inóculo aéreo de este patógeno. En una parcela experimental localizada en Piacenza (norte de Italia) se evaluó el efecto de la cubierta (sembrada, natural o ausente) sobre la dispersión del patógeno, monitorizando semanalmente el estado de desarrollo de cubierta y las variables ambientales. Como fuente de inóculo se situaron varetas inoculadas con *P. chlamydospora* en el centro de cada una de las 2 subparcelas por tratamiento. Se instalaron trampas de esporas próximas y también a 40 cm de altura de la fuente de inóculo. Las trampas se reemplazaron semanalmente en los periodos: diciembre 2018 - junio 2019 y diciembre 2019 - mayo 2020. Se determinó la concentración de ADN del patógeno en las muestras mediante PCR cuantitativa utilizando cebadores específicos. La dispersión del patógeno se asoció con eventos de lluvia en los dos periodos estudiados. Los resultados del primer año no mostraron ninguna reducción en la cantidad de inóculo detectada asociada al uso de cubiertas. Estos resultados podrían explicarse porque el desarrollo de las plantas no fue uniforme. Sin embargo, en el segundo año de estudio se observó una menor detección de inóculo en las subparcelas con cubierta respecto a las que no tenían cubierta, especialmente en las semanas con mayor dispersión.

Trabajo financiado por H2020 ERA-net project, CORE Organic y EC (PCI2018-093015 / Project BIOVINE).



Premios mildiu en la Rioja y el Penedés: evaluación de vite.net para predecir las primeras infecciones de *Plasmopara viticola*

Elisa González-Domínguez¹, Joan Reyes-Aybar, José Luis Ramos Sáez de Ojer, Sara Legler¹, Vittorio Rossi⁴.

¹ Horta srl, Piacenza, Italy; ⁴Department of Sustainable Crop Production (DIPROVES), Facoltà di Scienze Agrarie, Alimentari e Ambientali, Università Cattolica del Sacro Cuore, Via Emilia Parmense, 84, 29122 Piacenza, Italy.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN:

Plasmopara viticola tiene una fase sexual que comprende la salida de latencia, maduración y germinación de las oosporas, las cuales liberarán esporangios que dan lugar a las primeras infecciones. Las bases epidemiológicas de este proceso no se estudiaron hasta principios del siglo XXI; en ausencia de esta información, en la Rioja y el Penedés se instauraron en los años 70-80 los 'premios mildiu' que recompensan económicamente a los agricultores que encuentran las primeras infecciones, y por tanto confirman que el proceso de germinación de las oosporas ha comenzado.

El sistema de ayuda a la toma de decisiones vite.net tiene implementado un modelo epidemiológico para predecir la germinación de las oosporas y el riesgo de infecciones primarias de mildiu. En este trabajo evaluamos la relación entre la aparición de manchas confirmadas por los premios mildiu y la información aportada por el modelo en parcelas cercanas (<5 km). Esta relación se ha podido confirmar en 40 epidemias en la Rioja (n=27) y el Penedés (n=13) entre 2016 y 2021. En 38 epidemias, el modelo predijo correctamente las infecciones observadas, las cuales ocurrieron entre el 19 de abril y el 24 de julio, con fenologías entre 2 y 20 hojas y precipitaciones entre 0.2 y 42.2 mm. Estos resultados indican que la germinación de las oosporas es altamente variable en el tiempo, y confirman que, con oosporas germinadas, las infecciones primarias de mildiu se pueden dar en plantas con menos de 10 cm de brotes y con precipitaciones inferiores a 10 mm.



Quimiotipos de especies de *Fusarium* en maíz forrajero en Galicia

Olga Aguín^{1*} (olga.aguin@depo.es), Vanesa Ferreiroa¹, Carmen Salinero¹, Pilar Piñón¹, María J. Sainz²

¹Estación Fitopatológica Areeiro, Diputación Pontevedra, 36153 Pontevedra

²Departamento de Producción Vegetal y Proyectos de Ingeniería, Universidade de Santiago de Compostela, Lugo

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN:

Especies del complejo *Fusarium graminearum* (FGSC) causan podredumbre de raíz, tallo y grano en cultivos de cereal de todo el mundo. De especial importancia es la infección por especies que producen micotoxinas, que son compuestos tóxicos para el hombre y otros vertebrados que se acumulan en granos y forraje. Las principales micotoxinas producidas por el FGSC son los tricotecenos deoxinivalenol (DON), nivalenol (NIV) y sus derivados acetilados (3-ADON, 15-ADON y NIV). Existe diversidad intraespecífica en la producción de estos tricotecenos. Se han descrito tres quimiotipos principales: 3-ADON, 15-ADON o NIV. En este trabajo, se estudiaron los quimiotipos de aislados de tres especies del FGSC (*F. cortaderiae*, *F. culmorum* y *F. graminearum sensu stricto*) obtenidos de maíz forrajero cultivado en Galicia.

Se extrajo el ADN genómico de cada aislado y se amplificó utilizando primers basados en secuencias de los genes *Tri7* y *Tri13* de la vía biosintética de tricotecenos en *Fusarium*.

Todos los aislados de *F. cortaderiae* mostraron el quimiotipo NIV. La mitad de los aislados de *F. culmorum* fueron quimiotipos NIV y la otra mitad 3-ADON. El 80% de los aislados de *F. graminearum s.s.* presentó el quimiotipo 15-ADON, y el resto (salvo un aislado 3-ADON) el quimiotipo NIV. Estos son los primeros datos sobre quimiotipos de tricotecenos en especies del FGSC en maíz forrajero en España. La dominancia del quimiotipo 15-ADON en *F. graminearum* y la proporción de quimiotipos 3-ADON y NIV en *F. culmorum* coincide con lo encontrado en otros países europeos.

Agradecimientos: Trabajo financiado por Unión Europea Interreg Agritox EAPA-998-2018.



— PÓSTERES
ÁREA TEMÁTICA:
INTERACCIÓN PLANTA-PATÓGENO

Impacto del déficit hídrico en la diversidad y composición de la microbiota fúngica y en la abundancia del patógeno *Phaeomoniella chlamydospora* en el xilema de la vid

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

¹Instituto 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

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

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

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

En este trabajo se han investigado las alteraciones en la microbiota fúngica en el xilema de la vid tras la aplicación de déficit hídrico, con especial atención al principal patógeno vascular asociado a la yesca, *Phaeomoniella chlamydospora* (*Pch*). Para ello, plantas injerto enraizadas de un año de edad se sometieron a tres regímenes hídricos en condiciones controladas en invernadero: 100%, 50% y 25% de la capacidad de campo. Las muestras de tejido xilemático se tomaron de la parte basal, media y apical del portainjerto mediante un método de muestreo no destructivo en tres momentos diferentes, antes de la plantación (t0), y al cabo de un año (t1) o dos años (t2) tras el establecimiento del experimento. La composición de la microbiota fúngica y la abundancia absoluta de *Pch* en el tejido xilemático se evaluó mediante secuenciación masiva de amplicones y mediante la tecnología droplet digital PCR, respectivamente. La riqueza de las comunidades fúngicas difirió significativamente entre regímenes hídricos, con abundancias relativas mayores con riego al 100% en t1 y t2. *Pch* contribuyó a esta diferenciación entre regímenes hídricos, destacando su incremento tanto en el número de OTUs como en la abundancia absoluta con riego al 25% en los dos años de muestreo. Los análisis de correlación mostraron interacciones positivas y negativas entre géneros de hongos asociados a las EMV. El déficit hídrico redujo la complejidad de las redes de co-ocurrencia entre taxones, obteniendo mayor número de interacciones con redes más densas y compactas con riego al 100%.



Identificación de rasgos funcionales, fisiológicos y genéticos vinculados a la tolerancia de cultivares de olivo frente a *Verticillium dahliae*

Martina Cardoni¹, José Luis Quero², Carmen Gómez-Lama Cabanás¹, Antonio Valverde-Correidor¹, Rafael Villar², Jesús Mercado-Blanco¹

¹Departamento de Protección de Cultivos, Instituto de Agricultura Sostenible, Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), Campus 'Alameda del Obispo' s/n, Avd. Menéndez Pidal s/n, 14004 Córdoba;

²Departamento de Botánica, Ecología y Fisiología Vegetal, Universidad de Córdoba, Campus Universitario de Rabanales, 14014 Córdoba
mcardoni@ias.csic.es

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

La verticilosis (*Verticillium dahliae* Kleb.) es una de las enfermedades más graves que afectan al olivar. La medida de control probablemente más eficaz es el uso de cultivares resistentes/tolerantes. El conocimiento de los mecanismos de defensa del olivo frente al patógeno es aún deficiente. En este estudio, siguiendo una aproximación multinivel, se compararon diversas características de raíces (rasgos funcionales, expresión de genes de defensa, contenido de lignina y permeabilidad de la membrana) y hojas (rasgos funcionales y fisiológicos) en seis variedades de olivos con diferente nivel de tolerancia/susceptibilidad a *V. dahliae*. Los resultados indicaron que los cultivares tolerantes mostraban raíces con menor número de ramificaciones y mayor contenido basal de lignina, el cual aumentó como consecuencia de la infección por el patógeno, al igual que se incrementó la permeabilidad de la membrana. Por su parte, las variedades susceptibles presentaban menor área foliar y, en presencia de *V. dahliae*, sufrieron una considerable disminución tanto de la actividad fotosintética como de transpiración. En las raíces, genes relacionados con mecanismos de defensa (p. ej. síntesis de lignina, degradación de la pared celular del patógeno y activación de inmunidad innata) aumentaron su expresión en las variedades tolerantes, pero no en las susceptibles. La arquitectura de la raíz, el contenido de lignina y rasgos funcionales relacionados con el área de la hoja determinan, al menos en parte, la tolerancia a *V. dahliae*. Además, las respuestas defensivas a nivel genético tienen lugar de forma más intensa y rápida en las variedades tolerantes que en las susceptibles.



Análisis funcional de posibles efectores de patógeno postcosecha *Penicillium digitatum*

Luis González Candelas*, Víctor Silva-Alejandre, Ana-Rosa Ballester.

Grupo de Fisiología, Patología y Biotecnología de Postcosecha, Departamento Biotecnología de Alimentos, Instituto de Agroquímica y Tecnología de Alimentos, Consejo Superior de Investigaciones Científicas (IATA, CSIC)

Autor de correspondencia: Luis González-Candelas (lgonzalez@iata.csic.es)

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Penicillium digitatum, el hongo responsable de la podredumbre verde, es el principal patógeno de los cítricos durante la postcosecha en condiciones climáticas mediterráneas. Esta patología afecta especialmente a España puesto que se trata del principal exportador mundial de cítricos para consumo en fresco. Los factores de virulencia por los que el patógeno es capaz de infectar los frutos no son totalmente conocidos, siendo los efectores unos posibles candidatos. Los efectores son pequeñas proteínas (<350 aminoácidos) secretadas con alto contenido relativo de cisteína, que interfieren con las respuestas de defensa del huésped permitiendo el desarrollo del patógeno. En el presente trabajo se ha llevado un análisis bioinformático para identificar posibles efectores presentes en el proteoma de *P. digitatum*. Combinando datos transcriptómicos previos obtenidos en fases tempranas de la infección de naranjas por *P. digitatum*, seleccionamos dos genes que codifican efectores desconocidos cuya expresión es elevada a tiempos cortos de infección. En este trabajo presentaremos la caracterización funcional de los mutantes nulos en esos genes con respecto al crecimiento in vitro de *P. digitatum* y discutiremos su papel en la virulencia del hongo.

Financiación: Programa FPI-MICINN PRE2019-084000 y RYC-2017-22009 (MICINN/AEI/FSE, EU) y Proyecto AGL2017-88120-R (MCIU/AEI/FEDER, EU).



Regulación hormonal y genética de la tolerancia varietal a la mancha ocre del almendro.

Gemma Pons-Solé¹, Jordi Luque¹, Soledad Martos².

¹Programa de Protección Vegetal Sostenible, Institut de Recerca i Tecnologia Agroalimentàries (IRTA), Ctra. de Cabriels km 2, 08348 Cabriels. ²Unidad de Fisiología Vegetal, Universitat Autònoma de Barcelona (UAB), 08193 Bellaterra.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

La mancha ocre del almendro, causada por el ascomiceto *Polystigma amygdalinum*, es una de las enfermedades foliares más importantes de este cultivo en la cuenca mediterránea. Distintas variedades de almendro presentan diferentes grados de susceptibilidad a la enfermedad, aunque las bases genéticas y moleculares de esta respuesta diferencial 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 (muy tolerante) y Tarraco (muy susceptible). En 2020 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. De forma complementaria, se analizó la expresión relativa de hasta 12 genes de defensa relacionados con la síntesis y las vías de defensa señalizadas por estas fitohormonas.

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. La mayor concentración de SA indujo una mayor expresión del gen *PR5*. En hojas sanas de Mardía se observó una mayor expresión del factor de transcripción *MYC2* (regula la defensa inducida por JA) y el gen *HQT* (cataliza la formación de ácido clorogénico). En hojas infectadas de Tarraco destacó la sobreexpresión de los genes *ACO*, *CAD*, *ERF1*, *JMT* y *PR1*. Actualmente, se está realizando un ensayo de campo para comprobar si la aplicación exógena de SA o MeJA induce una sobreexpresión de los genes estudiados.

Financiación: Proyectos RTA2017-00009-C04-01 (INIA) y PID2020-114648RR-C31 (AEI). Gemma Pons-Solé es beneficiaria de una beca predoctoral (PRE2018-085207) de la AEI.



Patogenicidad y agresividad de poblaciones de *Meloidogyne enterolobii* en hortalizas en Sinaloa, México

Rita Judith Salazar-Mesta¹, José A. Carrillo-Fasio¹, Raymundo S. García-Estrada¹, Josefina León-Félix¹, Jesús E. Retes-Manjarrez², Guadalupe A. Mora-Romero³, Juan M. Tovar-Pedraza¹

¹ Coordinación Regional Culiacán, Centro de Investigación en Alimentación y Desarrollo, Culiacán, 80110, Sinaloa, México.

² Wholesum Harvest, Imuris, 50000, Sonora, México.

³ Unidad Regional Los Mochis, Universidad Autónoma de Occidente, Los Mochis, 81223, Sinaloa, México.

Autor de correspondencia: Judith.salazar17@estudiantes.ciad.mx

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Meloidogyne enterolobii es una especie emergente y considerado como el más dañino entre los nematodos noduladores de raíz debido a su alta agresividad y habilidad para superar la resistencia de diversos cultivos. El objetivo de este estudio fue determinar la agresividad de poblaciones de *M. enterolobii* en plantas de tomate (*Solanum lycopersicum* L.), chile (*Capsicum annuum* L.) y pepino (*Cucumis sativus* L.) bajo condiciones de invernadero.

Para ello, se evaluaron seis poblaciones de *M. enterolobii* recolectadas en áreas hortícolas de Sinaloa, **México**. Las pruebas de patogenicidad y agresividad se realizaron mediante la inoculación de 4500 huevos de *M. enterolobii* en plantas chile (cvs. Revelation y Orizaba), tomate (cvs. Aguamiel e Imperial643), y pepino (cvs. Maximo y Azulan RZ). El índice de agallamiento y el factor de reproducción se evaluaron a los 21, 28 y 35 días después de la inoculación (DDI).

Todas las poblaciones indujeron síntomas de nódulos en raíces a partir de los 21 DDI, y a los 28 DDI se observaron masas de huevos en todos los cultivares. Mientras que, a los 35 DDI, los dos cultivares de pepino mostraron un mayor **índice de agallamiento** y un factor de reproducción dos veces mayor respecto a los cultivares de chile. En conclusión, no existió diferencia significativa de patogenicidad y agresividad entre las seis poblaciones de *M. enterolobii*; sin embargo, se observó claramente que las poblaciones mostraron un mayor índice de agallamiento y factor de reproducción en plantas de pepino, respecto a las plantas de chile y tomate.



El gen *iaaL* en el complejo *Pseudomonas syringae*: caracterización funcional y actividad biológica

Hilario Domínguez-Cerván^{1,2}, Adrián Pintado^{1,2}, Soon Go Lee³, Cayo Ramos^{1,2*}.

¹Área de Genética, Facultad de Ciencias, Campus Teatinos s/n, Universidad de Málaga, E-29010 Málaga, España

²Microbiología y Protección de Cultivos, Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea "La Mayora", Extensión Campus de Teatinos, Universidad de Málaga-Consejo Superior de Investigaciones Científicas (IHSM-UMA-CSIC), 29010 Málaga, España

³Department of Chemistry and Biochemistry, University of North Carolina Wilmington, Wilmington, NC 28403, USA

*crr@uma.es

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Las bacterias fitopatógenas del complejo *Pseudomonas syringae* son agentes causales de enfermedades en multitud de huéspedes leñosos y herbáceos. El ácido indol-3-acético (IAA) es una fitohormona tipo auxina cuya producción es frecuente en bacterias asociadas a plantas. Algunas cepas de *P. syringae* conjugan el IAA con L-lisina (L-Lys), obteniéndose el conjugado indol-3-acetil-ε-L-lisina (IAA-Lys), mediante la enzima IAA-Lys sintasa, codificada por el gen *iaaL*. El conjugado IAA-Lys es biológicamente menos activo que el IAA, por lo que su producción podría controlar los niveles de IAA libre en el citoplasma bacteriano y/o la secreción al tejido vegetal. Se han descrito tres alelos del gen *iaaL* en el complejo *P. syringae* (*iaaLPsv*, *iaaLPsn*, *iaaLPto*). Recientemente, identificamos un cuarto alelo (*iaaLPsf*) en el genoma de cepas aisladas de fresno (*Fraxinus excelsior*). Sin embargo, no se habían realizado hasta ahora análisis comparativos de las actividades bioquímicas y biológicas de las diferentes isoenzimas IaaL. En este trabajo analizamos el contexto génico de los cuatro alelos del gen *iaaL* en una colección de cepas del complejo *P. syringae*. Construimos cepas que sobreexpresan cada uno de estos alelos y analizamos su actividad biológica utilizando un ensayo de elongación radicular en *Arabidopsis thaliana*. Finalmente, expresamos estos alelos en *E. coli*, lo que permitió purificar las isoenzimas IaaL y analizar sus actividades específicas mediante un ensayo *in vitro* de acoplamiento enzimático. Nuestros resultados sugieren que la variación alélica del gen *iaaL* podría relacionarse con la adaptación de la concentración de IAA sintetizada por el patógeno y al huésped infectado.



Los factores ambientales, luz y temperatura, modifican la formación de la biopelícula en *Pseudomonas syringae* pv. *syringae*

José A. Gutiérrez-Barranquero^{1,2}, Zaira Heredia-Ponce^{1,2}, Saray Santamaría-Hernando³, Emilia López-Solanilla^{3,4}, Francisco M. Cazorla^{1,2}, Antonio de Vicente^{1,2}.

¹ Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea La Mayora (IHSM-UMA-CSIC), Málaga, España.

² Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias, Universidad de Málaga, Málaga, España.

³ Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas (CBGP), Universidad Politécnica de Madrid (UPM) - Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria (INIA), Madrid, España.

⁴ Departamento de Biotecnología-Biología Vegetal, Escuela Técnica Superior de Ingeniería Agronómica, Alimentaria y de Biosistemas, Universidad Politécnica de Madrid, Madrid, España.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Las biopelículas bacterianas están formadas por agregados celulares embebidos en una matriz extracelular de producción propia, formada principalmente por exopolisacáridos (EPS), proteínas y ADN extracelular. Existen datos recientes que sugieren que entre el 40-80% de las bacterias se encuentran formando biopelículas en la naturaleza, y que la formación de las biopelículas se ve afectada por factores ambientales. *Pseudomonas syringae* pv. *syringae* (Pss) es una bacteria fitopatógena causante de la necrosis apical del mango (NAM), enfermedad limitante de la producción de este cultivo en la región mediterránea. En Pss se ha descrito una conexión entre factores ambientales y la incidencia y severidad de la NAM, jugando los EPS celulosa y uno tipo-Psl, un papel relevante en la transición entre un estilo de vida epífito o patógeno. En este trabajo, se ha analizado el papel de algunos factores ambientales relevantes como son la luz y la temperatura en la formación de la biopelícula *in vitro* en una colección de cepas de Pss aisladas de mango. Los resultados obtenidos sugieren que la temperatura y particularmente la luz pueden influir en la formación de las biopelículas a través de la biosíntesis de los EPS, principalmente celulosa. Además, también se ha observado como niveles más bajos de producción de celulosa podrían estar asociados con una mayor virulencia. Estos resultados indican que los EPS, y principalmente celulosa juegan un papel clave en la ecología de Pss sobre la planta de mango a través de la formación de la biopelícula.

Este trabajo ha sido financiado por Proyectos de Excelencia de la Junta de Andalucía (P12-AGR-1473), cofinanciado con ayudas a proyectos I+D+i en el marco del Programa Operativo FEDER Andalucía (UMA20-FEDERJA-060).



Caracterización de la población de *Trichoderma* en suelos rizosféricos de plataneras afectadas por *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* en Canarias

Raquel Correa Delgado, Patricia C. Pérez Parrado, Patricia Brito López, Noelia Rodríguez Cabrera, María del Carmen Jaizme Vega, Federico Laich.

Unidad de Protección Vegetal, Instituto Canario de Investigaciones Agrarias. Ctra. Boquerón, s/n, San Cristóbal de La Laguna

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Diferentes enfermedades afectan el cultivo de plátano en las zonas subtropicales, entre ellas, cabe destacar el mal de Panamá causada por *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* (*Foc*). Actualmente, no existe un método capaz de erradicar o controlar eficazmente el patógeno y, en este contexto, la selección de biocontroladores procedentes de una microbiota nativa rizófica puede ser una alternativa eficaz y sostenible. Para ello, el primer paso esencial es conocer la diversidad de los potenciales agentes de biocontrol en el hábitat donde se quieren aplicar. El objetivo del trabajo fue caracterizar las poblaciones de *Trichoderma* asociadas a suelos de platanera afectados por el mal de Panamá. Se analizaron 14 fincas ubicadas en diferentes condiciones bioclimáticas. En cada finca se recolectó suelo rizoférico de tres plantas con síntomas y tres plantas asintomáticas. A partir de cada muestra de suelo se realizó el aislamiento de las colonias de *Trichoderma* y se obtuvieron un total de 210 aislados: 100 de plantas con síntomas y 110 de plantas asintomáticas. La identificación se realizó mediante secuenciación y análisis filogenético del gen *tef1*. Se identificaron 12 especies: *Trichoderma gamsi*, *T. hirsutum*, *T. cf. lixii*, *T. harzianum*, *T. cf. harzianum*, *T. virens*, *T. guizhouense*, *T. atrobrunneum*, *T. asperellum*, *T. hamatum*, *T. afroharzianum* y *T. longibrachiatum*. Las especies predominantes, en plantas sintomáticas y asintomáticas, fueron *T. cf. harzianum* y *T. virens*. Este estudio permitió demostrar un elevado grado de diversidad del género *Trichoderma* asociado a platanera y conocer la distribución de las especies en los diferentes hábitats analizados.



La relación entre la luz y *Monilinia fructicola*

Juan Diego Astacio¹, Eduardo A. Espeso², Paloma Melgarejo³, Antonieta De Cal¹

¹Grupo Hongos Fitopatógenos, Departamento de Protección Vegetal, Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria (INIA-CSIC), Madrid, Spain.

²Laboratorio de Biología Celular de *Aspergillus*, Departamento de Biología Celular y Molecular, Centro de Investigaciones Biológicas Margarita Salas-Consejo Superior de Investigaciones Científicas, Madrid, Spain.

³Dirección General de Producciones y Mercados Agrarios, Ministerio de Agricultura, Pesca y Alimentación, Madrid, Spain.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Monilinia fructicola es la especie más virulenta, del género fúngico *Monilinia*, causante de la podredumbre parda en los cultivos de fruta de hueso. Esta especie posee diferentes factores de virulencia relacionados con la degradación de la pared celular o la producción de toxinas en la interacción huésped-patógeno. Las condiciones climáticas que más influyen en su proceso de infección son la temperatura y la humedad. Sin embargo, la luz representa una señal para la regulación de la virulencia en muchos patógenos microbianos, habiéndose demostrado su efecto en el desarrollo de *M. laxa*.

Para conocer la influencia de la luz en *M. fructicola*, se estudió su efecto sobre el crecimiento y la esporulación del aislado de *M. fructicola* (38C) en medio de cultivo. Además se identificaron posibles genes fotoinducibles mediante el análisis de su genoma y predicción de dominios de sus proteínas derivadas, analizando sus perfiles transcripcionales bajo diferentes condiciones de luz/oscuridad. Para ello, *M. fructicola* se inoculó sobre nectarinas Red Jim que se incubaron durante 24 h en oscuridad y posteriormente fueron sometidas a pulsos de luz durante 5 min, 1h, 2,5h, 5h, y 14h.

Se demuestra que *M. fructicola* es capaz de responder al estímulo luz, y que la cantidad y cualidad de la luz afectan a su crecimiento y esporulación, modificando los niveles de expresión génica de genes fotoinducibles como *VIVID*.



Presencia de hongos micorrícicos en suelos de platanera con síntomas del mal de Panamá

Raquel Correa Delgado, Patricia C. Pérez Parrado, Alejandra Hernández Afonso, Patricia Brito López, Federico Laich, María del Carmen Jaizme Vega.

Unidad de Protección Vegetal, Instituto Canario de Investigaciones Agrarias. Ctra. Boquerón, s/n, San Cristóbal de La Laguna

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

El mal de Panamá es una enfermedad que afecta las Musáceas y está causada por el patógeno *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* (Foc). Este hongo puede sobrevivir en el suelo durante años, hasta el momento que las esporas germinan y colonizan las raíces. En estas condiciones, los microorganismos simbiosntes nativos juegan un rol en la protección de la planta frente al patógeno y las micorrizas arbusculares (MA) son un claro ejemplo de ello. El objetivo fue analizar la población de las MA en suelos rizosféricos de platanera con y sin síntomas de mal de Panamá. El suelo fue obtenido a partir de 14 fincas ubicadas en diferentes condiciones bioclimáticas. En cada finca se recolectó suelo rizosférico de tres plantas con síntomas y tres plantas asintomáticas. De cada suelo se cuantificaron las clamidosporas de las MA y la colonización micorrícica en planta, utilizando para ello plantas de platanera a modo de “planta trampa”. Se observaron diferencias significativas en el porcentaje de colonización micorrícica entre suelos provenientes de plantas con síntomas y asintomáticas de la zona sur de Tenerife. Por su parte, se observaron diferencias entre suelos del norte y del sur, únicamente en suelos provenientes de plantas con síntomas. Por lo tanto, la relación micorriza-platanera estaría afectada por las condiciones bioclimáticas del suelo de origen y por el estado sanitario de la planta. En el recuento de clamidosporas, no se observaron diferencias significativas entre suelos, por lo tanto, aparentemente, el inóculo total de hongos micorrícicos es similar en todos los suelos.



Aumento de los chancros y muerte regresiva en arándanos causados por *Neofusicoccum parvum* o *Lasiodiplodia theobromae* debido a la interacción con la infección de raíz causada por *Macrophomina phaseolina*

Celia Borrero^{1*}, Berta. de los Santos², Manuel Avilés¹

¹ Dpto. Agronomía, E.T.S.I.A. Universidad de Sevilla, Ctra. Utrera km 1, C.P. 41013 Sevilla

² IFAPA Centro Las Torres, Apdo. Oficial, 41200 Alcalá del Río, Sevilla

*cborrero@us.es

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Huelva es la mayor zona productora de arándano en primavera temprana en Europa. Es un cultivo intensivo. Los chancros y la muerte regresiva de ramas causados por hongos de la familia Botryosphaeriaceae es una enfermedad emergente en todo el mundo. En Huelva las especies asociadas a esta sintomatología son *Neofusicoccum parvum*, *N. australe* y *Lasiodiplodia theobromae*. Por otro lado, *Macrophomina phaseolina* produce podredumbre carbonosa en raíces. Se han encontrado frecuentemente plantas con chancros y podredumbre carbonosa debidos a estas especies por lo que se consideró la posible interacción entre ambas infecciones. En este trabajo se muestreó una finca de arándanos con una alta incidencia de chancros y muerte regresiva de ramas en la que se analizaron ramas y raíces de las plantas afectadas. El mayor número de plantas casi muertas o muertas presentaron coinfección de *N. parvum* o *L. theobromae* y *M. phaseolina*. Por este motivo se diseñaron ensayos donde se inocularon *N. parvum* o *L. theobromae* en ramas, con y sin *M. phaseolina* inoculada en la rizosfera. Los resultados indicaron que la severidad de los chancros aumentó debido a la coinfección de raíz con *M. phaseolina* dependiendo del cultivar y de si en la rama se inoculaba con *N. parvum* o *L. theobromae*. Estos resultados muestran la complejidad de esta enfermedad, lo que debe ser tenido en cuenta en su manejo.



Evaluación de diferentes métodos de estabilización del microbioma xilemático del olivo para su análisis mediante NGS

Carmen Haro¹, Manuel Anguita-Maeso¹, Guillermo León-Ropero¹, Carlos Quiles-Pando¹, Juan Imperial², Juan A. Navas-Cortés¹, Blanca B. Landa del Castillo¹

Filiación: ¹Departamento de Protección de Cultivos, Instituto de Agricultura Sostenible, Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), 14004, Córdoba, España.

² CBGP-INIA, CSIC-UPM, 28223, Pozuelo de Alarcón, Madrid, España.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

La recuperación del microbioma xilemático del olivo a partir de savia extraída con cámara de Scholander para su análisis mediante NGS no siempre es fácil ni asequible, especialmente cuando se muestrea lejos del laboratorio y su procesamiento puede no ser inmediato. En este trabajo se han evaluado seis métodos de estabilización del microbioma a partir de fragmentos de tallo que incluyen cuatro soluciones (CTAB, 95% etanol, PBS y PB), gel de sílice, y muestras no tratadas. Para seleccionar el mejor sistema de estabilización se compararon los resultados frente al tiempo de referencia (T_0) en el que la extracción del ADN se llevó a cabo el mismo día de muestreo, mientras que las muestras estabilizadas y almacenadas a temperatura ambiente se analizaron a intervalos semanales (hasta 4 semanas). Los resultados mostraron que el PBS modifica drásticamente la diversidad y la abundancia relativa de las comunidades bacterianas respecto a los estimados en momento inicial T_0 . Las soluciones de etanol, PB y CTAB arrojaron una mayor estabilización del microbioma xilemático, pero con cambios significativos a lo largo del tiempo. Finalmente, los métodos de desecación por gel de sílice y las muestras no tratadas presentaron el perfil de comunidades bacterianas con menor variación temporal y mayor similitud comparadas con T_0 . Estos resultados nos han permitido diseñar un kit de muestreo que proporcionaremos a productores para llevar a cabo un muestreo masivo en diferentes zonas olivareras de toda Andalucía y nos permitirá modelizar a gran escala el microbioma xilemático del olivo.

Financiado por PID2020-114917RB-I00 (AEI)



Variación estacional del microbioma xilemático de cultivares de olivo

Carmen Haro, Juan C. Rivas Romero, José L. Trapero-Casas, Guillermo León Roper, Juan A. Navas-Cortés, Manuel Anguita-Maeso, Blanca B. Landa del Castillo.

Filiación: Departamento de Protección de Cultivos, Instituto de Agricultura Sostenible, Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), 14004, Córdoba, España.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

El olivo es una especie de alta relevancia económica y medioambiental actualmente amenazada por patógenos vasculares como *Xylella fastidiosa* (Xf) y *Verticillium dahliae* (Vd). Para una mayor comprensión de los factores determinantes de estas enfermedades así como el desarrollo de estrategias de biocontrol, en este trabajo hemos caracterizado la estructura y diversidad del microbioma habitante de la savia del xilema de dos cultivares de olivo (Picual y Arbequina) mediante la secuenciación masiva del rRNA. Los resultados indicaron que los cambios ambientales asociados a la estacionalidad en el muestro afectaron significativamente tanto la alfa- como la beta-diversidad del microbioma, mientras que el genotipo de la planta o el hecho de que las variedades de olivo crezcan sobre su propio pie o injertadas sobre patrones de acebuche resistentes a Vd tuvieron escasa influencia. La savia xilemática analizada en invierno presentó una mayor riqueza de especies tanto en las comunidades bacterianas como fúngicas, en comparación con la analizada en verano. Los géneros bacterianos *Meiothermus*, *Brevundimonas* y *Pseudomonas* y el hongo *Malassezia* fueron significativamente más abundantes en verano que en invierno, mientras que *Hymenobacter*, *Geobacillus*, *Brevibacillus*, *Paenibacillus*, *Microvirga*, *Novosphingobium* y *Variovorax* y *Aureobasidium*, *Buckleyzyma*, *Tausonia*, *Symmetospora* y *Didymella* fueron respectivamente las bacterias y hongos más abundantes en invierno. Estos resultados son relevantes para seleccionar microorganismos antagonistas que puedan establecer niveles poblacionales altos y estables en el xilema de olivo para el desarrollo de estrategias de biocontrol de patógenos vasculares como Xf y Vd.

Financiado por los proyectos XF-ACTORS (H2020), AGL2016-75606-R y PID2020-114917RB-I00 (AEI)



Differential gene expression in *Agaricus bisporus* under bubble infection

María Luisa Tello Martín¹, Sioly Becerra², Margarita Pérez Clavijo¹, Michael Thon², Ernesto Pérez Benito²

¹ Mushroom Technological Research Center of La Rioja (CTICH), Ctra. Calahorra km 4, 26560 Autol (La Rioja), Spain.

² Universidad de Salamanca. Instituto de Investigación en Agrobiotecnología (CIALE). Calle Río Duero 12, 37185 Villamayor (Salamanca), Spain.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

The fungal pathogens *Mycogone perniciosa* and *Lecanicillium fungicola* cause wet bubble and dry bubble disease respectively, being a major threat to *A.bisporus* production worldwide.

To gain information about the genetic factors participating, a RNAseq analysis was devised. RNA was extracted from *A.bisporus* tissues infected by *M.perniciosa* and *L.fungicola*. RNA samples from healthy *A.bisporus* tissues were also included. To identify *A.bisporus* genes being specifically expressed during the interaction, reads were mapped to the *A.bisporus* reference genome (https://genome.jgi.doe.gov/portal/AgabisbisporuH97_FD/AgabisbisporuH97_FD.info.html) and selected. Then, a differential gene expression analysis was carried.

Differentially expressed genes (DEGs) analysis between healthy *A.bisporus* and *A.bisporus* parasitized by *M.perniciosa* was performed, obtaining differences in the principal component analysis (PCA) completed with DESeq2 (RStudio), finding 468 upregulated and 404 downregulated genes.

DEGs analysis between healthy *A.bisporus* and *A.bisporus* parasitized by *L.fungicola* was also completed. Differences were observed in the PCA as well, finding 805 upregulated and 454 downregulated genes. Using KOBAS 3.0 (<http://kobas.cbi.pku.edu.cn/genelist/>), an enrichment analysis was performed. Within the group of DEGs induced in response to both pathogens, the most significantly enriched Kegg Pathway term was "ABC transporters" (ABCB1 and PDR5) that according to Viglas *et al.*, 2021 are related with mating pheromone transporters and azole efflux pump.

DEGs lists constitute the starting data set in our study. Efforts are being done to extend the characterization of individual genes. This, together with an enrichment analysis, is providing information about the genetic basis of the interactions between *A.bisporus* and its two main parasitic fungi, so far very poorly characterized.



Functional and evolutionary characterization of fungal effectors in *Colletotrichum graminicola*: the causal agent of maize anthracnose

Pablo García-Rodríguez, Francisco Borja Cuevas-Fernández, Angélica Mariana Robledo-Briónes, Riccardo Baroncelli, Michael R. Thon and Serenella A. Sukno.

Institute for Agribiotechnology Research (CIALE), University of Salamanca, Villamayor, Spain

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Colletotrichum is one of the top 10 genera of fungal plant pathogens, causing disease in almost all crops worldwide. *C. graminicola* is one of the most important species, causing maize anthracnose. The genome of *C. graminicola*, like other plant pathogens, contain genes encoding effectors that modulate the plant defense response to allow the establishment of infection of the host plant. Previously, we used a computational approach to identify species-specific candidate effector proteins in the *C. graminicola* genome. One of these, CgEP1, is an essential effector for pathogenicity. CgEP1 consists of five to eight tandem repeats and is translocated to the host nucleus. We found other two homologous genes (*CgEP4* and *CgEP5*) in the *C. graminicola* genome that encode secreted proteins showing high similarity to the N-terminal region of CgEP1. qRT-PCR analyses showed that *CgEP1* and *CgEP4* are most expressed at late biotrophy stage, while *CgEP5* is overexpressed during the necrotrophic phase. We studied the evolution of these three genes in 42 species of *Colletotrichum* covering the diversity of the genus and found homologs of *CgEP4* and *CgEP5* in distant *Colletotrichum* species. We selected CgEP4 for further functional characterization. CgEP4 is composed of a set of five α -helix chains and five β -sheet chains. Assays of virulence showed that a *CgEP4* deletion mutant has reduced virulence compared to the wild type strain confirming its role as an effector. Additional phenotypic characterization of this mutant and its complemented strain are underway.



Fungi as biological agents to control *Rumex lunaria* in Lanzarote, Canary Islands

María Bernardos^{*a}, Natalia Sierra Cornejo ^a, Carmen G. Rodríguez ^b, José R. Arévalo ^a, Raimundo Cabrera ^a.

^a Grupo CIPEV, Departamento de Botánica, Ecología y Fisiología Vegetal, Universidad de La Laguna, La Laguna, Tenerife, España. 38200

^b Gabinete de Estudios Ambientales (GEA), S.L.U., Tenerife, España. 38591

*Correspondence: mariabernardoshernandez@gmail.com

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

ABSTRACT

Since its introduction, alien *Rumex lunaria* has colonized Lanzarote Island, reaching Timanfaya National Park and endangering its vulnerable ecosystem. During a search for phytopathogenic fungi from symptomatic plants, 106 strains were isolated and identified by morphological characters and Internal Transcribed Spacer (ITS) region sequencing.

After a screening process with isolated strains from roots of *R. lunaria* under greenhouse conditions, an increase in the percentage of dried leaves was observed in plants treated with strain 960 *Fusarium* sp. section FIESC after three months (Tukey test, $p < 0.05$). These results indicate a detrimental effect on leaf production, as the fungal strain might have disturbed the water transport. The presence of the strain was confirmed by isolation from symptomatic leaf samples of treated plants. To determine whether this effect also occurs on plants under natural conditions, a field spraying experiment was performed in Lanzarote. The presence of the fungal strain indicates constant values of the % NL at three, seven and twelve weeks considering the initial moment (Tukey test, $p < 0.05$). Control group slightly increased (10% NL) at three weeks-time. Yet, between control group and treated plants only a slight diminishing effect (10%) in new leaves was observed (Tukey test, $p < 0.05$). Although results were not promising in field assays, observations under controlled conditions indicate a potential use as biological control agent after future optimization of strain eco-physiological conditions. This study is part of the project “Nuevas actuaciones para el control de la calcosa”, funded by Centros de Arte, Cultura y Turismo de Lanzarote.



Gama de hospedadores vegetales de cepas de *Xylella fastidiosa subsp. multiplex* del foco de Alicante

María Luisa Domingo-Calap^{1,2}, Miriam Simó-Esquivel^{*1,2}, C.M. Aure², I. Navarro-Herrero², E.G. Biosca³, M. Román-Écija⁴, B.B. Landa⁴, M. Saponari⁵, Ester Marco-Noales²

¹ Tragsa, Empresa de Transformación Agraria, Delegación de Valencia.

² Centro de Protección Vegetal y Biotecnología. Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias (IVIA), Moncada (Valencia).

³ Departamento de Microbiología y Ecología. Facultad de Ciencias Biológicas. Universitat de València.

⁴ Instituto de Agricultura Sostenible, Consejo Superior de Investigaciones Científicas (IAS-CSIC), Córdoba.

⁵ Istituto per la Protezione Sostenibile delle Piante, CNR, Bari, Italia.

E-mail: simoesquivel@gmail.es

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Xylella fastidiosa (Xf) es una bacteria que causa graves enfermedades en cultivos, plantas ornamentales y silvestres de una amplia gama de especies botánicas. En España hay dos focos activos, uno en Baleares y otro en la provincia de Alicante. En el de Alicante el principal hospedador es el almendro y, hasta el momento, solo se ha identificado la subespecie *multiplex* ST6. Dado que aún no se conoce suficientemente la gama de hospedadores que cada subespecie y ST pueden infectar, es necesario realizar ensayos de patogenicidad en las principales especies vegetales de interés.

Se seleccionaron dos cepas, siete especies vegetales de relevancia agronómica (almendro, olivo, vid, limonero, naranjo, mandarino y níspero), algunas con diversas variedades, y dos especies forestales de gran importancia en el paisaje mediterráneo (encina y alcornoque). La bacteria se inoculó mecánicamente en el xilema y se realizó un seguimiento periódico durante más de dos años, mediante observación de la aparición de síntomas y análisis por PCR en tiempo real.

Los resultados revelan que, en general, el movimiento de la bacteria en la planta fue lento y no siguió un patrón predecible en el tiempo. Solo se observaron síntomas en algunos almendros tras un año desde la inoculación. Tras 24 meses, Xf se detectó en menos de un 7% de las plantas inoculadas, en zonas no muy distantes del punto de inoculación, y con valores de Cq muy tardíos.

Trabajo parcialmente financiado por ERTA2017-00004-C01 y C02, Interprofesional del Aceite de Oliva y Conselleria de Agricultura de la Generalitat Valenciana.



Evaluación del efecto de la luz en el crecimiento, desarrollo y virulencia de *Monilinia* spp., agente causal de la podredumbre parda en nectarinas

Lucía Verde-Yáñez*, Núria Vall-Illaura, Josep Usall, Neus Teixidó, Rosario Torres

IRTA, Programa de Poscosecha, Edificio Fruitcentre, Parque Científico y Tecnológico Agroalimentario de Lleida, Parque de Gardeny, 25003 Lleida, Cataluña. *Autor de correspondencia: lucia.verde@irta.cat
Lucía Verde-Yáñez (lucia.verde@irta.cat), Núria Vall-Illaura (nuria.vall-illaura@irta.cat), Josep Usall (Josep.Usall@irta.cat), Neus Teixidó (neus.teixido@irta.cat), Rosario Torres (rosario.torres@irta.cat).

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

La podredumbre parda causada por *Monilinia* spp. es responsable de importantes pérdidas económicas en fruta de hueso, influenciada por factores abióticos, como la temperatura, la humedad y la luz. Sin embargo, existen escasos estudios sobre el efecto de las longitudes de onda en el desarrollo y virulencia de este patógeno. En este estudio se ha evaluado cómo las diferentes longitudes de onda (blanca, negra, azul, roja y roja lejana) afectan al desarrollo *in vitro* de *Monilinia* (*M. laxa*, *M. fructicola* y *M. fructigena*), así como la expresión génica de 13 genes ligados al desarrollo del hongo. Además, se ha analizado la capacidad infectiva de *Monilinia* spp. en nectarinas después de exponer los cultivos de *Monilinia* spp. a las diferentes longitudes de onda. Nuestros resultados muestran que *Monilinia* spp. exhibe una respuesta diferencial dependiendo de la luz, en cuanto a pigmentación, crecimiento radial y, especialmente, conidiación. El análisis de la expresión génica reveló un patrón de expresión diferente tanto entre especies como longitudes de onda. La capacidad de producir podredumbre en nectarinas se redujo al incubarse previamente *M. laxa* y *M. fructicola* bajo luz negra. No se observó este efecto en *M. fructigena*. Estos resultados muestran la importancia de la tipología de luz en la biología y virulencia de *Monilinia* spp.; influyendo en la propagación y aparición de la enfermedad en poscosecha.

Este trabajo fue financiado por los proyectos AGL2017-84389-C2-1-R y PID2020-115702RB-C22 del Gobierno de España mediante la beca de doctorado PRE2018-085428 (L.V.-Y.) y el Programa CERCA/Generalitat de Catalunya



Explorando parámetros bioquímicos en dos poblaciones interespecíficas de *Prunus* spp. con diferente susceptibilidad a la podredumbre parda causada por *Monilinia* spp.

Lucía Verde-Yáñez*, Josep Usall, Núria Vall-Illaura, Neus Teixidó, Carla Casals, Rosario Torres IRTA, Programa de Poscosecha, Edificio Fruitcentre, Parque Científico y Tecnológico Agroalimentario de Lleida, Parque de Gardeny, 25003 Lleida, Cataluña. *Autor de correspondencia: lucia.verde@irta.cat Lucía Verde-Yáñez (lucia.verde@irta.cat), Josep Usall (Josep.Usall@irta.cat), Núria Vall-Illaura (nuria.vall-illaura@irta.cat), , Neus Teixidó (neus.teixido@irta.cat), Carla Casals (carla.casals@irta.cat) Rosario Torres (rosario.torres@irta.cat).

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

La podredumbre parda es una de las principales enfermedades en fruta de hueso causada por *Monilinia* spp. Esta enfermedad afecta principalmente a melocotones y nectarinas, ocasionando graves pérdidas en el campo y en poscosecha. Una de las líneas de investigación para reducir las pérdidas ocasionadas por este patógeno consiste en encontrar fuentes de resistencia a la enfermedad. En este estudio se ha aplicado un test de fenotipaje durante dos años consecutivos en dos poblaciones interespecíficas procedentes de un cruzamiento entre *Prunus davidiana* x *Prunus persica*, para evaluar su susceptibilidad a *Monilinia fructicola*. Los resultados permitieron clasificar los individuos en diferentes rangos de susceptibilidad a la enfermedad, desde individuos tolerantes a la podredumbre parda hasta individuos con altos niveles de susceptibilidad. Los individuos que mostraron mayor y menor susceptibilidad a *M. fructicola* se caracterizaron a nivel bioquímico, tanto en piel como en pulpa, analizando compuestos fenólicos y antioxidantes totales, así como también el contenido de especies reactivas de oxígeno. Los resultados obtenidos permitirán identificar la relación entre estos metabolismos y la resistencia de este material vegetal a la podredumbre parda.

Este trabajo fue financiado por el proyecto PID2020-115702RB-C22 del Gobierno de España mediante la beca de doctorado PRE2018-085428 (L.V.-Y.) y el Programa CERCA/Generalitat de Catalunya



Bc116, un mutante natural de *Botrytis cinerea* insensible a la luz y alterado en patogenicidad

Álvaro Hernández Alonso, Virginia Casado del Castillo, José María Díaz Mínguez y Ernesto Pérez Benito

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

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN:

Botrytis cinerea es un hongo fitopatógeno necrotrofo con un amplísimo rango de huéspedes. Causa la podredumbre gris en numerosas especies, en particular en *Vitis vinifera*. Para diseccionar y estudiar la base genética de su capacidad de infectar a la planta huésped se recurre como herramienta experimental a la obtención y caracterización de mutantes alterados en patogenicidad, generalmente derivados de procesos de mutagénesis al azar o dirigida. *B. cinerea* es un patógeno muy variable y tremendamente plástico. Las poblaciones naturales del patógeno constituyen una fuente muy importante de variación natural en relación con características muy diferentes, en particular en relación con su capacidad de infectar.

Los muestreos llevados a cabo en los viñedos de Castilla y León han permitido purificar una colección de aislados de *B. cinerea* alterados en patogenicidad. Su caracterización ofrece información sobre procesos y factores esenciales en el proceso de infección. El aislado Bc116 muestra una reducción en su capacidad de causar lesión en hojas de judía y es absolutamente incapaz de causar lesión en hojas de vid en condiciones de luz. Bc116, además, se comporta como un mutante ciego que muestra un fenotipo característico de hiperconidiación y que no produce esclerocios. Es muy interesante destacar que Bc116 recupera su capacidad de infección en condiciones de oscuridad permanente, observación que vincula la capacidad de infección con la sensibilidad a la luz. El análisis genético de la descendencia de cruzamientos controlados demuestra que todos estos fenotipos cosegregan y que son características controladas por un único gen.



Fitopatología y Genética: el análisis de la variación natural y la identificación de dianas de control de la podredumbre gris

Ernesto Pérez Benito¹, Virginia Casado del Castillo¹, Wilson Acosta Morel¹, Yasmine Karki Martín¹, Alessandro Gabrielli¹, Sioly Becerra¹, Riccardo Baroncelli², Michael Thon¹, Jan van Kan³, José María Díaz Mínguez¹

Filiación: ¹ Departamento de Microbiología y Genética, Instituto de Investigación en Agrobiotecnología (CIA-LE), Universidad de Salamanca, Salamanca, España; ² University of Bologna. Department of Agricultural and Food Sciences; ³ Laboratory of Phytopathology, Wageningen University, Wageningen, The Netherlands.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN:

Botrytis cinerea es el agente causal de la podredumbre gris en la vid y en numerosas especies vegetales. La agricultura sostenible necesita herramientas para una “protección de cultivos de precisión” que debe basarse en un conocimiento preciso de las interacciones planta-patógeno y en la disponibilidad de dianas de intervención específicas. La genética pone a disposición de la fitopatología fundamentos y aproximaciones que contribuyen a progresar en este doble objetivo.

La variación genética constituye la base del análisis genético. Las características genéticas de *B. cinerea* lo convierten en un organismo muy plástico. En consecuencia, sus poblaciones naturales “almacenan” una enorme diversidad genética. El estudio de estas poblaciones de *B. cinerea* en los viñedos de Castilla y León facilita el análisis del modo en el que la variación se estructura en las mismas. Su estudio ha permitido, además, identificar una colección de variantes naturales del patógeno alterados en patogenicidad. De su caracterización fisiológica se derivan propiedades comunes que informan de una conexión entre sensibilidad a la luz y procesos morfogenéticos y de desarrollo. Su supervivencia en el campo, aún presentando una capacidad de infección y de dispersión muy limitadas, suscita cuestiones importantes acerca de su eficacia biológica. La caracterización genética de estos mutantes naturales está permitiendo identificar factores de patogenicidad con un gran potencial como dianas para estrategias de control alternativas. Muestreos recientes en viñedos de la comunidad están permitiendo identificar nuevos mutantes.



Influencia del cultivar y tratamientos de biocontrol sobre el efecto de extractos de tallo de olivo en la viabilidad de conidios de *Verticillium dahliae*

Ana López-Moral, Carlos Agustí-Brisach, Francisco M. Leiva-Egea, Antonio Trapero, Departamento de Agronomía, Unidad de Excelencia María de Maeztu 2020-23, ETSIAM, Universidad de Córdoba, Campus de Rabanales, Edif. C4, 14071 Córdoba

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

El efecto de los extractos de tallo de olivo (*Olea europaea*) sobre la viabilidad de los conidios de *Verticillium dahliae*, agente causal de la verticilosis del olivo, es poco conocido. El objetivo principal de este trabajo fue determinar la influencia de la resistencia varietal de olivo, y la interacción entre variedades y tratamientos de biocontrol sobre el efecto de los extractos de tallo sobre la germinación de conidios de *V. dahliae* mediante ensayos *in vitro*. Para ello, se obtuvieron extractos de tallo de 'Frantoio', 'Arbequina' y 'Picual', tolerante, moderadamente susceptible y susceptible a *V. dahliae*, respectivamente, de plantones sin tratar o tratados con agentes de biocontrol (*Aureobasidium pullulans* AP08, *Phoma* sp. ColPat-375, *Bacillus amyloliquefaciens* PAB-24) o compuestos comerciales [lignosulfonato de aluminio (IDAI Brotaverd®), fosfito de cobre (Phoscuprico®), fosfito de potasio (Naturfos®) y ácido salicílico] efectivos en la reducción de la enfermedad según estudios previos. Nuestros resultados indican que la influencia de los tratamientos frente al patógeno depende del genotipo, ya que a mayor resistencia varietal menor es el efecto de los tratamientos sobre la capacidad de los extractos de tallo para inhibir la germinación de conidios. En 'Picual', los tratamientos con *B. amyloliquefaciens* PAB-24 y fosfito de cobre fueron los más efectivos en la inhibición de la germinación de conidios por los extractos. Este trabajo representa una primera aproximación para dilucidar el papel de la variedad y los tratamientos biológicos en la modificación del comportamiento del patógeno mediado por el contenido de la endosfera del olivo.



Desarrollo de un método de colección de exudados radicales de olivo y evaluación de los exudados frente a *Verticillium dahliae*

Ana López-Moral, Antonio R. Sánchez-Rodríguez, Antonio Traperó, Carlos Agustí-Brisach
Departamento de Agronomía, Unidad de Excelencia María de Maeztu 2020-23, ETSIAM, Universidad de Córdoba, Campus de Rabanales, Edif. C4, 14071 Córdoba

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Se ha puesto a punto un método de colección de exudados radicales de plantones de olivo (*Olea europaea*). Para ello, las raíces de olivo se sumergieron en tres soluciones colectoras (agua destilada; solución CaSO_4 0,01 M, solución nutritiva Hoagland) durante cuatro tiempos de colección (2, 4, 6, 12h). La combinación de solución CaSO_4 0,01 M y 4h de tiempo de colección resultó la más idónea para la obtención de exudados radicales. La validación del método se llevó a cabo obteniendo exudados radicales de olivos de variedades con diferentes grados de susceptibilidad a *Verticillium dahliae* ('Arbequina', 'Frantoio', 'Picual') y tratadas o no tratadas con dos agentes de biocontrol (*Bacillus amyloliquefaciens* PAB-024, *Aureobasidium pullulans* AP08) y dos sales de fosfito (Naturfos®, Phoscuprico®). En todos los casos, se evaluó *in vitro* el efecto de los exudados radicales sobre la germinación de conidios y microesclerocios de *V. dahliae*; y se determinó el carbono orgánico total en los exudados. Los exudados de 'Arbequina' y 'Picual' indujeron significativamente la germinación de conidios y microesclerocios de *V. dahliae* en comparación con el control sin exudados. *Aureobasidium pullulans* AP08 fue el tratamiento más efectivo aumentando significativamente el efecto de los exudados sobre la disminución de la viabilidad de las estructuras del patógeno. Los exudados de 'Picual' o 'Frantoio' de plantas tratadas con AP08 mostraron niveles altos de carbono orgánico total. El método de colección de exudados radicales desarrollado en este trabajo resulta efectivo para evaluar el efecto de los exudados de olivo, y la interacción planta-patógeno.



Múltiples relaxasas participan en la movilización conjugativa de los plásmidos de virulencia de *P. syringae* pv. *savastanoi* NCPPB 3335

Maite Añorga¹, Miriam Urriza¹, Cayo Ramos^{2,3}, Jesús Murillo^{1*}

¹IMAB, Universidad Pública de Navarra, Mutilva Baja, Navarra; ²Área de Genética, Facultad de Ciencias, Universidad de Málaga, Málaga; ³Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea "La Mayora", Consejo Superior de Investigaciones Científicas (IHSM-UMA-CSIC), Málaga. *E-mail: jesus.murillo@unavarra.es

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN:

P. syringae pv. *savastanoi* NCPPB 3335 es el agente causal de la tuberculosis del olivo y contiene tres plásmidos nativos totalmente secuenciados —pPsv48A (pA), 80 kb; pPsv48B (pB), 45 kb, y pPsv48C (pC), 42 kb—. En este trabajo mostramos que pB contiene un sistema de secreción tipo IVA completo (comprendiendo los genes *virB1* a *virB11*, y el gen *virD4* de la proteína acopladora) y un origen de transferencia conjugativa (*oriT*, 107 nt) funcional adyacente a una relaxasa tipo MOB_p; pC también contiene un casete *oriT* (146 nt)-MOB_p funcional; mientras que pA contienen un sistema tipo IVB incompleto y carece de *oriT*. pB mostró una frecuencia alta de transferencia ($9.7 \pm 1.1 \times 10^{-3}$ transconjugantes por receptor), mientras que pC fue movilizable ($6.2 \pm 1.1 \times 10^{-5}$), transfiriéndose ambos en medios sólidos y líquidos y en planta. Un mutante de pB en el gen *virB4* no fue conjugativo ni movilizó a pC, indicando que este gen es esencial. Las relaxasas MOB_p muestran una identidad del 86.6% y fueron funcionalmente intercambiables, aunque con una eficiencia diferencial en la movilización de pB y pC. Hemos identificado una relaxasa funcional tipo MOB_Q asociada a un posible putativo *oriT*, que permitió la movilización eficiente de pC (pero no de pB) utilizando el sistema IVA de pB. El plásmido pB se transfirió a 22 cepas de seis filogrupos de *P. syringae*, de entre 43 cepas analizadas, mientras que se detectó la movilización de pC solo a dos cepas del mismo filogrupo que *P. syringae* pv. *savastanoi*.

Financiado con cargo a los proyectos PID2020-115177RB-C22 y PID2020-115177RB-C21/AEI/10.13039/501100011033 (Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades) cofinanciados por FEDER.



Characterization of the *Aspergillus* spp. population in Spanish almond and pistachio orchards and identification of atoxigenic strains of *A. flavus*

M. T. García-López^{1,2}, M. Velez Simon¹, B. Camiletti², F. Priego³, C. A. Ledesma-Escobar³, C.M. Díez¹, T. J. Michailides^{2*} and J. Moral^{1,2*}.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Aspergillus flavus and *A. parasiticus* produce aflatoxins, very potent carcinogenic mycotoxins for humans. Both species can infect several crops, including almond and pistachio. The massive release of atoxigenic strains of *A. flavus* is the most prominent method for limiting aflatoxin contamination in fields. Unfortunately, native atoxigenic strains of *A. flavus* were not described in Spain, important almond, and pistachio producer worldwide. From 2019 to 2021, we surveyed the populations of *A. flavus* and *A. parasiticus* in the Spanish Andalusia and Castilla La Mancha regions. In total, 78 *Aspergillus* section *Flavi* isolates were collected from 13 nut fields. These strains were identified at the species level morphologically and molecularly. Thus, 51 strains were identified as *A. flavus*, eight as *A. parasiticus*, and eight as *A. tamarii*. The *A. flavus* isolates were classified according to the size of their sclerotia and 21 resulted in L-morphotype (large sclerotia, frequently atoxigenic) and 6 in S-morphotype (small sclerotia, primarily toxigenic), while 16 were non-sclerotia producers (NSP). Also, we screened qualitatively toxigenic isolates cultured in Coconut Agar Medium and tested under UV-light. Atoxigenic isolates were double-checked by LC/MS Q-TOF spectrometry. L- strains of *A. flavus* were significantly ($P = 0.048$) more prevalent than S- strains in both regions. Four *A. flavus* were identified as atoxigenic and 6 *A. tamarii* strains were identified slightly aflatoxigenic. To our knowledge, this is the first report of atoxigenic strains of *A. flavus* native to Spain and of toxigenic isolates of *A. tamarii*.



Pistachio male inflorescences as an alternative substrate for the application of atoxigenic strains of *Aspergillus flavus*

M. Teresa Garcia-Lopez^{1,2}, Ana Gordon¹, Ryan D. Puckett², Coralie Chevailler², Mark Doster², Themis J. Michailides^{2*} and Juan Moral^{1,3*}

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Aflatoxins are carcinogens produced by *Aspergillus flavus* and *A. parasiticus* that can contaminate pistachio. The primary inoculum sources of these pathogens are plant debris in the orchard. In California, the control of aflatoxin contamination is based on releasing AF36 Prevail®, the atoxigenic strain of *A. flavus* AF36 carried on sorghum grains. This method can fail due to poor sporulation of the AF36 strain or sorghum grain losses due to predation. In 2008 and 2018, we showed that toxigenic and atoxigenic isolates of *Aspergillus* spp. frequently colonized fallen inflorescences of male pistachios and abundantly when humidity was higher than 90%. However, there were significant differences ($P < 0.05$) between cultivars (Randy > Peters) and inflorescence types (aerial > fallen). In 2016, we considerably ($P = 0.015$) increased the population of AF36 on the canopies of trees, when fallen inflorescences were inoculated with AF36, compared to non-treated trees. In 2017 and 2018, these differences were not detected ($P > 0.05$) due to cross-contamination of AF36 strain between seasons and neighboring plots. However, the density of AF36 spores on the canopy of the inflorescence-treated trees was similar ($P > 0.05$) to those of treated trees with the commercial product. We present a new method for applying AF36 strain based on using a natural and uniformly distributed substrate in pistachio fields, and we discuss its improvement. Our results indicate that in pistachio orchards, where biocontrol practices are not conducted, eliminating this important source of toxigenic *Aspergillus* inoculum is recommended.



Papel de los plásmidos de virulencia de *Pseudomonas syringae* pv. *savastanoi* NCPPB 3335 en vida libre de la bacteria

Miriam Urriza¹, Maite Añorga¹, Antonio Arroyo-Mateo^{2,3}, Cayo Ramos^{2,3}, Jesús Murillo^{1*}

¹IMAB, Universidad Pública de Navarra, Mutilva Baja, Navarra; ²Área de Genética, Facultad de Ciencias, Universidad de Málaga, Málaga; ³Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea “La Mayora”, Consejo Superior de Investigaciones Científicas (IHSM-UMA-CSIC), Málaga. *e-mail: jesus.murillo@unavarra.es

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

La bacteria *P. syringae* pv. *savastanoi* NCPPB 3335 causa la tuberculosis del olivo y contiene tres plásmidos nativos que han sido secuenciados completamente —pPsv48A (pA), 80 kb; pPsv48B (pB), 45 kb, y pPsv48C (pC), 42 kb—. Los plásmidos pA y pC participan en la biosíntesis de citoquininas mientras que pA y pB contienen cada uno un gen de efectores, y previamente hemos demostrado que son esenciales para la inducción de la sintomatología completa característica de la enfermedad. En este trabajo hemos abordado la evaluación del posible papel de estos plásmidos en vida libre de la bacteria huésped y su coste metabólico. Para ello, hemos construido derivados marcados de los tres plásmidos con diversos genes de resistencia a antibióticos y el gen de selección negativa *sacB*, que se han utilizado para construir cepas con un número variable de plásmidos. Hemos ensayado la velocidad de crecimiento de estos derivados en distintos medios de cultivo, así como su capacidad para competir en cultivos mixtos. En trabajos previos hemos demostrado que los plásmidos pB y pC son transferibles a otras bacterias. Por ello, hemos evaluado asimismo los cambios fenotípicos en virulencia, crecimiento en distintos medios y capacidad competitiva de cepas de *P. syringae* que han recibido pB mediante conjugación. Los resultados de estos ensayos se discutirán en términos de coste-beneficio de los plásmidos de virulencia y de sus estrategias de supervivencia en la población bacteriana.

Financiado con cargo a los proyectos PID2020-115177RB-C22 y PID2020-115177RB-C21/AEI/10.13039/501100011033 (Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades) cofinanciados por FEDER



Dual transport of the coat protein of melon necrotic spot virus to organelles is mediated by Toc159 in chloroplasts and Om64 in mitochondria

María Saiz-Bonilla¹, Andrea Martín-Merchán², Vicente Pallás^{1*}, Jose Antonio Navarro^{1*}.

¹ Department of Molecular and Evolutionary Plant Virology. Institute for Plant Molecular and Cell Biology. Consejo Superior de Investigaciones Científicas-Universitat Politècnica de València, Valencia, Spain.

²Present address: Centre for Research in Agricultural Genomics, Barcelona, Spain.

*Corresponding authors: janavarr@ibmcp.upv.es and vpallas@ibmcp.upv.es

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Dual targeting is a phenomenon by which proteins with a dual target peptide (dTP) are transported to two different subcellular compartments, such as chloroplasts and mitochondria. Both organelles present two different complexes for protein import in their inner and outer membranes. Previously, we have proved that the coat protein of melon necrotic spot virus (MNSV CP) has a dual subcellular location into mitochondrion matrix and chloroplast stroma of *Arabidopsis thaliana* and *Nicotiana benthamiana* plants.

MNSV CP can act as a suppressor of silencing and is structurally divided in three domains: an RNA binding domain (R), a shell domain (S) probably responsible for CP-CP interaction during encapsidation, and a protruding domain (P). The R domain is essential for genome encapsidation, cell-to-cell movement, RNA silencing suppression but also acts as an ambiguous dTP driving CP dual targeting.

Here, our main objective is to decipher a potential relation between CP with chloroplast and mitochondrion translocon receptors, to better understand the molecular mechanisms lying on viral hijacking of cellular pathways to these organelles. For that purpose, we have identified the host receptors that are involved in the dual transport. Next, each receptor was silenced through virus-induced gene silencing and CP transport and MNSV infection were examined. Our results show that the dTP of CP is recognized by different receptors from both outer membrane complexes and thus behave like a host protein. Moreover, receptors-silenced plants, as NbToc159-silenced, have a sharp decrease of MNSV infection, probably due the falling import of the CP inside chloroplasts.



Nuevo agente promotor del crecimiento vegetal: *Rutstroemia calopus*

Fernando Diáñez, Mila Santos, Ana Yélamos, Brenda Sánchez-Montesinos, Alejandro Moreno-Gavira.

Departamento de Agronomía, Escuela Superior de Ingeniería, Universidad de Almería, 04120 Almería, Spain.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Los endófitos septados oscuros (DSE) se aíslan de plantas sanas y forman estructuras melanizadas en las raíces, que incluyen hifas inter e intracelulares y microesclerocios. Numerosos estudios han revelado las relaciones beneficiosas entre las DSE y sus huéspedes, como la mejora del crecimiento de las plantas, la absorción de nutrientes y la resistencia al estrés biótico y abiótico.

Se determinó el efecto de *Rutstroemia calopus* en el desarrollo de plántulas de pimiento, pepino y melón en condiciones de semillero. La aplicación se realizó mediante riego (R) al sustrato a la dosis de 10^2 microesclerocios $\cdot \text{mL}^{-1}$. Se añadió 1 mL de la suspensión por planta en una única aplicación. La duración del ensayo fue de 40 días.

Los resultados obtenidos muestran que en las plántulas de melón se observó un incremento de un 27,08% y 64,69% en el peso seco de la parte aérea y radical, respectivamente.

En las plántulas de pimiento se observó un incremento del 7% en la altura de las plántulas de pimiento, 8,2% en el diámetro, 5,5% en el número de hojas y 15,45% en el peso seco de la raíz.

En las plántulas de pepino se observó un incremento del 13,5% del área foliar, del 85,1% en el peso seco de la raíz, del 8% en la longitud del tallo y un 51,63% en el peso seco total.

En el presente trabajo se describe por primera vez a *Rutstroemia calopus* como promotor del crecimiento vegetal en condiciones de semillero comercial.



Descifrando la implicación de la ruta de quimiopercepción en el control de la virulencia en bacterias fitopatógenas

Martí Munar-Palmer ¹, Saray Santamaría-Hernando ¹, José Juan Rodríguez-Herva ^{1, 2}, Gema López-Torrejón ^{1, 2} y Emilia López-Solanilla ^{1, 2}

¹Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas CBGP, Universidad Politécnica de Madrid-Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria, Parque Científico y Tecnológico de la UPM, Pozuelo de Alarcón, Madrid, España

²Departamento de Biotecnología-Biología Vegetal, Escuela Técnica Superior de Ingeniería Agronómica, Alimentaria y de Biosistemas, Universidad Politécnica de Madrid, Madrid, España

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN:

La quimiopercepción es un proceso crucial en el contexto de la fitopatogénesis bacteriana. Nuestro grupo se sirve del modelo *Pseudomonas syringae* pv. tomato DC3000 (PsPto) para su estudio en el contexto de la virulencia y la interacción planta-patógeno.

El genoma de PsPto presenta varias agrupaciones génicas con una estructura similar, que llamamos “clusters”, que corresponden a vías de señalización asociadas a la quimiopercepción. En muchas bacterias existe un único “cluster” de este tipo que corresponde a la ruta de transducción de señales que gobierna el proceso de quimiotaxis. Para determinar las funciones que pueden desempeñar las distintas vías de señalización en PsPto, en este trabajo se han desarrollado mutantes simples y dobles en los genes *cheA* de los distintos “clusters” (*cheA1*, *cheA2* y *cheA3*) y se han caracterizado en distintos aspectos relacionados con la virulencia (quimiotaxis, infección en plantas de tomate, dinámica poblacional, motilidad, etc.). Los resultados obtenidos indican que el fenómeno de quimiotaxis está controlado por la vía que contiene *cheA2*, pero que existe una interacción cruzada entre las demás vías que también contribuye al mismo proceso. También demostramos como todas las vías de señalización son determinantes para la correcta infección en plantas de tomate. En estos momentos se están caracterizando los mutantes con relación a los niveles de c-di-GMP, un segundo mensajero que gobierna la transición desde el estado sésil al estado mótil de una población bacteriana, tanto mediante cuantificación por HPLC como mediante la observación de las dinámicas poblacionales de los distintos mutantes en chips de microfluidos.

Este trabajo está financiado a través del proyecto RTI2018-095222-B-I00. M. Munar-Palmer es beneficiario del contrato FPI-PRE-2019-087521.



Virulencia de *Phytophthora cinnamomi* en tres especies de *Quercus*

Manuel Roca Jurado, M^a Ángeles Romero Martín, M^a Esperanza Sánchez Hernández, María Socorro Serrano Moral

Departamento de Agronomía, Universidad de Córdoba

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

La encina y el alcornoque son muy sensibles a la podredumbre radical causada por *Phytophthora cinnamomi*, mientras que el quejigo resulta más tolerante. Además, hasta ahora no se ha detectado la existencia de esta enfermedad en campo afectando al rebollo (*Quercus pyrenaica*) o la coscoja (*Quercus coccifera*). Ambas especies, al igual que el quejigo, podrían ser potenciales portadores de genes de resistencia frente al patógeno. Para evaluar el grado de tolerancia/sensibilidad del rebollo y la coscoja frente a *P. cinnamomi*, se llevó a cabo un experimento de inoculación de ramas cortadas de 10 árboles de cada especie, incluyendo la encina como testigo. Para cada individuo, se inocularon 20 ramas con discos de CA con micelio procedentes de dos aislados de *P. cinnamomi*, usando otras 10 ramas como testigos no inoculados. Tras 4 semanas de incubación a 22°C, se midió el tamaño de las lesiones y se calculó el porcentaje de tallo afectado (PTA). Se obtuvieron diferencias significativas entre los dos aislados ensayados. Así, para el más virulento, la coscoja mostró un PTA significativamente menor que la encina, no difiriendo ésta del rebollo. Sin embargo, según el PTA inducido por el aislado menos virulento, podemos establecer 3 grupos: muy sensible (encina), sensible (rebollo) y poco sensible (coscoja). En comparación con la encina, el rebollo y la coscoja resultaron parcialmente tolerantes a *P. cinnamomi*. Estos resultados abren nuevas posibilidades de hibridación con especies tolerantes en futuros programas de mejora de la encina.



CryoEM structures of icosahedral RNA plant viruses from the family *Secoviridae*

Inmaculada Ferriol^{1,2}, Matt Byrne³, Abid Javed³, George P. Lomonosoff⁴, Neil A. Ranson³, Juan José López-Moya¹

¹Centre for Research in Agricultural Genomics (CRAG-UAB-UB-CSIC-IRTA), Spain; ²Instituto de Ciencias Agrarias (ICA-CSIC), Spain; ³University of Leeds, Leeds, England; ⁴John Innes Centre (JIC), Norwich, England.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

The family *Secoviridae* contains viruses with positive-sense ssRNA genomes, bipartite or monopartite, and non-enveloped icosahedral or spherical virions. The family includes eight genera with different modes of transmission (non-persistent or semipersistent) by insects or nematode vectors. Viral-encoded proteins have been identified to specifically interact with their respective vectors and facilitate virus transmission. One of the methodologies that has been used to deepen our understanding on plant virus transmission mechanisms is the use of cryoelectron microscopy (CryoEM). By solving the virion structure of plant viruses, we can know in close detail which are the motifs exposed to the outer surface of the virions that could be interacting with their vector's mouthparts. The CryoEM structures of some members of the family *Secoviridae* such as comoviruses, nepoviruses and cheraviruses have been solved previously. However, there still a lack of knowledge on the structure of other members of the family *Secoviridae* such as torradoviruses and also within members of the subfamily *Comovirinae*, such as the fabaviruses. In this work, we aimed to solve the virion structures of the aphid-transmitted broad bean wilt virus 1 (BBWV-1, genus *Fabavirus*; subfamily *Comovirinae*), and of the whitefly-transmitted torradovirus tomato apex necrosis virus (ToANV, genus *Torradovirus*). High-resolution structures were obtained after the purification of BBWV-1 virions or ToANV VLPs produced using the pEAQ expression system. Our results showed close relations of these structures with other members of the family *Secoviridae* and also with other insect viruses.



El estrés hídrico modifica la respuesta hospedadora de las plantas de ajo frente al ataque del nematodo *Ditylenchus dipsaci*

Carmen Lorenzo Rodríguez¹, Fabio Ramos Méndez¹, Ana M^a Gálvez Galván², Andrés Casado Becerra¹, Gloria Nombela Blázquez¹

¹Instituto de Ciencias Agrarias (ICA), Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), c/ Serrano 115 Dpdo., Madrid-28006.

²Instituto de Agricultura Sostenible (IAS), Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), Avenida Menéndez Pidal s/n, Campus Alameda del Obispo, Córdoba-14004.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

El Cambio Climático ya ocasiona fenómenos meteorológicos extremos, siendo previsible una disminución de la disponibilidad del agua de riego para los cultivos que puede amenazar seriamente su productividad, especialmente en regiones semi-áridas del área mediterránea. En España el ajo (*Allium sativum*) era tradicionalmente un cultivo de secano, pero desde hace unos años se ha incrementado la superficie de regadío. Para mitigar los efectos negativos de las sequías, es necesario seleccionar cultivares de ajo mejor adaptados a entornos de baja disponibilidad hídrica y, al tiempo, más resistentes a los organismos fitopatógenos que los atacan. Entre los de mayor impacto en plantas bulbosas destaca *Ditylenchus dipsaci*, nematodo fitoparásito cuya reproducción se ve favorecida durante el verano por las condiciones microclimáticas que afectan tanto al nematodo como a la planta huésped.

En este proyecto se ha estudiado la influencia del estrés hídrico sobre la respuesta hospedadora de diferentes genotipos de ajo frente a *D. dipsaci*. Para ello se evaluaron los niveles de infección por el nematodo en plantas tratadas con un régimen reducido de riegos comparándolas con plantas control no sometidas a estrés. También se confirmó la influencia del déficit hídrico en el desarrollo de los bulbos y raíces de las plantas. Finalmente se demostró que los cambios observados en esta interacción planta-patógeno dependían del momento en que las plantas se sometían a estrés hídrico (antes o después del ataque del nematodo) y de la duración de dicho estrés (continuo o durante solo una fase del desarrollo de la planta).



Potyvirus-based virus-like particles (VLPs) as biotechnological tools to study virus-vector interactions

Inmaculada Ferriol¹, Daniel Truchado², Rocío Galán¹, Lucía Zurita², Alberto Fereres¹, Aranzazu Moreno¹, Fernando Ponz²

¹Grupo de Insectos Vectores de Patógenos de Plantas, Departamento de Protección Vegetal, Instituto de Ciencias Agrarias -CSIC, Madrid, Spain; ²Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas (UPM-INIA/CSIC). Autopista M-40, km 38. Campus Montegancedo. Pozuelo de Alarcón. 28223 Madrid.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Plant viruses are responsible for important economic losses in agriculture worldwide. Most of plant viruses rely on specific vectors to ensure its dispersal from one plant to another plant and encode for specific proteins that facilitate this process. The majority of plant viruses utilize insect vectors from the order *Hemiptera*, the most important being aphids or whiteflies. Understanding the diversity of transmission strategies and elucidating the molecular mechanisms involved in transmission is a key point to manage plant virus dispersal. Virus-like particles (VLPs) have been used as biotechnological tools to understand the requirements for virion formation and also to solve the structures of many plant viruses, including viruses transmitted by insect vectors such as potyviruses, comoviruses, poleroviruses, etc. In this work, we are exploring the potential use of potyvirus-based virus-like particles (VLPs) to identify the retention site of the potyvirus turnip mosaic virus (TuMV) in its aphid vector. TuMV is transmitted in a non-persistent manner by several aphid species by using the so-called “bridge hypothesis”, where the helper component proteinase (HC-Pro) works as a bridge between insect mouthparts and virions. For this purpose, we are addressing the possibility of producing fluorescent VLPs of TuMV capsid protein (CP), green fluorescent protein (GFP) and HC-Pro protein by using a combination of the expression system pEAQ-vector and a technology for the conjugation of recombinant proteins.



An improved genome sequence of *Colletotrichum graminicola* reveals compartmentalization associated with repetitive DNA elements

ÁREA TEMÁTICA: Interacción planta-patógeno

Sioly Becerra¹, Riccardo Baroncelli^{1,2}, Thaís Bouffleur³, Serenella A. Sukno¹, Michael R. Thon¹.

Filiación: ¹Institute for Agribiotechnology Research (CIALE), University of Salamanca, Villamayor, Spain.

²Department of Agricultural and Food Sciences (DISTAL), University of Bologna, Viale Fanin 44, 40126

Bologna, Italy. ³Department of Plant Pathology and Nematology, University of Sao Paulo, Luiz de Queiroz College of Agriculture, Piracicaba, SP, Brazil.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Colletotrichum graminicola is a plant pathogenic fungus and the causal agent of maize anthracnose, one of the most important maize diseases worldwide. The first version of *C. graminicola* M1.001 genome (CGRA01v1) was assembled in 2012 using sequences from Sanger, 454 pyrosequencing, and optical mapping technologies into 13 pseudochromosomes. The current assembly (CGRA01v4) uses Illumina and long-read PacBio sequencing technologies. We obtained 18 contigs and added improvements from the first version by adding four additional steps to the assembly: synteny analysis, concatenation of contigs, rounds of polishing, and manual verification resulting in 13 chromosomes. The assembly is 8.4 Mb longer than CGRA01v4 and includes 8 chromosomes with both telomeres and 5 with one telomere. The genome was annotated resulting in 15118 gene models, 3112 more genes with respect to the CGRA01v1 assembly. 26,67% of the new assembly is comprised of repetitive elements (4,64% more than CGRA01) which are mostly found in gene-sparse regions. 1474 secreted proteins of which 512 are predicted to encode effector-like proteins by Effector-P, were found mainly in regions rich in repeats, evidencing the genomic compartmentalization given by the presence of repetitive elements (such as transposable elements). We also found that approximately 75% of the three smallest chromosomes (minichromosomes, between 730 and 551 Kb) are strongly affected by repeat-induced point mutation (RIP) compared with the 28% of the larger chromosomes. We hypothesize that the higher density of repetitive elements and RIP in the minichromosomes may be linked to the adaptation and/or host co-evolution of this pathogenic fungus.

This work was supported by grant number RTI2018-093611-B-I00 from the Ministerio de Ciencia Innovación y Universidades of Spain and grant number CLU-2018-04 co-funded by the P.O. FEDER of Castilla y León 2014-2020 Spain. S. B. was supported by fellowship number BO-CYL-D-07072020-6 from the Junta de Castilla y León.



Análisis transcriptómico de la interacción *Neofusicoccum luteum* con rama y fruto de aguacate

Ana Moreno-Pérez¹, Lucía Guirado-Manzano^{2,3}, Noé Fernandez-Pozo⁴, Francisco M. Cazorla^{2,3}, Dolores Fernández-Ortuño^{2,3}, Eva Arrebola^{2,3}, Clara Pliego¹

1. Departamento de Genómica y Biotecnología, Unidad Asociada IHSM-IFAPA-Málaga. Cortijo de la Cruz 29140 Churriana, Málaga. 2. Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias, Universidad de Málaga, Campus de Teatinos, Málaga. 3. Departamento de Microbiología y Protección de Cultivos, Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea "La Mayora" IHSM, UMA-CSIC, Málaga. 4. Departamento de Fruticultura Subtropical y Mediterránea. Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea "La Mayora" IHSM, UMA-CSIC, Málaga.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Las enfermedades aéreas más importantes que afectan a las plantaciones de aguacate del litoral andaluz están causadas por especies de hongos pertenecientes a la familia Botryosphaeriaceae, siendo uno de los mayoritarios *Neofusicoccum luteum*. Los síntomas que produce son muerte regresiva de la rama y pudrición del fruto. Actualmente es fundamental desarrollar estrategias que permitan el control de esta enfermedad. En esta línea, el conocimiento de los mecanismos de infección del patógeno se considera un objetivo esencial. Por ello, se ha llevado a cabo un estudio transcriptómico mediante RNAseq de *N. luteum* creciendo sobre rama y fruto de aguacate en comparación con su crecimiento *in vitro* en medio PDA. El análisis de los transcriptomas reveló un total de 903 y 1271 genes desregulados significativamente ($-2 > \text{fold change} > 2$) durante el crecimiento en rama y fruto con respecto a su crecimiento en PDA, respectivamente. 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. El análisis del transcriptoma de *N. luteum* durante el proceso de infección será una herramienta muy útil para comprender mejor la biología y virulencia de este patógeno emergente y ayudará al desarrollo de estrategias para su control.

Proyecto AVA2019.008 cofinanciado al 80% por fondos FEDER. A. Moreno-Pérez disfruta de un contrato FPI-INIA. Dr. C. Pliego disfruta de un contrato Doctores INIA-CCAA 2017.



Host factors interacting with viral movement proteins of the 30K family

David Villar-Álvarez, Mikhail Oliveira Leastro, Vicente Pallás, Jesús A. Sánchez-Navarro.
Grupo de Virología Molecular de Plantas, Instituto de Biología Molecular y Celular de Plantas – IBMCP
(CSIC-Universidad Politécnica de Valencia).

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Translocation of viruses through the plant implies in a first step the invasion of the neighbor cells through the plasmodesmata (cell-to-cell transport) to later invade the distal part of the plant via the vascular tissue (systemic transport). Both stages involved one or more viral proteins (movement proteins, MPs). The largest group of MPs is the one known as the 30K superfamily to which belong twenty different genera, which members have MPs related to the 30 kD MP of *Tobacco mosaic virus* (TMV). Previous results obtained in our group have shown that the MPs of virus belonging to eleven genera of the 30K family are functionally interchangeable for the cell-to-cell and systemic transport in the alfalfa mosaic virus (AMV) model system, suggesting that the three-dimensional structure of the 30K MPs and not their primary sequences, might account for their function.

Host factors interacting with viral MPs are potential targets for developing antiviral strategies. Here, the introduction of the HA epitope in the AMV MP together with co-immunoprecipitation and LC/MS/MS analysis revealed the presence of *Nicotiana tabacum* histone 2b (H2B), which its interaction with the AMV MP was confirmed by bimolecular fluorescence complementation (BiFC) and immunoprecipitation analysis. Interesting, BiFC analysis revealed the capacity of the H2B to also interact with 30K MPs representatives of the different cell-to-cell mechanisms, including RNA (TMV, cucumber mosaic virus, cowpea mosaic virus) and DNA (cauliflower mosaic virus) viruses, suggesting a relevant role of H2B in the viral cycle of the 30k family viruses.



Physiological and molecular responses of avocado following methyl jasmonate and salicylic acid applications: effects in the control of white root rot disease

A. Moreno-Pérez¹, G. Moreno-Ortega², F. Cazorla³, Martínez-Ferri², C. Pliego¹

¹Department of Genomics and Biotechnology, Unidad Asociada IHSM-IFAPA, IFAPA Málaga, Málaga, SPAIN.

²Department of Crop Ecophysiology, Unidad Asociada IHSM-IFAPA, IFAPA Málaga, Málaga, SPAIN.

³ Department of Microbiology, Faculty of Science, University of Málaga, Campus de Teatinos, Málaga.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

White root rot (WRR) disease caused by the soilborne pathogen *Rosellinia necatrix* is one of the main biotic stresses affecting avocado in southern Spain. Elicitors, such as methyl jasmonate (MeJA) and salicylic acid (SA), induce defense related genes (DRG) which modulate different biochemical and physiological responses in plants. The aim of this research was to evaluate the physiological and molecular responses of avocado plants to exogenous applications of MeJA and SA and the effects in controlling WRR disease. Four-year-old 'Dusa' avocado rootstocks were sprinkled weekly with MeJA or SA 5mM solutions. Following six elicitations, plants treated with SA showed an increment in assimilation rate (AN) and stomatal conductance (gs) indicating an effect in controlling stomata. Exogenous application of MeJA showed an increase in nonphotochemical quenching of fluorescence (NPQ and qN) suggesting the activation of energy dissipating mechanisms related to oxidative stress. MeJA decreased leaf water content (LWC) and leaf relative water content (RWC) in consonance with an increase in the specific leaf mass area (LMA), previously related to plant adaptation to stressful environments. Qrt-PCR experiments revealed that, in contrast to SA, applications of MeJA induced the overexpression of DRG such as, tumor related protein, endochitinase or universal stress protein, genes previously related with avocado defense to WRR. Inoculation experiments revealed a positive effect of MeJA in control of *R. necatrix*, being able to reduce symptoms development 30% respect to untreated control plants. These results support the use of elicitors as an environmentally friendly strategy to control avocado diseases.

Acknowledgments & Funding: A. Moreno Pérez is financed by a PhD FPI-INIA (RTA2017-00040) and C. Pliego is supported by an INIA-CCAA contract. This research is funded by the RTA2017-00040 and AVA2019.008 projects, co-financed 80% of FEDER funds.



Migration and genetic recombination shape the global population structure of *Colletotrichum graminicola*, the causal agent of maize anthracnose

Flávia Rogério¹, Riccardo Baroncelli^{1,2}, Francisco Borja Cuevas-Fernández¹, Sioly Becerra¹, JoAnne Crouch³, Wagner Bettiol⁴, M. Andrea Azcárate-Peril⁵, Martha Malapi-Wight⁶, Veronique Ortega⁷, Javier Betran⁸, Albert Tenuta⁹, José S. Dambolena¹⁰, Paul D. Esker¹¹, Pedro Revilla¹², Tamra A. Jackson-Ziems¹³, Jürg Hiltbrunner¹⁴, Gary Munkvold¹⁵, Ivica Buhiniček¹⁶, José L. Vicente-Villardón¹⁷, Serenella A. Sukno^{1*}, Michael R. Thon^{1*}

¹Instituto de Investigación en Agrobiotecnología (CIALE), Departamento de Microbiología y Genética, Universidad de Salamanca, Villamayor, 37185 Salamanca, Spain. ²Department of Agricultural and Food Sciences (DISTAL), University of Bologna, Viale Fanin 44, 40126 Bologna, Italy. ³United States Department of Agriculture, Foreign Disease and Weed Science Unit, 1301 Ditto Avenue, Fort Detrick MD, 21702 USA. ⁴Embrapa Environment, Jaguariúna, SP, Brazil. ⁵Center for Gastrointestinal Biology and Disease, Division of Gastroenterology and Hepatology, and UNC Microbiome Core, Department of Medicine, School of Medicine, University of North Carolina, Chapel Hill, NC 27599, USA. ⁶USDA-Animal and Plant Health Inspection Services, Biotechnology Regulatory Services, Riverdale, MD 20737, USA. ⁷Syngenta Seeds La Grangette, 32220 Lombez France. ⁸Bayer Crop Science/Monsanto SAS 82170, Monbequi, France. ⁹Ontario Ministry of Agriculture, Food, and Rural Affairs, University of Guelph-Ridgetown, Ridgetown, Ontario, Canada. ¹⁰Facultad de Ciencias Exactas Físicas y Naturales, Universidad Nacional de Córdoba, IMBIV-CONICET-ICTA Av Vélez Sarsfield 1611, Ciudad Universitaria, Córdoba, Argentina. ¹¹Department of Plant Pathology and Environmental Microbiology, Pennsylvania State University, State College, PA, 16801, United States. ¹²Misión Biológica de Galicia, Spanish National Research Council (CSIC), PO Box 2836080, Pontevedra, Spain. ¹³Department of Plant Pathology, University of Nebraska-Lincoln, 68583-0722. ¹⁴Federal Department of Economic Affairs, Agroscope Reckenholzstrasse 191, 8046 Zurich, Switzerland. ¹⁵Department of Plant Pathology and Microbiology, Iowa State University, Ames, IA 5001. ¹⁶Bc Institute for Breeding and Production of Field Crops, 10370 Dugo Selo, Croatia. ¹⁷Statistics Department University of Salamanca, Salamanca, Spain.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Maize anthracnose, caused by the ascomycete fungus *Colletotrichum graminicola*, is an important crop disease worldwide. Understanding the genetic diversity and mechanisms underlying genetic variation in pathogen populations is crucial to the development of effective control strategies. The genus *Colletotrichum* is largely recognized as asexual, but several species have been reported to have a sexual cycle. We employed a population genomics approach to investigate the genetic diversity and reproductive biology of *C. graminicola* isolates infecting maize. We sequenced 108 isolates of *C. graminicola* collected in 14 countries using restriction site-associated DNA sequencing (RAD-Seq) and whole-genome sequencing (WGS). Clustering analyses based on single-nucleotide polymorphisms showed populational differentiation at a global scale, with three genetic groups delimited by continental origin, corresponding to the isolates from South America, Europe, and North America, compatible with short-dispersal of the pathogen, and geographic subdivision. Intra and inter-continental migration was predicted between Europe and South America, likely associated with the movement of contaminated germplasm. Low clonality and evidence of genetic recombination were detected from the analysis of linkage disequilibrium and the pairwise homoplasmy index (PHI) test for clonality. Although the sexual state of *C. graminicola* has only been reported in lab conditions, we showed strong evidence that genetic recombination have a great impact on *C. graminicola* population structure, in contrast to the traditional view of *C. graminicola* being mainly clonal.



Exploring the requirements for insect-mediated transmissibility of sweet potato potyvirids

C. Ontañón, O. Chase and J.J. López-Moya

Filiación: Centre for Research in Agricultural Genomics (CRAG), CSIC-IRTA-UAB-UB, Cerdanyola del Vallès, Barcelona, Spain.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Sweet potato (*Ipomoea batatas*) is a major staple food crop. Due to its vegetative propagation, the production of sweet potato is often constrained by several viral pathogens. The most common viruses infecting this plant include members of the family *Potyviridae*, belonging to the genus *Potyvirus* with aphid-transmitted species like *Sweet potato feathery mottle virus* (SPFMV) and *Sweet potato virus 2* (SPV2), or to the genus *Ipomovirus* like *Sweet potato mild mottle virus* (SPMMV), considered whitefly-transmitted. Furthermore, mixed viral infections of potyvirids combined with an unrelated whitefly-transmitted crinivirus are responsible for the major viral diseases in this crop. Despite the presumed importance of insects in the spread of sweet potato viruses, little is known about the mechanisms of vector transmission for potyvirids. To gain insights in this direction, we have selected the potyvirus SPV2 because it has a broad host range that includes the model species *Nicotiana benthamiana*, and this might facilitate to perform transmission experiments. First, the complete genome sequence of an isolate of SPV2, denominated AM-MB2, was derived from next-generation sequencing (NGS) data and refined through Rapid amplification of cDNA ends (RACE). Second, several viral gene products were cloned in plasmids adequate for transient expression to experimentally characterize their functions, both in RNA silencing suppression and in aphid transmission to different hosts using *Myzus persicae* as vector. Finally, virions from infected plants were purified and visualized under Transmission Electron Microscopy (TEM). The different viral components are being used to explore mechanisms of aphid transmission. (Funding: PID2019-105692RB-I00).



Analysis of gene expression in susceptible tomato plants after whitefly-mediated inoculation with the crinivirus *Tomato chlorosis virus* (ToCV)

Ontiveros, I.^{1,2}, López-Moya, J.J.¹, Díaz Pendón, J.A.².

¹Centre for Research in Agricultural Genomics (CRAG), CSIC-IRTA-UAB-UB, Cerdanyola del Vallès, Barcelona, Spain. ²Institute for Mediterranean and Subtropical Horticulture "La Mayora" (IHSM-UMA-CSIC), Algarrobo-Costa, Málaga, Spain. (irene.ontiveros@csic.es)

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

ABSTRACT

Tomato chlorosis virus (ToCV, genus *Crinivirus*, family *Closteroviridae*) causes yellowing of tomatoes in many countries worldwide. ToCV is transmitted in a semipersistent manner by several species of whiteflies such as *Bemisia tabaci* MED. To determine how tomato transcriptome is modified in response to ToCV infection, we used RNA-Seq to perform a gene expression analysis of the susceptible tomato cultivar MoneyMaker at different days post-infection (dpi). In samples taken at 2, 7 and 14 dpi we identified respectively 2422, 914 and 6918 differential expressed genes (DEGs) when comparing ToCV-infected vs. mock-treated tomato plants. Gene Ontology (GO) and Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes (KEGG) enrichment analysis resulted in the identification of several pathways that might help to explain the development of symptoms (i.e. virus-induced chlorosis), as well as other DEGs involved in defense responses, chaperone activity, and transport. We also found upregulation by ToCV infection of the expression of the Hsp90 (heat shock protein 90) and its co-chaperone Sgt1 (suppressor of the G2 allele of Skp1) that positively regulates disease resistance conferred by many Resistance (R) proteins. Silencing of these genes using a *Tobacco rattle virus* (TRV)-based system resulted in increased ToCV accumulation, suggesting that they contributed to the plant resistance response to ToCV infection. Our results provide a better understanding of the molecular responses occurring in ToCV-infected tomato plants that could serve to identify gene targets valuable for designing new disease control strategies.

[Contract BES-2017-080808 supports IO. Funding provided by project PID2019-105692RB-I00]



Role of MeSA in bacterial-activated inter-plant communication in tomato plants

Grech C, Payá C, Pérez J, Rodrigo I, Bellés JM, López-Gresa M.P and Lisón P

Instituto de Biología Molecular y Celular de Plantas, Universitat Politècnica de València – Consejo Superior de Investigaciones Científicas, Ciudad Politécnica de la Innovación, Valencia, Spain

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Salicylic acid (SA; 2-hydroxy-benzoic acid) is a phenolic compound involved in various physiological and biochemical processes, being the plant defence activation its best characterized function. Plants maintain a SA homeostasis by fine-tuning the balance between the biosynthesis and catabolism of this phytohormone. In this way, SA can be chemically modified into different bio-active derivatives (Ding and Ding, 2020). Particularly, salicylic acid carboxyl methyltransferase (SAMT) catalyse the methylation of SA to form methyl salicylate (MeSA).

Due to its volatile nature, in this study we have focussed on the role of MeSA in the tomato signalling defence response against bacterial infection between plants (inter-plant communication). It has been proven that this volatile form, induces stomatal closure in *Arabidopsis thaliana* plants (Agurla et al., 2020), however little is known about the role of this compound in tomato inter-plant communication. Firstly, exogenous treatments of tomato plants with MeSA were performed to confirm the activation of the plant defence, by analysing the resistance against to *Pseudomonas syringae* DC3000 pv. *tomato* (*Pst*), the stomata closure and the accumulation of defensive proteins. Then, to explore the role of MeSA in the tomato communication with the neighbouring plants, tomato receiver plants (r-plants) were grown in the presence or absence of transgenic plants emitting different amounts of MeSA upon *Pst* infection (e-plants), and the activation of plant defence was analysed in the r-plants. Our results will contribute to a better understanding of the defensive role of MeSA in the tomato plants communication.

References

- Agurla, S., Sunitha, V., & Raghavendra, A. S. (2020). Methyl salicylate is the most effective natural salicylic acid ester to close stomata while raising reactive oxygen species and nitric oxide in *Arabidopsis* guard cells. *Plant Physiology and Biochemistry*, 157:276–283. <https://doi.org/10.1016/j.plaphy.2020.10.026>
- Ding, P., & Ding, Y. (2020). Stories of Salicylic Acid: A Plant Defense Hormone. *Trends in Plant Science*, 25: 549–565. <https://doi.org/10.1016/j.tplants.2020.01.004>



Effect of soilborne pathogens on strawberry fruit flavor and quality

Ana M. Pastrana¹, Celia Borrero¹, Ana G. Pérez², Manuel Avilés^{1*}

¹Departamento de Ciencias Agroforestales, ETSIA Universidad de Sevilla, Ctra. Utrera Km 1, C.P. 41013, Sevilla

²Instituto de la Grasa (CSIC), Edificio 46, Campus UPO, Ctra. Utrera Km 1, C.P. 41013, Sevilla

*aviles@us.es

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Palabras clave: *Fusarium oxysporum* f. sp. *fragariae*, *Macrophomina phaseolina*, soilborne diseases, strawberry aroma, phenolic content, volatile compounds, fruit quality

sp. *fragariae* and *Macrophomina phaseolina* are soilborne fungi leading impactful economical losses to strawberry growers worldwide. Symptoms caused by both pathogens are very similar and include vascular discoloration, wilting, stunting, and dieback of plants, but no fruit damage. An extraction of phenolic and volatile compounds was performed on strawberry fruits from three different cultivars while being grown in a plant growth medium infested by each pathogen. Inoculated plants showed higher content of certain phenolic compounds which have anti-fungal and antioxidant activity and may have a positive impact on strawberry shelf life. On the other hand, root and vascular infections caused by *F. oxysporum* and *M. phaseolina* were able to significantly alter strawberry aroma by reducing or increasing the content of specific volatile compounds which also have an important impact on fruit quality. The changes induced in the aroma profiles of the three strawberries cultivars do not only have organoleptic and economic implications for strawberry growers but play an important role in the plant defense system against pathogens. The results indicate a potential of this line of research to develop new tools for the detection and control of soil pathogens.



HopAF1 associates with Arabidopsis heterotrimeric G-protein subunits

Javier Rueda Blanco
jrblanco@uma.es

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Pseudomonas syringae is a bacterial plant pathogen that uses its Type III Secretion System to inject virulence proteins (type III effectors, T3Es) into the plant cell, interfering with the immune system to suppress defense. Some T3Es can be detected, triggering a defense response called ETI (Effector-Triggered Immunity). Sometimes ETI triggered by a given T3E is suppressed by another, co-injected effector.

HopAF1 and HopZ3 are T3Es co-injected by *P. syringae* strain B728a. We have described that HopAF1 suppresses HopZ3-triggered ETI, and want to determine if this happens through direct interaction or rather an indirect molecular mechanism. Here we show by CoIP that HopAF1 interacts with HopZ3, suggesting both T3Es are closely associated within the plant cell. However our FRET-FLIM results suggest these T3Es do not interact directly.

HopAF1 and HopZ3 interact with plasma membrane-associated plant proteins that contribute to immune signalling. However, known HopAF1 interactors do not explain its ETI-suppressing ability. We propose that HopAF1 targets additional plant proteins.

HopAF1 has structural and sequence similarity with bacterial deamidases. T3Es from animal-infecting pathogens deamidate PM-associated heterotrimeric G proteins (with alpha, beta and gamma subunits), suppressing immunity. *Arabidopsis* expresses one G-alpha (GPA1), one G-beta (AGB1), three G-gamma (AGG-1/2/3) and three extra-large G-protein (XLG-1/2/3) subunits. Here we show by Co-IP that HopAF1 interacts with AtGPA1, AtGB1, AtAGG1, and AtXLG2. However our results from FRET-FLIM assays suggest these interactions are not direct.

We propose that HopAF1, HopZ3, and heterotrimeric G-proteins form part of the same membrane-associated macromolecular complex, where both T3Es interfere with plant immunity



Chitosan Metabolism: A Way to Modulate *Magnaporthe oryzae* pathogenicity

Federico Lopez-Moya

Laboratory of Plant Pathology, Department of Marine Sciences and Applied Biology, University of Alicante, Alicante 03690, Spain

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Chitosan is a partially deacetylated linear polysaccharide composed of β -1,4-linked units of d-glucosamine and N-acetyl glucosamine. As well as a structural component of fungal cell walls, chitosan is a potent antifungal agent. However, the mode of action of chitosan is poorly understood. We reported that chitosan is effective for control of rice blast disease. Chitosan application impairs growth of the blast fungus *Magnaporthe oryzae* and has a pronounced effect on appressorium-mediated plant infection. Chitosan inhibits septin-mediated F-actin remodeling at the appressorium pore, thereby preventing repolarization of the infection cell. Chitosan causes plasma membrane permeabilization of *M. oryzae* and affects NADPH oxidase-dependent synthesis of reactive oxygen species, essential for septin ring formation and fungal pathogenicity. We further show that toxicity of chitosan to *M. oryzae* requires the protein kinase C-dependent cell wall integrity pathway, the Mps1 mitogen-activated protein kinase and the Nox1 NADPH oxidase. A conditionally lethal, analogue (PP1)-sensitive mutant of Pkc1 is partially remediated for growth in the presence of chitosan, while $\Delta nox1$ mutants increase their glucan: chitin cell wall ratio, rendering them resistant to chitosan. Taken together, our data show that chitosan is a potent fungicide which requires the cell integrity pathway, disrupts plasma membrane function and inhibits septin-mediated plant infection.



Identification of epigenetically-primed genes in plant-virus interaction

Regis Lopes Correa¹, Silvia Ambrós¹, Denis Kutnjak² y Santiago F Elena¹

¹Instituto de Biología Integrativa de Sistemas (I2SysBio), Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC)—Universitat de València, Paterna, Valencia, Spain

²Department of Biotechnology and Systems Biology, National Institute of Biology, Ljubljana, Slovenia

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

ABSTRACT

There is a number of evidence suggesting that plants exposed to multiple stress events can deliver more efficient responses than the ones exposed to a single event. Tolerance in repeated stress is believed to be partially due to epigenetic rearrangements on specific genes, priming a quicker or stronger response against subsequent environmental stimuli. Defense priming against viruses though is still poorly explored. To identify *Arabidopsis thaliana* defense genes directly targeted by epigenetics machinery, a time-course infection experiment with the potyvirus turnip mosaic virus (TuMV) was performed in wild-type and selected DNA methylation and histone modification mutant plants. Transcriptome analysis revealed several anti-viral genes as candidates to be controlled by epigenetics mechanisms. To test if priming plants with a virus may lead to tolerance to subsequent infections and the possible roles of the identified epigenetically-regulated genes in the process, a full-factorial TuMV priming experimental approach was designed in wild-type plants. Higher levels of tolerance to TuMV were observed when plants were previously primed with this virus than when primed with less phylogenetically-related ones. By comparing transcriptomes from TuMV-primed plants with the epigenetic mutants, *arabidopsis*' immunity memory genes may be identified. An in-depth analysis of the identified candidates in plants infected with TuMV strains with different fitness may be used as a tool to check if epigenetic routes are also targeted by viruses during adaptation.



Alteraciones fisiológicas en plantas de olivo de distinto nivel de resistencia infectadas por *Verticillium dahliae*

Cristina Estudillo¹, Manuela López¹, Juan Moral¹, Antonio Santos Rufo², Francisco Javier López Escudero¹.

1 Departamento de Agronomía (Unidad de Excelencia María de Maeztu 2020-23) Universidad de Córdoba; 2 Departamento de Ciencias Agroforestales Universidad de Huelva

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN:

Durante las infecciones por *Verticillium dahliae* en olivo ocurre la oclusión del xilema debida al crecimiento micelial del hongo y la producción de geles y tálides por la planta. La interrupción del flujo de savia produce finalmente marchitez, defoliación y necrosis de los tejidos. La evolución de algunos de los parámetros fisiológicos relacionados con la transpiración y la fotosíntesis pueden ser claros indicadores del estado de las plantas. Desde diciembre de 2021 se están realizando observaciones en microparcels rellenas de suelo naturalmente infestado con el patógeno (2 tipos de suelo; con 3 cultivares 'Picual', susceptible, 'Arbequina', moderadamente resistente, y 'Frantoio', resistente; 3 plantas de 9 meses de edad de cada cvs/microparcels; 22 microparcels/tipo de suelo) y en una parcela experimental infestada de forma natural con el patógeno (1 tipo de suelo, con 'Picual' y 'Arbequina'; 4 filas de 15 árboles de 20 meses de edad/cvs y fila; 5 m de distancia entre filas y 1 m entre plantas). Las mediciones periódicas en plantas comprenden 1) crecimiento vegetativo (biomasa aérea y de raíces; altura, ancho y profundidad de copa, y calibre del tronco); 2) conductancia estomática (porómetro-LI-COR 600); 3) fluorescencia (rendimiento cuántico del PSII-fluorómetro); y 4) clorofila (medidor óptico portable-CHL BLUE de atLEAF). Este estudio ayudará a profundizar en el conocimiento de los cambios que ocurren en estos parámetros cuando las infecciones se producen de forma natural en plantaciones establecidas en suelos infestados con un manejo agronómico estándar, y si estos cambios se hallan condicionados por la resistencia genética del cultivar.



***Arabidopsis thaliana* responde diferencialmente a los componentes de la pared celular de hongos con distintos tipos de interacción con la planta**

Marina Martín-Dacal^{1,2}, Carlos González-Sanz¹, Gemma López¹, Antonio Molina^{1,2}, Hugo Mérida^{1,3*}, Soledad Sacristán^{1,2*}

¹Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas (CBGP, UPM-INIA/CSIC), Universidad Politécnica de Madrid (UPM) - Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria (INIA/CSIC) Pozuelo de Alarcón (Madrid). ²Departamento de Biotecnología-Biología Vegetal, Escuela Técnica Superior de Ingeniería Agronómica, Alimentaria y de Biosistemas, Universidad Politécnica de Madrid (UPM) Madrid. ³Dirección actual: Área de Fisiología Vegetal, Facultad de Ciencias Biológicas y Ambientales, Universidad de León, León.

* misma contribución

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

La pared celular es la primera estructura de los hongos que entra en contacto con las plantas en el proceso de interacción. Los Receptores de Reconocimiento de Patrones (PRRs) de las plantas pueden reconocer componentes de la pared celular fúngica como Patrones Moleculares Asociados a Microorganismos (MAMPs), activando mecanismos de resistencia de tipo Inmunidad Inducida por Patrones (PTI). Esto ha sido descrito para los oligosacáridos derivados de quitina y β -1,3-glucanos, MAMPs de la pared celular fúngica reconocidos por un complejo de PRRs de la planta *Arabidopsis thaliana* en el que participa el receptor CERK1. Sin embargo, la pared celular de los hongos es una estructura compleja, y es muy probable que otros componentes, además quitina y β -1,3-glucanos, estén implicados en los procesos de interacción con las plantas y en la activación de sus mecanismos de defensa. En este trabajo mostramos que componentes de las paredes celulares de cuatro aislados de los géneros *Plectosphaerella* y *Colletotrichum* con distintos tipos de interacción con *A. thaliana* activan respuestas diferenciales en la planta. Además, confirmamos el importante papel de CERK1 en el reconocimiento de MAMPs de tipo carbohidrato.



Evaluación de la patogenicidad de *Xylella fastidiosa* subsp. *fastidiosa* y subsp. *multiplex* en *Nicotiana tabacum* L

Maria Cañellas^{*1}, Bàrbara M. Quetglas¹, Antònia Romero-Munar¹, Antonio Busquets¹, Rafael Bosch¹, Margarita Gomila¹, Catalina Cabot¹

¹Departamento de Biología, Universitat de les Illes Balears, Palma, ESPAÑA.

maria.canellas@uib.es, barbaraquetglasalvo@gmail.com, a.romeromunar@gmail.com, toni.busquets@uib.es, rbosch@uib.es, marga.gomila@uib.es, ccabot@uib.es

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Xylella fastidiosa (*Xf*) es un fitopatógeno de cuarentena en la UE, constituyendo una gran amenaza para la agricultura, siendo capaz de infectar vegetales causando obstrucción en el xilema. En este estudio, se evaluó el grado de patogenicidad de *Xf* en tabaco analizando los efectos sobre la fisiología de la planta y la correlación entre la sintomatología y el grado de infección. Dos meses después de su germinación, se inoculó el peciolo de la cuarta hoja desde el cuello de la planta. Las plantas control se inocularon con solución de Ringer. Las plantas se muestrearon al alcanzar la antesis registrándose diferentes parámetros de crecimiento y biomasa. La presencia de *Xf* se cuantificó en 3 hojas localizadas a diferente distancia del punto de infección mediante RT-PCR. La presencia de la bacteria disminuyó en hojas jóvenes y fue menor en plantas inoculadas con *Xfm*. Se observaron síntomas de marchitamiento sobre todo en las hojas inferiores de las plantas inoculadas con *Xff*. Además, *Xff* aceleró la floración respecto a *Xfm* y a las plantas control. En el momento de la antesis no se observaron diferencias en el número y la biomasa de las hojas entre plantas inoculadas y control. *Xff* disminuyó de manera significativa la longitud y la biomasa del tallo, así como la relación biomasa hoja/tallo respecto a *Xfm* y plantas control. Nuestros resultados apuntan a una menor capacidad de colonización de *Xfm* en plantas de tabaco aunque no descartan posibles diferencias en la virulencia entre ambas subespecies. Financiación BFU2016-75176-R.



Composición mineral y microbioma en viñas de Mallorca afectadas por la enfermedad de Pierce

Bàrbara M. Quetglas¹, Catalina Cabot¹, John V. Sibole¹, Pere A. Gost¹, Antoni Busquets¹, Maria Cañellas¹, Margarita Gomila¹, Antònia Romero¹, Analía Perelló², Josep Cifre³, Jaume Vadell¹

¹Departamento de Biología, ³Departamento de Ingeniería, Universitat de les Illes Balears, Palma, ESPAÑA. barbaraquetglascalvo@gmail.com, ccabot@uib.es, john.sibole@uib.es, pereantonigostgarcia@gmail.com, toni.busquets@uib.es, maria.canellas@uib.es, marga.gomila@uib.es, a.romeromunar@gmail.com; josep.cifre@uib.es, jaume.vadell@uib.es

²Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales, Universidad Nacional de La Plata, La Plata, ARGENTINA. anaperello2@yahoo.com.ar

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Xylella fastidiosa (*Xf*) es una bacteria confinada en el xilema y un organismo patógeno cuarentenario en la UE que causa importantes enfermedades en viñedos y almendros en Mallorca (Islas Baleares). La virulencia de *Xf* se ve determinada, entre otros factores, por el pH de la savia y la composición mineral de las hojas. En este ensayo, el papel del pH, el de la composición mineral del xilema y hojas, así como la presencia de hongos xilemáticos cultivables en la savia, se ha estudiado en plantas de *Vitis vinifera* de un cultivar universal (Cabernet Sauvignon) y un cultivar local (Manto Negro), localizadas en dos municipios de Mallorca (Inca y Montuïri). Se han llevado a cabo tres muestreos durante las diferentes fases del ciclo de la vid. Nuestros resultados muestran una acidificación de la savia xilemática procedente de ramas positivas en *Xf* y, concentraciones más elevadas de Na⁺ y bajas de K⁺/Na⁺ en hojas positivas en *Xf* de ambas variedades y localizaciones. Asimismo, se han hallado diferencias en la comunidad fúngica acompañante de savia +/- en *Xf*. Estos resultados están en la misma línea que los presentados por Andersen et al. (2007) en los que se relacionó la acidificación de la savia xilemática con la formación de biofilms por parte de la bacteria y, con el trabajo de D'Attoma et al. (2019) en el que se determinó una mayor concentración de Na⁺ en hojas positivas en *Xf* tanto en cultivares de olivo sensibles como resistentes a la bacteria. Financiación: BFU2016-75176-R.



Aislamiento de *Streptomyces spp.*, su potencial para biocontrol e inducción de crecimiento vegetal en zarzamora

Fidel Alejandro Villanueva Tejeda, Francisco Meza García, Nick Melendrez Bojorquez y Julia del Carmen Martínez Rodríguez

Filiación: Laboratorio 306 Investigación química, Depto. de Biotecnología y Ambientales, Decanato de Diseño, Ciencia y Tecnología, Universidad Autónoma de Guadalajara. Av. Patria 1201, Lomas del Valle., Zapopan, Jalisco., México.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Actualmente la aplicación de bacterias benéficas para la agricultura va en un ascenso acelerado, algunas son utilizadas como bioestimulantes los cuales su función es el estimular el desarrollo natural de las plantas ayudando a la absorción y asimilación de nutrientes, además de biocontroladores que se encargan de combatir a los patógenos que hacen daño a las plantas en las actividades agrícolas como principalmente enfermedades por hongos. Este proyecto tiene como estudio encontrar bacterias del género *Streptomyces* que cumplan con las funciones antes mencionadas. Se hicieron aislamientos y caracterización de *Streptomyces* de la rizosfera de zarzamora, un cultivo de importancia económica de la región, varias cepas obtenidas mostraron en ensayos *in vitro* alto potencial de inhibición contra *Fusarium oxysporum*, en una segunda etapa estamos analizando la promoción de crecimiento vegetal de extractos de las cepas bacterias en cultivo de tejido vegetal de zarzamora y ensayos de biocontrol en invernadero.

Palabras Claves: *Streptomyces*, biocontrol, zarzamora, *F. oxysporum*, rizosfera.



RNA directed DNA methylation (RdDM) is induced at early times of infection, at nematode-induced feeding sites

Virginia Ruiz-Ferrer¹, Ana Cláudia Silva^{1,2}, Patricia Abril-Urías¹, Almudena Gómez-Rojas¹, Angela Martínez-Gómez¹, Isabel Martínez¹, Maria Fe Andrés³, Carmen Fenoll¹ and Carolina Escobar¹.

¹Facultad de Ciencias Ambientales y Bioquímica, Universidad de Castilla-La Mancha, Toledo, Spain, ²Centro Tecnológico Nacional Agroalimentario Extremadura. Ctra. Villafranco a Balboa Km 1,2, 06195 Villafranco del Guadiana (Badajoz), Spain, ³Departamento de Protección Vegetal. Instituto Ciencias Agrarias CSIC, Madrid, Spain Correspondence: Carolina Escobar (Carolina.escobar@uclm.es); Virginia Ruiz-Ferrer (Virginia.Ruiz@uclm.es)

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN:

Plant-parasitic nematodes affect all major crops causing high agricultural losses worldwide (Nicol et al., 2011). Among them, the root-knot nematodes (RKN), feed from the galls formed in their host plant-roots to complete their life cycles RKNs, where they induce specialized feeding cells, named giant cells (GCs), by the action of nematode effectors in the vascular tissues (Escobar et al., 2015). A characteristic of early developing GCs is the global gene repression, that is conserved in Arabidopsis and tomato (Barcala et al., 2010; Portillo et al., 2013). Some of these genes are silenced by miRNAs (Cabrera et al., 2016; Diaz-Manzano et al., 2018). In this respect, epigenetic mechanisms such as DNA methylation, control innate immunity against microbial pathogens in plants (Yu et al., 2013; Downen et al., 2012). However, knowledge of DNA methylation pathways as a response to nematode infections is still very scarce (Hewezy, 2020). In order to identify putative epigenetic mechanisms involved in gene silencing, we performed sRNAs seq, RNAseq and MethylCseq analysis in Arabidopsis galls *versus* control root tissue at early infection times (Silva et al., 2019 and 2022). The global gene repression observed, correlates with the hypermethylation of DNA in galls compared to control roots and the increase of rasiRNAs located in the pericentromeric region of Arabidopsis genome. Consequently, retrotransposon superfamilies were drastically repressed (Ruiz-Ferrer et al., 2018) and highly methylated (Silva et al., 2022). Infection and reproductive tests performed in Arabidopsis mutants, confirmed the involvement of RdDM pathways during gall formation (Silva et al., 2022).



Characterization of resistance to CMV Subgroup I strains in Introgression Lines (IL) containing two and three Quantitative Trait Loci (QTL) in melon

Lorena Beatriz Areco Ayala¹ and Ana Montserrat Martín-Hernández^{1,2}

¹Centre for Research in Agricultural Genomics, (CRAG) CSIC-IRTA-UAB-UB, Edifici CRAG, Campus UAB, 08193 Cerdanyola, Barcelona Spain. ²Institut de Recerca i Tecnologia Agroalimentàries (IRTA), Edifici CRAG, Campus UAB, 08193 Cerdanyola, Barcelona, Spain.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN:

Cucumber mosaic virus (CMV) can infect up to 1200 plant species including those with high economic importance such as Solanaceae and Cucurbitaceae families. The Korean melon accession “Songwhan Charmi” (SC) is one of the CMV-resistant accessions identified to date, carrying an oligogenic and quantitative resistance. A Doubled Haploid Line (DHL) and a Introgression Lines (ILs) populations were developed from a cross between SC and Piel de Sapo (PS). A Quantitative Trait Loci (QTL) analysis in the DHL population revealed a major QTL, *cmv1*, located in the chromosome XII and conferring total resistance to the subgroup II strain LS but not to the subgroup I strains. *cmv1* itself is able to restrict CMV-LS in the bundle sheath (BS) cells. Two additional QTLs, *cmvqw3.1*, mapping in the chromosome III, and *cmvqw10.1*, mapping in the chromosome X, are needed in coordination with *cmv1* for resistance to SG I strains.

In the present work we have developed ILs containing either two or three QTL. These are an IL with *cmvqw3.1* and *cmv1*, an IL carrying *cmvqw10.1* and *cmv1* and an IL carrying the three QTL. These ILs do not stop CMV-FNY, but delay phloem entry in different extension. However, the ILs with two QTLs are susceptible to CMV-M6, whereas the IL carrying three QTL can stop CMV-M6 infection. Here we aim to characterize the resistance/susceptibility of these ILs to CMV-M6 by quantifying the virus present in the phloem of inoculated leaves.



Aislamiento de *Streptomyces* spp., su potencial para biocontrol e inducción de crecimiento vegetal en zarzamora

Fidel Villanueva¹

¹Universidad Autónoma de Guadalajara

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN:

Actualmente la aplicación de bacterias benéficas para la agricultura va en un ascenso acelerado, algunas son utilizadas como bioestimulantes los cuales su función es el estimular el desarrollo natural de las plantas ayudando a la absorción y asimilación de nutrientes, además de biocontroladores que se encargan de combatir a los patógenos que hacen daño a las plantas en las actividades agrícolas como principalmente enfermedades por hongos. Este proyecto tiene como estudio encontrar bacterias del género *Streptomyces* que cumplan con las funciones antes mencionadas. Se hicieron aislamientos y caracterización de *Streptomyces* de la rizosfera de zarzamora, un cultivo de importancia económica de la región, varias cepas obtenidas mostraron en ensayos in vitro alto potencial de inhibición contra *Fusarium oxysporum*, en una segunda etapa estamos analizando la promoción de crecimiento vegetal de extractos de las cepas bacterias en cultivo de tejido vegetal de zarzamora y ensayos de biocontrol en invernadero.



Unraveling molecular divergences in the feeding sites of plant endoparasitic nematodes

Patricia Abril-Urias^{1*}, Virginia Ruiz-Ferrer^{1*}, Javier Cabrera², Rocío Olmo^{3,4}, Ana Claudia Silva⁵, Fernando Evaristo Díaz-Manzano¹, José Domínguez-Figueroa^{1,6}, Carmen Fenoll¹, Carolina Escobar¹.

¹ Facultad de Ciencias Ambientales y Bioquímica, Universidad de Castilla-La Mancha, Avda. Carlos III, s/n 45071, Toledo, Spain; ² Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas (CBGP), Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria (INIA), Campus de Montegancedo, Pozuelo de Alarcón, 28223 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. Ctra. Villafranco a Balboa Km 1,2, 06195 Villafranco del Guadiana (Badajoz), Spain ⁶ Technical University of Madrid, C/ Ramiro de Maeztu, 7, 28040, Madrid, Spain. Correspondence: Carolina Escobar (carolina.escobar@uclm.es)

*Both authors have contributed equally to this work.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Plant-parasitic nematodes cause important agronomic losses worldwide. Cyst (CNs) and root-knot nematodes (RKNs), two of the most relevant groups of endoparasitic nematodes, induce specialized feeding cells within the plant roots, syncytia and giant cells (GCs), respectively. However, the ontogeny of both structures is strikingly different. GCs are formed from vascular cells as part of a new organogenesis process inside a pseudo-organ named gall, while syncytia formation involves the fusion of adjacent cells already differentiated. Nonetheless, an auxin maximum is crucial for both feeding site formation. Here, we try to shed light on the molecular divergences of these feeding structures, exploring the role of several genes from the auxin transduction pathways, key during gall and lateral root development, in the CNs interaction. We described the promoter activation of *GATA23* and *miR390* in syncytia, similar to galls, whereas *AHP6* and/or putative up-stream regulators as *ARF5/7/19* were not active after CNs infection. Additionally, none of these genes seemed to show a key role during CNs establishment. *In silico* transcriptomic analysis showed very few common genes up-regulated by IAA between galls and syncytia, despite the high number of auxin responsive genes differentially regulated in both compared to uninfected roots. We discuss the divergent and complex regulation of auxin transduction pathways in both types of feeding sites where different members of the auxin responsive factors (ARFs) family may interplay with other factors, as well as differences in auxins sensitivity between syncytia and galls, among others.



Descifrando el repertorio de efectores de *Monilinia fructicola* como estrategia para identificar factores de virulencia

Laura Vilanova^{1,2}, Claudio A. Valero-Jiménez², Neus Teixidó¹, Rosario Torres¹, Jan van Kan²

¹Programa de Postcosecha, Instituto de Investigación y Tecnología Agroalimentarias (IRTA), 25003, Lleida, España

²Laboratorio de Fitopatología, Universidad de Wageningen, 6708 PB, Wageningen, Países Bajos

TIPO DE PRESENTACIÓN Poster

RESUMEN

Tres especies de *Monilinia* son las principales causantes de la podredumbre parda, que produce importantes pérdidas en fruta de hueso. *Monilinia fructicola* es la especie endémica de América, Australia y Japón, y se ha considerado durante mucho tiempo un patógeno cuarentenario en Europa. Actualmente, tanto *M. fructicola* como *M. laxa* coexisten en los campos españoles.

M. fructicola es un hongo necrótrofo, mata las células del hospedador para poder así colonizar el tejido. Dicha necrosis puede darse por la acción de metabolitos o proteínas producidos por el hongo con actividad fitotóxica, pudiendo ser algunas efectores. El objetivo de este estudio es descifrar el genoma, así como el transcriptoma de *M. fructicola* CPMC6 para poder identificar los efectores que causan necrosis en hojas de *Prunus* spp.

La secuenciación se hizo por PacBio obteniendo un genoma de 42.95 Mb y 10.086 genes fueron anotados después de una comprobación manual. Concretamente, en el genoma encontramos 134 genes putativos que codifican efectores. El patrón de expresión de estos genes se distribuyó en 5 grupos, mostrando 2 de ellos una elevada expresión a las 18 y 24 horas después de la inoculación de las hojas de nectarino. En total, se seleccionaron 16 efectores putativos basándonos en su perfil de expresión y en su homología a otras especies de *Monilinia* para estudios posteriores. Los efectores de *M. fructicola* se podrían utilizar en un futuro para poder determinar la resistencia de los cultivares de fruta de hueso y así agilizar el proceso de mejora varietal.



Interactive effects of *Dactylonectria macrodidyma* inoculation on the rhizosphere and root microbiome of grapevine

María Julia Carbone¹, Ales Eichmeier², Tomas Kiss², Dorota Tekielska², Rebeca Bujanda³, Beatriz López-Manzanares³, Sonia Ojeda³, David Gramaje³

¹Departamento de Protección Vegetal, Facultad de Agronomía, Universidad de la República, Avenida Garzón 780, Montevideo 12900, Uruguay.

²Mendel University in Brno, Faculty of Horticulture, Mendelem - Institute of Genetics, Valticka 334, 69144, Lednice, Czech Republic

³Instituto 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.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Black-foot disease is a soil-borne disease caused by a broad range of “Cylindrocarpon”-like asexual morphs, including the widely distributed species *Dactylonectria macrodidyma*. In this study, we investigated the composition and the interaction of the rhizosphere and endosphere fungal microbiome of grapevine grafted plants inoculated with *D. macrodidyma* using ITS high-throughput amplicon sequencing. Root tissues and their associated rhizosphere soil of each plant were sampled at 0 (t0), 3 (t1), 9 (t2) and 16 (t3) months after *D. macrodidyma* inoculation. Pathogen inoculation did not affect species richness, diversity or community structure. Beta diversity metrics did not reveal distinctly clustered fungal communities structured between *D. macrodidyma*-inoculated and non-inoculated plants. In both plant compartments, SparCC network maps showed that the black-foot pathogenic genus *Ilyonectria* had positive correlation with *D. macrodidyma*, while the arbuscular mycorrhizal genera *Glomus* and *Rhizophagus*, as well as the genus *Trichoderma*, had negative correlation with the pathogen. *Dactylonectria* and *Trichoderma* abundances yielded a similar trend in the number of OTUs detected in inoculated root tissues of the sandy soil. However, *Trichoderma* abundance in inoculated root tissues increased over time while *Dactylonectria* abundance in roots decreased from t2 to t3 in clay soil. These findings have important implications for further studies on the grapevine/pathogen/microbiome interactions.



Desarrollo de técnicas microscópicas para la visualización de la infección de raíces por nematodos agalladores

Aïda Magdalena Fullana Pons, Helena Vernet, Emilio J. Gualda Manzano, Francisco Javier Sorribas Royo.

Departamento de Ingeniería Agroalimentaria y Biotecnología, Universitat Politècnica de Catalunya.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Los nematodos del género *Meloidogyne* reducen el rendimiento económico de los cultivos hortícolas, tanto por las pérdidas de producción que causan como por el incremento de costes de producción a consecuencia de los métodos de control utilizados. La gestión eficiente del nematodo debe basarse en el conocimiento de su interacción con la planta, entre otras cosas. Para conseguirlo, las técnicas de microscopía juegan un papel importante para, por ejemplo, realizar estimaciones preliminares del estatus de la planta como hospedador del nematodo, de la capacidad antagónica de microorganismos o de la capacidad de inducir resistencia en la planta frente a nematodos. Sin embargo, las raíces infectadas no son aptas para su observación directa al microscopio óptico debido a su opacidad. En el presente trabajo, hemos desarrollado nuevas técnicas de clarificado de muestras basadas en cinamato de etilo (ECi), comparándolas con otras técnicas anteriormente utilizadas, como BABB (bencil alcohol: benzoato de bencilo). Asimismo, hemos evaluado los diferentes resultados obtenidos con diversos solventes orgánicos como etanol, metanol y 1-propanol. Hemos aplicado estos protocolos a raíces de tomate cv. Durinta y berenjena cv. Cristal inoculados con *Meloidogyne incognita*. También hemos desarrollado un dispositivo que incorpora microscopía de fluorescencia de hoja de luz (LSFM) y tomografía de proyección óptica (OPT) para la obtención de imágenes tridimensionales de la muestra, permitiendo visualizar diferentes estadios de desarrollo del nematodo y de las células gigantes que induce en el interior de raíces infectadas sin necesidad de seccionarlas, y en las condiciones más próximas a las reales.



A viral suppressor of RNA silencing might weaken a plant antiviral response involving fibrillarin

Miryam Pérez-Cañamás¹, Michael Taliansky² y Carmen Hernández¹

¹Instituto de Biología Molecular y Celular de Plantas (IBMCP, CSIC-UPV), Valencia, Spain

²The James Hutton Institute, Invergowrie, Dundee DD2 5DA, UK3; Shemyakin-Ovchinnikov Institute of Bioorganic Chemistry of the Russian Academy of Sciences, 117997 Moscow, Russia

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Virus surveillance relies on a vast array of host factors that are frequently hijacked by virus components or functionally subverted. The host, on its side, deploys a variety of mechanisms to prevent the progress of viral infection, which, in turn, are targeted by the virus to avoid being defeated. This continuous arms-race frequently implies the establishment of viral-host protein-protein interactions that may have either proviral or antiviral roles. Investigation on such interactions is crucial for understanding host-virus interplay and for development of potential control strategies. As other RNA⁺ viruses, replication, translation and encapsidation of *Pelargonium line pattern virus* (PLPV, family *Tombusviridae*) takes place in the cytoplasm. In this cellular compartment, the virus must also face antiviral silencing through the action of its encoded viral suppressor of RNA silencing (VSR), protein p37. However, this viral product, which also acts as coat protein, localizes not only in the cytoplasm, but also in the nucleus with high accumulation at nucleolus and Cajal bodies. Here we have explored whether this protein distribution might be related with potential interactions with the nucleolar/Cajal body marker proteins, fibrillarin and coilin. The results have revealed that p37 is indeed able to associate with these cellular factors. Analysis of (wild-type and mutant) PLPV accumulation in plants with down-regulated levels of fibrillarin or coilin have suggested that the former might be involved in an as yet unknown antiviral pathway which may be targeted by p37. Further investigations will help to elucidate antiviral responses in which fibrillarin may take part.



Identificación y patogenicidad *Meloidogyne enterolobii* en berenjena (*Solanum melongena* L.) en Sinaloa, México

Rita Judith Salazar-Mesta¹, José A. Carrillo-Fasio¹, Guadalupe A. Mora-Romero², Ricardo Vega-Hernandez¹, Raymundo S. García-Estrada¹, Juan M. Tovar-Pedraza¹

¹ Coordinación Regional Culiacán, Centro de Investigación en Alimentación y Desarrollo, Culiacán, 80110, Sinaloa, México.

² Unidad Regional Los Mochis, Universidad Autónoma de Occidente, Los Mochis, 81223, Sinaloa, México.
Autor de correspondencia: Judith.salazar17@estudiantes.ciad.mx

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

La berenjena (*Solanum melongena* L.) es una de la solanáceas de mayor importancia económica en México y recientemente su producción se ha visto afectada por el daño producido por el nematodo nodulador *Meloidogyne enterolobii*. El objetivo de este estudio fue caracterizar morfológica y molecularmente a una población de *M. enterolobii* y determinar su patogenicidad en plantas de berenjena.

Se recolectaron raíces de berenjena con nódulos en un campo ubicado en Sinaloa, México. La identificación morfológica se realizó mediante la caracterización cualitativa y cuantitativa de juveniles del segundo estado (J2) y hembras adultas. Mientras que, la identificación molecular se efectuó mediante el análisis filogenético con el método de Máxima Verosimilitud usando secuencias del espaciador intergénico ribosomal 2 (IGS2). La prueba de patogenicidad se realizó en condiciones de invernadero con la inoculación de 2500 y 5000 huevos de *M. enterolobii* en plantas berenjena cv. Barcelona. Las raíces se tiñeron con fucsina ácida para observar el desarrollo del nematodo, además, se evaluó la altura de las plantas, índice de agallamiento y factor de reproducción a los 21, 28 y 35 días después de la inoculación (DDI).

Los resultados de la caracterización morfológica y análisis filogenético confirmaron la identidad de *M. enterolobii*. Se observó una reducción del crecimiento en las plantas inoculadas y la presencia de nódulos en las raíces a partir de los 21 DDI para ambas dosis de inóculo, el factor de reproducción mayor fue de 2.28 con una población final de 1274 huevos por gramo de raíz a los 35 DDI.



Virulencia de aislados de *Rhizoctonia solani* asociados con cancro del tallo y costra negra de la papa (*Solanum tuberosum* L.) en el norte de Sinaloa, México

Rosalía López-Corrales¹, Sami J. Michereff², Raymundo S. García-Estrada¹, Josefina León-Félix¹, Arlene Mora-Romero³, Juan M. Tovar-Pedraza¹

¹ Coordinación Regional Culiacán, Centro de Investigación en Alimentación y Desarrollo, Culiacán, 80110, Sinaloa, México.

² Centro de Ciências Agrárias e da Biodiversidade, Universidade Federal do Cariri, Crato, 63130-025, Ceará, Brasil.

³ Unidad Regional Los Mochis, Universidad Autónoma de Occidente, Ahome, 81223, Sinaloa, México.

Autor de correspondencia: juan.tovar@ciad.mx

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

La producción de papa (*Solanum tuberosum* L.) es comúnmente afectada por enfermedades causadas por hongos con origen en el suelo como *Rhizoctonia solani*. Los síntomas ocasionados por este patógeno se observan en diferentes tejidos de la planta, como lesiones necróticas en tallos subterráneos y formación de esclerocios en los tubérculos conocido como “costra negra”, entre otros. El objetivo de este trabajo fue determinar la virulencia de 56 aislados de *R. solani* obtenidos de plantas sintomáticas en campos de papa en el norte de Sinaloa, México. La virulencia de los aislados de *R. solani* se determinó en plantas de papa cv. Fianna cultivadas en macetas y bajo condiciones de invernadero. Como fuente de inóculo se usaron granos de arroz colonizados con los diversos aislados fúngicos. Para ello, se colocó un grano de arroz por cada tubérculo de papa al momento de la emergencia de la planta. Los tubérculos control se inocularon con granos de arroz estériles. Se aplicó un diseño de un factor completamente al azar, con tres réplicas por tratamiento. La severidad de los síntomas causados en las plantas de papa se evaluó 40 días después de la emergencia. La virulencia como el porcentaje del área necrótica en los tallos subterráneos. Todos los aislados fueron patogénicos en las plantas de papa, causando lesiones necróticas en tallos subterráneos; observando diferencias significativas en la virulencia entre los aislados. Los aislados CCLF201 y CCLF214, pertenecientes al AG-3 PT, mostraron la menor y máxima virulencia, respectivamente.



Protein-protein interactions as molecular targets of virus infection and adaptation

José Luis Carrasco¹, Silvia Ambrós¹, Julia Hillung¹, Fernando Martínez¹, Rebeca Navarro¹ and Santiago F. Elena^{1,2,3}.

¹Instituto de Biología Integrativa de Sistemas (CSIC - Universitat de València), Paterna, 46182 València.

²The Santa Fe Institute, Santa Fe NM87501, USA.

³Author for correspondence (santiago.elena@csic.es).

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster.

RESUMEN:

The outcome of a virus infection is determined by a complex interplay between the host organism and the viral pathogen through a vast array of protein-protein interactions.

To gain a comprehensive view of this interaction network, a high-throughput yeast two-hybrid (HT-Y2H) approach was used for the identification of proteins from *Arabidopsis thaliana* that bind to each of the proteins encoded by the genome of turnip mosaic virus (TuMV). A set of interactors was selected according to criteria of connectivity and differential expression upon infection. When *Arabidopsis* T-DNA insertion mutants for these genes were challenged with TuMV, significant deviations from the response of the wild-type Col-0 accession were observed.

In addition, after experimental evolution of TuMV in a set of *Arabidopsis* genotypes bearing mutations in either defense-related genes or genes encoding factors required for successful viral infection, most of the identified mutations were located in the VPg cistron. Among them, mutation D113G is a convergent mutation selected in several lineages evolved in different plant genotypes, whereas mutation R118H was specifically selected in the *jin1* mutant affecting jasmonate signaling. Using the HT-Y2H system, the effect of these mutations on the interaction of VPg with *Arabidopsis* proteins was analyzed. Interestingly, both mutations severely compromised the interaction of VPg with the translation initiation factor eIF(iso)4E, a key interaction in potyvirus infection. Moreover, mutation D113G, but not R118H, negatively affected the interaction with RHD1, a zinc-finger homeodomain transcription factor involved in regulating DNA demethylation.



Multiple host-regulatory pathways are sequentially reprogramed through viroid infection

Joan Márquez-Molins¹, Pascual Villalba-Bermell¹, Julia Corell-Sierra¹, Vicente Pallás² y Gustavo Gómez¹

¹Institute for Integrative Systems Biology (I2SysBio)

² Instituto de Biología Molecular y Celular de Plantas (IBMCP)

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Viroids are circular RNAs of minimal complexity compelled to subvert host-regulatory networks in order to accomplish their infectious process. Studies focused on the response to viroid infection have mostly addressed specific host regulatory levels and considered a unique infection time. Thus, much remains to be done to understand the temporal evolution and complex nature of viroid-host interactions. Here we present an integrative analysis of the timing and intensity of the genome-wide alterations in cucumber plants infected with *Hop stunt viroid* (HSVd).

Differential host transcriptome, sRNAome and methylome were integrated to determine the temporal response to viroid-infection. Our results support that HSVd promotes the redesign of the cucumber regulatory-pathways predominantly affecting specific regulatory layers at different infection-phases. The initial response was characterized by a reconfiguration of the host-transcriptome by differential exon usage, followed by a predominant down-regulation of the transcriptional activity modulated by the host epigenetic changes associated to infection and characterized by increased hypermethylation. The alteration in host sRNA and miRNA metabolism was marginal. The silencing of three cucumber transcripts potential targets of viroid-sRNAs was also inferred by 5' PARE analysis suggesting that this might favour viroid biological fitness.

Altogether our data constitute the first comprehensive map of the plant responses to a viroid infection. This global analysis evidencing the temporal genomic reprogramming of infected plants exemplifies the importance of the time-scale perspective to understand the infectious process of pathogens in general, and viroids in particular.



The m⁶A RNA Demethylase ALKBH9B: Mapping of Functional Subdomains and its Role for Vascular Movement of Alfalfa Mosaic Virus in Arabidopsis

Mireya Martínez-Pérez, Luis Alvarado-Marchena, Concepción Gómez-Mena, Joan Marquez-Molins¹, Frederic Aparicio and Vicente Pallas

Institute for Plant Molecular and Cell Biology. Consejo Superior de Investigaciones Científicas-Universitat Politècnica de València, Valencia, Spain.

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

*Corresponding authors: faparici@ibmcp.upv.es; vpallas@ibmcp.upv.es

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

N⁶-methyladenosine (m⁶A) modification is an RNA modification that affects many cellular processes and pathways. This epitranscriptomic methylation relies on the participation of RNA methyltransferases (referred to as “writers”) and demethylases (“erasers”), respectively. We previously demonstrated that the Arabidopsis thaliana protein ALKBH9B showed m⁶A-demethylase activity and interacted with the coat protein (CP) of alfalfa mosaic virus (AMV), causing a profound impact on the viral infection cycle. To dissect the functional activity of ALKBH9B in AMV infection, we performed a protein-mapping analysis to identify the putative domains required for regulating this process. The mutational analysis of the protein revealed that the residues between 427 and 467 positions are critical for in vitro binding to the AMV RNA. The ALKBH9B amino acid sequence showed intrinsically disordered regions (IDRs) located at the N-terminal part delimiting the internal AlkB-like domain and at the C-terminal part. We identified an RNA binding domain containing an RGxxxRGG motif that overlaps with the C-terminal IDR.

By the other hand, we carried out a detailed evaluation of the infection restraint observed in *alkbh9b* mutant plants. Thus, via viral titer quantification experiments and in situ hybridization assays, we defined the viral cycle steps that are altered by the absence of the m⁶A demethylase ALKBH9B in Arabidopsis. Our findings suggest that viral upload into the phloem could be blocked in *alkbh9b* plants. Overall, our results point to ALKBH9B as a possible new component of phloem transport, at least for AMV, and as a potential target to obtain virus resistance crops.



Identification of an efficient source of resistance to pepino mosaic virus in tomato

Fabiola Ruiz^{1,2}, Pascual Rodríguez-Sepúlveda^{2*}, Pau Bretó², Livia Donaire¹, Yolanda Hernando²
And Miguel A. Aranda^{1†}

¹CEBAS-CSIC. PO Box 164. 30100 Murcia, Spain

²Abiopep S.L. Parque Científico de Murcia. 30100 Murcia, Spain

*Presenting author

† Corresponding author

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN:

Pepino mosaic virus (PepMV) is a pandemic pathogen causing worldwide losses in tomato crops. We undertook a reverse genetics approach to identify new sources of resistance to PepMV, under the assumption that the knockout of a key host factor for virus infection would limit viral spread in the plant, causing a loss-of-susceptibility phenotype. To that end, we screened a collection of 1,000 M2 tomato EMS mutagenized lines by inoculating them with an aggressive PepMV isolate. After two rounds of selection, the progeny of a symptomless plant showed stable absence of symptoms and reduced accumulation of four different viral strains. Analysis of mapping populations derived from this line confirmed the monogenic and recessive nature of the resistance. Furthermore, the loss-of-susceptibility was maintained after 5 passages of the virus, suggesting that the resistance caused by this mutation could be durable. A bulk segregant analysis coupled to next generation sequencing identified a genetic interval which encompasses five candidate genes carrying single nucleotide mutations. Later studies pointed to one of these genes as the main candidate: a mapping analysis of recombinants narrowing the interval, the observed SNP in the candidate is predicted to cause a truncated protein and its edition through CRISPR/Cas9 reproduced the loss-of susceptibility in a different cultivar. In both mutants, originated by EMS and edition, there are no other noticeable phenotypic alterations. Altogether, the mutation and associated markers open the possibility to breed tomato varieties with stable broad-spectrum resistance to PepMV.



Deciphering protein interactors of the ParPMC proteins involved in Sharka resistance in apricot

A. Polo-Oltra^{1*}, A. Lloret^{1,2}, J.A. Sánchez-Navarro³, G. Ríos¹, M.L. Badenes¹ y E. Zuriaga¹.

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

² Max Planck Institute for Plant Breeding Research, Carl-von-Linne-Weg 10, 50829, Köln, Alemania

³ Instituto de Biología Molecular y Celular de Plantas (IBMCP), Consejo Superior de Investigaciones Científicas-Universitat Politècnica de Valencia, 46022, Valencia, Spain.

TIPO DE PRESENTATION: Poster

ABSTRACT

Sharka disease, caused by the potyvirus Plum pox virus (PPV), is one of the most limiting factors for the production of stone fruits. The development of resistant varieties is the best solution to control this disease. Recently, combining genetic, genomic and transcriptomic data, we pointed *ParPMC1* and *ParPMC2* as host susceptibility genes which silencing confers resistance to PPV in apricot. Both *ParPMC* genes are highly similar and belong to a cluster of meprin and TRAF-C homology domain (MATHd)-containing genes of unknown function. In order to deepen the study of their possible function, in this work we address the identification of putative interactors of the proteins encoded by them. For this purpose, a triple approach has been carried out: *in vitro*, *in vivo* and *in silico*. First, a yeast two-hybrid assay (Y2H) was carried out using tissue from susceptible varieties inoculated with PPV for the construction of the library. Second, these results were verified by a bimolecular fluorescence complementation (BiFC) assay. Finally, these results were combined with previous genomic and transcriptomic data to perform an *in silico* protein-protein interaction networks (PPIN) analysis. The results obtained allowed the identification of some genes putatively involved in the control of this trait. This represents an advance in the knowledge about the mechanism of PPV resistance in apricot that could also be of great interest for the stone fruit breeding programs.

Keywords: interaction, stone fruits, PPV, Y2H, BiFC, PPIN.

Acknowledgments: This research was funded by the 'Ministerio de Ciencia e Innovación/ Agencia Estatal de Investigación de España' (projects RTA2017-00011-C03-01 and PID2020-113276RR-I00/AEI/10.13039/501100011033). A.P.O. acknowledges the support granted with the PhD fellowship co-financed by the European Social Fund and the Generalitat Valenciana ACIF/2021/343 (DOCV 8959/24.11.2020).



MicroLife: from prediction to function

Adrian Pintado^{1,3}, Guillermo Guerrero-Ejido², Kevin Bretscher³ y Victor J Carrión^{1,2}

¹Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea “La Mayora”, Universidad de Málaga-Consejo Superior de Investigaciones Científicas (IHSM-UMA-CSIC), Área de Genética, Facultad de Ciencias, 29010, Málaga, Spain.

²Institute of Biology, Leiden University, Leiden, the Netherlands. Department of Microbial Ecology, Netherlands Institute of Ecology (NIOO-KNAW), Wageningen, the Netherlands. |

³Institute of Biology, Leiden University, Leiden, the Netherlands.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN:

Bacteria have a wide variety of lifestyles ranging from pathogenic, causing diseases in animals, plants or humans, to beneficial. Some of these beneficial bacteria have evolved together with plants and provide specific traits such as plant growth promotion or help to tolerate (a)biotic stresses. *Burkholderia* spp. and *Pseudomonas* spp. are among the most ubiquitous bacterial genera whose species have been isolated worldwide in all kinds of environments. For example, species belonging to *B. cepacia* and *B. pseudomallei* complexes, and *P. aeruginosa* are often human pathogens, while *B. plantarii*, *B. glumae*, *B. gladioli* and *P. syringae* strains are strictly plant pathogens. On the other hand, *Paraburkholderia* and *P. fluorescens* strains are mainly found in soil and/or in beneficial associations with plants. In this study, we have used MicroLife, a high-throughput computational workflow to explore large-scale genomic datasets and perform a deep comparative genomic analysis between all the *Burkholderia* and *Pseudomonas* genomes available. The comparative genomic analysis has identified more than 709 and 385 genes associated with plant pathogenic lifestyle in *Burkholderia* and *Pseudomonas*, respectively. We observed a larger set of genes that are well-known for their roles in the virulence of these bacteria. However, many of the identified genes were of unknown function or unrelated to known virulence processes. Here, we are using targeted mutagenesis to validate the unknown genes predicted by MicroLife. Currently, we are testing the phenotype in plants of 34 independent mutants and heterologous expression and biochemical analyses are ongoing to determine his association with the lifestyle associated.



Respuesta fisiológica y molecular de la variedad Tempranillo (*Vitis vinífera*, L.) a la yesca

Francisco Espinosa Borregero

Grupo Investigación Fisiología y Biología Celular y Molecular de Plantas (BBB015), Facultad de Ciencias, Campus Avenida de Elvas s/n, Universidad de Extremadura, 06071 Badajoz

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Las enfermedades de la madera de la vid constituyen uno de los principales problemas sanitarios de este cultivo en el mundo. El objetivo del estudio ha sido evaluar la respuesta fisiológica y molecular de la variedad Tempranillo a la yesca, realizado en un viñedo experimental en la Finca La Orden (CICYTEX) (38°N, 6°W, altitud 198 m). En las hojas afectadas por la yesca los pigmentos fotosintéticos y la eficiencia fotosintética disminuyen. El contenido en prolina aumenta, posiblemente para el mantenimiento de los niveles de peroxidación lipídica. El contenido de fenoles, flavonoides y fenilpropanoides disminuye, así como la capacidad antioxidante total (FRAP); por el contrario, la actividad polifenoloxidasas (PPO) sufre un fuerte incremento. Tanto el pool de ascorbato (AsA+DHA) como el de glutatión (GSH+GSSG) disminuyen, en hojas y uvas. Se observa una alteración del estado redox (AsA/DHA y GSH/GSSG) como consecuencia de la yesca. En las uvas afectadas, la peroxidación lipídica y el contenido total de fenoles disminuyen, pero no el de antocianinas. Tanto en hojas como en uvas, la expresión de los genes fenilalanina amonio liasa (PAL), polifenol oxidasa (PPO), superóxido dismutasa (SOD) y chalcona sintasa (ChaS1 y ChaS3) aumenta considerablemente en respuesta a yesca. La alteración de los niveles de ascorbato y glutatión, de compuestos fenólicos y actividad PPO, contenido de prolina y FRAP, junto con el aumento de expresión de PAL, PPO, SOD y ChaS1 y ChaS3, están implicados en la respuesta a la yesca. La expresión de estos genes, al igual que la actividad de la...



— PÓSTERES
ÁREA TEMÁTICA:
DETECCIÓN Y DIAGNÓSTICO

Identificación del patógeno y control del podrido “sooty spot” causado por *Cladosporium ramotenellum* en mandarinas frescas de Perú

Celia Murciano¹, Jeniffer J. Oliver-Chirito^{1,2}, Benito Orihuel-Iranzo¹

¹Productos Citrosol S.A., Partida Alameda Parc. C, 46721, Potries, Valencia, España

²Asociación de Productores de Cítricos del Perú, Av. Nicolás Arriola 314 Of. 903, La Victoria, Lima, Perú

Dirección para correspondencia: cmurciano@citrosol.com

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN:

Durante la campaña 2018 se produjeron grandes pérdidas postcosecha en algunas variedades de mandarinas enviadas desde Perú a China, Europa y Estados Unidos. Las pérdidas se debieron principalmente a manchas negras superficiales y firmes en toda la piel de la fruta, donde a veces se desarrollaba un micelio aéreo. En este trabajo se ha identificado el agente causal, una especie de *Cladosporium* de la que no había constancia previamente como patógeno de cítricos. Se aisló el patógeno de las lesiones de la piel de la fruta afectada, se identificó por secuenciación como *Cladosporium ramotenellum*, y se comprobó que se cumplían los postulados de Koch. Esta especie estaba también presente en la superficie de la fruta inmadura en el campo, lo que indica que la infección probablemente se inicia antes de la cosecha.

Además, con el fin de diseñar un tratamiento postcosecha para reducir la incidencia de la enfermedad, se testó la sensibilidad del patógeno a los fungicidas postcosecha actualmente registrados en todo el mundo y se probaron diferentes tratamientos de aplicación industrial. El tratamiento industrial diseñado y validado fue eficaz para disminuir la carga de *Cladosporium* sp. en la superficie del fruto, lo que limitó la incidencia de la infección y redujo las pérdidas postcosecha causadas por el hongo.

Aunque es una especie bastante extendida, esta es la primera descripción de *C. ramotenellum* como causante de podrido en cítricos, siendo los síntomas de esta enfermedad similares a los descritos anteriormente y causados por *Cladosporium cladosporoides* en cv. Satsuma de Japón.



Identificación y patogenicidad de aislados de *Fusarium* spp. y *Neocosmospora falciformis* asociados con la marchitez del garbanzo (*Cicer arietinum* L.) en el noroeste de México

Carlos I. Cota-Barreras¹, Raymundo S. García-Estrada¹, Josefina León-Félix¹, Víctor Valenzuela-Herrera², Guadalupe A. Mora-Romero³, Karla Y. Leyva-Madrigal³, Juan M. Tovar-Pedraza¹

¹ Coordinación Regional Culiacán, Centro de Investigación en Alimentación y Desarrollo, Culiacán, 80110, Sinaloa, México.

² Campo Valle de Culiacán, Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias, Culiacán, 80110, Sinaloa, México.

³ Unidad Regional Los Mochis, Universidad Autónoma de Occidente, Los Mochis, 81223, Sinaloa, México. Autor de correspondencia: juan.tovar@ciad.mx

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

La marchitez, es la enfermedad más importante que afecta las áreas de producción de garbanzo (*Cicer arietinum* L.) en México. Los síntomas incluyen pudrición de raíz, amarillamiento, reducción del crecimiento y muerte de plantas. Los objetivos de este estudio fueron identificar a las especies de *Fusarium* y *Neocosmospora* asociadas con la marchitez del garbanzo en el noroeste de México mediante análisis filogenéticos y caracterización morfológica, además de determinar la virulencia de los aislados. Un total de 44 aislados (29 de *Fusarium* y 15 de *Neocosmospora*) representando tres diferentes estados de México (Sinaloa, Sonora y Baja California Sur) se seleccionaron para filogenia, caracterización morfológica y pruebas de patogenicidad. Los análisis filogenéticos se realizaron usando secuencias de fragmentos de los genes *EF-1α* y *RPB2* y analizándolas mediante el método de Máxima Verosimilitud. La caracterización morfológica se llevó a cabo registrando las características cualitativas y cuantitativas de macroconidios, microconidios, fiálides y clamidosporas. Mientras que, las pruebas de patogenicidad se realizaron en condiciones de invernadero, inoculando raíces de plantas de garbanzo cv. Blanco Sinaloa con suspensión de esporas. Los análisis filogenéticos generados con los datos combinados de las secuencias *EF-1α* y *RPB2*, permitió identificar a *Fusarium languescens*, *Neocosmospora falciformis*, *F. nirenbergiae* y *F. verticillioides*. Entretanto, la prueba de patogenicidad indicó que todos los aislados fueron patogénicos y se encontraron diferencias significativas en la virulencia de los aislados. Para nuestro conocimiento, este es el primer reporte de *F. languescens*, *F. nirenbergiae* y *F. verticillioides* causando marchitez del garbanzo en México y a nivel mundial.



***Rhizopus sexualis* var. *sexualis* parasita frutos de calabaza butternut**

María Ángeles Parra Sáez, Juan Antonio Martínez López.

Grupo Protección de Cultivos, Departamento de Ingeniería Agronómica, Universidad Politécnica de Cartagena (UPCT).

juanantonio.martinez@upct.es

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

La podredumbre por *Rhizopus* es habitual en calabaza butternut durante su almacenamiento. Se manifiesta como una descomposición blanda y acuosa acompañada de micelio blanco algodonoso. Esta sintomatología se asocia con la especie *Rhizopus stolonifer*, pero en el presente trabajo se ha identificado a *R. sexualis* var. *sexualis* como agente causal de la enfermedad. La aplicación de los postulados de Koch ratificó el hallazgo, motivo por el que sospechamos que, por la similitud entre las dos podredumbres, ésta pueda pasar desapercibida durante comercialización.

A partir de frutos afectados procedentes de Águilas (Murcia) se aisló al patógeno de tejidos internos del fruto. Se comprobó la formación de un micelio idéntico al de los frutos de origen en cultivos de agar de patata y de extracto de malta. Se describió la morfología del aislado e identificó por medio de la secuenciación de los dominios D1/D2 del gen 28S ARNr y los espacios intergénicos ITS1 e ITS2 que incluyen el gen 5,8S ARNr.

Según el análisis filogenético basado en los dominios D1/D2 y de acuerdo con el método de unión de vecinos, el aislado se incluyó en el conglomerado de *Rhizopus stolonifer*, formado por las especies *R. stolonifer*, *R. sexualis* y *R. americanus*. Se observaron múltiples secuencias ITS además de esporangióforos pardos, de 20 μm de ancho y de 1.550 μm de largo, rectos, en grupos de 3 a 6 y también verticilados a partir de la primera bifurcación, en grupos de 3 a 4, características todas ellas propias de *Rhizopus sexualis* var. *sexualis*.



Patogenicidad de *Penicillium ulaiense* en frutos cítricos

Juan Antonio Martínez López.

Grupo Protección de Cultivos, Departamento de Ingeniería Agronómica, Universidad Politécnica de Cartagena (UPCT).

juanantonio.martinez@upct.es

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Penicillium ulaiense es un patógeno de frutos cítricos ya descrito en EE. UU. (1993). Desde entonces, ha sido identificado en numerosas áreas citrícolas del mundo, incluyendo España. La sintomatología parece denotar similitud a la ocasionada por la podredumbre azul por *Penicillium italicum*. Esta circunstancia hace suponer que pueda pasar desapercibido durante la comercialización, confundiéndose con esta última podredumbre.

Se estudia la patogenicidad de un aislado de *P. ulaiense* procedente de Egipto, almacenado en nuestra colección MAPYS, sobre frutos de naranja, limón, mandarina y pomelo. Se inocularon 10 µL de distintas concentraciones conidiales sobre lesiones practicadas con un punzón cercanas a la zona peduncular. Los frutos se almacenaron en condiciones termohigrométricas variables. Previamente se estudió la capacidad de desarrollo del hongo sobre agar albedo preparado de cada una de las especies cítricas.

P. ulaiense se desarrolló sobre agar albedo de cada una de las especies cítricas, lo que denotó su capacidad de crecimiento sobre este sustrato, habilidad previa y necesaria para poder colonizar los frutos vivos sobre microheridas en el caso de que pueda vencer las defensas de los frutos. Los ensayos de patogenicidad pusieron de manifiesto que el hongo puede parasitar los frutos de naranja, limón y mandarina. Sin embargo, los pomelos sólo fueron parasitados con altas dosis de propágulos, a temperaturas suaves y alta humedad relativa. La falta de estudios sobre esta enfermedad, así como su posible incidencia quizás oculta como diagnósticos de podredumbre azul, abre un camino de interés para caracterizar bien la etiología de la enfermedad.



Aplicación de la secuenciación NGS al diagnóstico de Fitoplasmas

Ana Crespo-Sempere, Estela Benedito, Alejandro Carralero, Pilar Hernández-Acosta, Consuelo Penella, Miguel Morard, María R. Albiach-Martí.

Filiación: ValGenetics SL

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Los Fitoplasmas son bacterias endosimbiontes de células del floema asociados a una amplia variedad de síntomas en una gran gama de plantas hospedantes. Debido a esta diversidad, cuando se observan síntomas compatibles con infección por Fitoplasmas es difícil correlacionar los síntomas con una especie de Fitoplasma en concreto. Por este motivo, habitualmente, este diagnóstico se dirige a una detección de Fitoplasmas genérica.

Hasta la fecha, las técnicas basadas en la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) con cebadores universales que permiten amplificar el gen 16S rRNA son el método más utilizado para la detección de Fitoplasmas. Esta metodología presenta el inconveniente de que en muchas ocasiones los cebadores muestran inespecificidades amplificando el ADN de otras bacterias o cloroplastos de la muestra vegetal. Este hecho, unido a la distribución irregular de los Fitoplasmas en planta y a su baja concentración, dificulta enormemente su diagnóstico.

Para mejorar la sensibilidad y fiabilidad del diagnóstico de estos patógenos, en ValGenetics se han desarrollado sistemas de diagnóstico basados en secuenciación NGS. Se diseñaron nuevos amplicones específicos de distintos tamaños aprovechando las ventajas ofrecidas tanto por las tecnologías de Illumina como de Oxford Nanopore para la detección e identificación de las distintas especies de Fitoplasmas. La secuenciación de estos amplicones permitió mejorar la fiabilidad de los métodos existentes en el diagnóstico general de Fitoplasmas tanto en plantas ornamentales como en los géneros *Rubus*, *Vaccinium* o *Prunus*.



Detección de *Xylella fastidiosa* en *Philaenus spumarius*

Ana Palacio-Bielsa¹, Isabel M^a Berruete¹, Eva Núñez¹, M^a Milagro Coca-Abia¹, Jaime Cubero²

¹Dpto. Sistemas Agrícolas, Forestales y Medio Ambiente, Centro de Investigación y Tecnología Agroalimentaria de Aragón, Instituto Agroalimentario de Aragón-IA2 (CITA-Universidad de Zaragoza). Zaragoza. *apalaciob@aragon.es

²Grupo de Bacteriología del Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria (INIA). Madrid

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Xylella fastidiosa constituye actualmente la principal amenaza para distintos cultivos de gran importancia estratégica, por ello es una bacteria de cuarentena en la UE. Es transmitida de forma persistente por insectos chupadores del xilema de los huéspedes a los que afecta, siendo el hemíptero *Philaenus spumarius* el principal vector del patógeno en Europa.

Los análisis de los vectores permiten detectar *X. fastidiosa* de forma temprana, incluso antes de que las plantas muestren síntomas.

En este trabajo se han comparado diferentes métodos de extracción del ADN utilizando dos parejas de cebadores en las amplificaciones mediante PCR en tiempo real y partiendo tanto de suspensiones en agua de cultivos puros de tres subespecies de *Xylella* (*fastidiosa*, *multiplex* y *pauca*) como de muestras cebadas de *P. spumarius*. Los análisis comparativos mostraron diferencias generales en la sensibilidad obtenida entre las dos parejas de cebadores utilizados, así como algunas diferencias con relación a los métodos utilizados para la extracción del ADN.

Los resultados presentados son parte del proyecto de E-RTA2017-00004-C06-05, cofinanciado por INIA y la Interprofesional del Aceite de Oliva Español.



Detección del virus del amarilleo clorótico de las cucurbitáceas en Tenerife

Ana Alfaro Fernández¹, Ana Espino de Paz², Moisés Botella Guillen², M^a Isabel Font-San Ambrosio¹, Esmeralda Sanahuja¹, Luis Galipienso³ y Luis Rubio³

¹Grupo de Virología. Instituto Agroforestal Mediterráneo. Universitat Politècnica de València, 46022 Valencia

²Laboratorio de Sanidad Vegetal, Servicio de Sanidad Vegetal de la Consejería de Agricultura, Ganadería, Pesca y Aguas del Gobierno de Canarias, 38270 Tenerife

³Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias (IVIA), Moncada, Valencia

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

En verano de 2019, en el sudeste de la isla de Tenerife (municipio de Arico) se observaron síntomas de amarilleo, mosaicos, moteados, clorosis de nervios y algún caso aislado de necrosis en hojas en cultivos al aire libre de calabaza (variedad Nápoles) y sandía (variedades Augusta negra y Kasmira) y bajo invernadero de malla en calabacín (variedad Marcado). Se recogieron muestras de nueve plantas de calabaza, 11 de sandía y siete de calabacín y se analizaron por ELISA para 21 virus que infectan cucurbitáceas. En cuatro muestras de sandía y una de calabacín se detectó el virus del amarilleo clorótico de las cucurbitáceas (cucurbit chlorotic yellows virus, CCYV) junto a otros virus en infecciones mixtas. Mediante RT-PCR con iniciadores específicos para CCYV se amplificó un fragmento de DNA correspondiente al gen de la proteína de la cápside. El análisis de las secuencias nucleotídicas mostró que estos aislados de CCYV tenían una identidad nucleotídica superior al 99% con aislados de CCYV de Argelia, Grecia, Israel, Líbano, Sudán, Arabia Saudita, EE. UU., China y Corea, alrededor de un 98% con dos aislados de Arabia Saudita y un 95% con tres aislados de Irán. El análisis filogenético mostró que no había correlación entre la distancia genética y la localización geográfica de los aislados de CCYV, así como con la especie de cucurbitácea infectada. Esta fue la primera vez que se detecta CCYV en las Islas Canarias y en marzo de 2022 se ha vuelto a detectar en dos plantas de calabacín (variedad Marcado) en Arico.



Detección y cuantificación del virus del mosaico de la sandía por RT-PCR a tiempo real

Luis Rubio¹, M^a Isabel Font San Ambrosio², Ana Alfaro Fernández² y Luis Galipienso¹

¹Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias (IVIA), Moncada, Valencia

²Grupo de Virología. Instituto Agroforestal Mediterráneo. Universitat Politècnica de València, 46022 Valencia

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

El virus del mosaico de la sandía (watermelon mosaic virus, WMV) produce graves daños en varios cultivos de cucurbitáceas en todo el mundo. El control de enfermedades se basa en restringir la propagación del virus y en la obtención de variedades resistentes por mejora genética. Para poder aplicar estas estrategias de control es necesario disponer de herramientas para la detección sensible y la cuantificación precisa de WMV en plantas infectadas. En este trabajo, se desarrolló un procedimiento basado en la retrotranscripción seguida de una PCR a tiempo real con un par de iniciadores y una sonda TaqMan® específicos de WMV. Los iniciadores y la sonda se diseñaron a partir de secuencias conservadas para amplificar una amplia gama de aislados de WMV. Para una cuantificación absoluta, se estableció una curva estándar con diluciones seriadas de transcritos de la región amplificada de WMV, que mostró una gran sensibilidad y un amplio rango dinámico. Esta técnica se validó mediante el análisis de muestras de campo de sandía, melón, pepino y calabaza, así como mediante la evaluación de la acumulación del RNA viral en diferentes fases de la infección en plantas de calabaza.



Detección temprana de la Tinta del castaño causada por *Phytophthora cinnamomi* mediante análisis de imagen e inteligencia artificial

Paula Serrano-Pérez¹, Guillermo Calvo², Antonio Rubio², Carlos Tarragona², Inmaculada Barrero³, Jesús de la Fuente³, Miguel M^a Chocarro³, Elena Nieto¹, Carlos Campillo⁴ y M^a del Carmen Rodríguez-Molina¹

¹ Centro de Agricultura Ecológica y de Montaña (CAEM). Centro de Investigaciones Científicas y Tecnológicas de Extremadura (CICYTEX). Avda. de España 43, 10600 Plasencia (Cáceres). paula.serranop@juntaex.es

² SpectralGeo. Parque Los Lirios 8, 1^ºB, 26006 Logroño (La Rioja)

³ Azimut Topografía y drones S.L. Calle Cervantes 12, 06800 Badajoz.

⁴ 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 DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

La enfermedad de la Tinta causada por *Phytophthora cinnamomi* es una de las más graves del castaño, cultivo que se encuentra actualmente en expansión en gran parte de las zonas productoras. Las infecciones de la raíz por especies de *Phytophthora* desencadenan una disfunción generalizada de las relaciones hídricas y fisiológicas de la planta que podrían ser detectadas con el análisis de datos espectrales. En este trabajo se presentan resultados preliminares del proyecto *PhytoSeek*, el cual pretende desarrollar un modelo de detección temprana de la enfermedad mediante el análisis de imagen junto con el empleo de técnicas de inteligencia artificial.

En abril de 2021, en una plantación de castaños de Cáceres gravemente afectada de Tinta, se obtuvieron imágenes con sensores (RGB, multiespectral y térmico) embarcados en RPAS y se realizó un seguimiento visual de síntomas de Tinta. Para cada árbol se calcularon diferentes índices de vegetación (vigor, nivel de clorofila, salud de la vegetación, estrés hídrico, índice del dosel de la vegetación, índices térmicos...). Varios índices relacionados con el vigor y la clorofila mostraron una relación inversa moderada con la sintomatología ($R^2=0.52$), mientras que el índice relacionado con el estrés hídrico mostró una relación directa ($R^2=0.6$). El modelo obtenido clasificó correctamente un 87% de los árboles.

Estos resultados se consideran muy satisfactorios ya que esperamos que el seguimiento de la progresión de la enfermedad en campo aumente la precisión del modelo y permita identificar las variables que mejor detectan la infección antes de que se observen síntomas.

Palabras clave: *Castanea* spp., detección precoz, *machine learning*, *Phytophthora cinnamomi*, RPAS.



Nuevo protocolo de detección de bacterias fitopatógenas del género '*Candidatus Liberibacter*' en plantas y en insectos mediante PCR en tiempo real

María Quintana-González de-Chaves¹, Félix Morán², Silvia Barbé², Edson Bertolini³, Felipe Siverio de la Rosa¹, Ester Marco-Noales²

¹Unidad de Protección Vegetal, Instituto Canario de Investigaciones Agrarias (ICIA), Tenerife.

²Unidad de Bacteriología, Centro de Protección Vegetal y Biotecnología. Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias (IVIA), Valencia.

³Faculty of Agronomy. Department of Plant Health, Federal University of Rio Grande do Sul (UFRGS), Porto Alegre, Brasil.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

El género '*Candidatus Liberibacter*' engloba bacterias fitopatógenas, transmitidas por psílidos, de las especies: '*Ca. L. africanus*' (CaLaf), '*Ca. L. americanus*' (CaLam) y '*Ca. L. asiaticus*' (CaLas), asociadas al huanglongbing (HLB) de los cítricos; y '*Ca. L. solanacearum*' (CaLsol), asociada a zebra chip en papa, y desórdenes vegetativos en solanáceas y apiáceas. Dado que estas bacterias no han podido ser cultivadas en laboratorio y que los síntomas que causan no son totalmente específicos, el diagnóstico de estas enfermedades no es sencillo.

Los protocolos moleculares de detección disponibles presentan problemas de especificidad. Por ello, en este trabajo se ha diseñado un nuevo protocolo de PCR en tiempo real con sonda Taq-Man™, dirigido al gen *rpoB*, que se ha validado según la *European Plant Protection Organization* y evaluado en un *Test Performing Study* del Laboratorio Europeo de Referencia. El nuevo protocolo presenta el límite de detección más bajo de entre los protocolos disponibles, detectando hasta 6 moléculas por microlitro. Se detectó CaLaf, CaLam, CaLas o CaLsol en 86 muestras de plantas y 58 de psílidos, tanto en extractos de ADN purificado como en extractos crudos. No hubo reacciones cruzadas en las 106 muestras no infectadas analizadas de plantas e insectos.

Este protocolo universal para el género '*Ca. Liberibacter*' es: preciso (tiene alta sensibilidad y especificidad), rápido (permite detectar las cuatro especies patógenas en un solo paso) y puede constituir una herramienta útil en programas de manejo para prevenir la dispersión de estas bacterias o su entrada en territorios libres de las mismas.



Necrosis del cuello de almendro causada por *Lasiodiplodia theobromae*: primera detección en España

Ramona María Muñoz¹, María Luisa Lerma¹, Purificación Castillo¹, Víctor Manuel Tolosa¹, Diego Olmo², Antonio Trapero³, Carlos Agustí-Brisach³

¹ Servicio de Diagnóstico y Asistencia Fitosanitaria (SEDAF), Instituto Técnico Agronómico Provincial de Albacete (ITAP), Parque Empresarial Campollano, Segunda Avenida, 61, 02007 Albacete

² Laboratori Oficial de Sanitat Vegetal de Les Illes Balears (LOSVIB), Serveis de Millora Agrària I Pesquera (SEMILLA)- Conselleria d'Agricultura Pesca I Alimentació, C/Eusebi Estada, 145, 07009 Palma de Mallorca

³ Grupo Patología Agroforestal AGR-216, Departamento de Agronomía, Unidad de Excelencia María de Maeztu 2020-23, ETSIAM, Universidad de Córdoba, Campus de Rabanales, Edif. C4, 14071 Córdoba

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

En una plantación de 2 años de almendro (*Prunus dulcis*) de la variedad Marinada, localizada en La Recueja (Albacete), se detectaron árboles que inicialmente amarilleaban y luego perdían las hojas; observándose importantes daños en el cuello. Los síntomas se observaron en el 25% de 1300 árboles. A partir de la zona de avance del cuello se aisló de forma consistente un hongo de abundante micelio aéreo grisáceo, con conidios subovoides a elipsoide-ovoides, $(22,5-30,0) \times (12,5-17,3) \mu\text{m}$ ($n = 30$), inicialmente hialinos y aseptados y posteriormente marrón oscuro, con un tabique y estrías longitudinales. El hongo fue identificado morfológicamente como *Lasiodiplodia* sp. y mediante secuenciación de las regiones génicas ITS y EF y análisis filogenético como *Lasiodiplodia theobromae*. Las primeras pruebas de patogenicidad se realizaron en ramas de almendros sanos ('Ferragnes') inoculando tanto disco de micelio como suspensión de conidios; posteriormente, la patogenicidad se confirmó en plantones de almendro sanos de 2 años ('Lauranne') creciendo en macetas, inoculando el cuello con disco de micelio. Tanto en ramas como en plantones, se desarrolló decoloración de la madera, así como necrosis sectorial y depresión de madera en el cuello de los plantones inoculados; no se detectaron síntomas en las plantas control. El patógeno fue reaislado consistentemente del margen de las lesiones de todos los tejidos inoculados. *Lasiodiplodia theobromae* ha sido citado en almendro en California, causando chancros en el tallo; en este caso, ha sido detectado por primera vez en España causando daños en el cuello de los árboles.



Primera detección de *Apiospora marii* causando decaimiento y muerte de olivos jóvenes en España

Carlos Agustí-Brisach¹, Purificación Castillo², María Luisa Lerma², Ana López-Moral¹, Antonio Trapero¹, Ramona María Muñoz²

¹Grupo Patología Agroforestal AGR-216, Departamento de Agronomía, Unidad de Excelencia María de Maeztu 2020-23, ETSIAM, Universidad de Córdoba, Campus de Rabanales, Edif. C4, 14071 Córdoba

²Servicio de Diagnóstico y Asistencia Fitosanitaria (SEDAF), Instituto Técnico Agronómico Provincial de Albacete (ITAP), Parque Empresarial Campollano, Segunda Avenida, 61, 02007 Albacete

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

En 2021 se observaron síntomas de decaimiento general en un olivar comercial cv. Arbequina (1 año), de cultivo intensivo en Albatana (Albacete). Los árboles mostraban clorosis, marchitez, seca de ramas, decoloración interna de la madera, necrosis radical, y muerte de árboles, siendo la incidencia de la enfermedad del 20% de los 10.000 árboles plantados. De las raíces y tronco de plantas afectadas se aislaron consistentemente (60%) colonias fúngicas de crecimiento rápido. Se seleccionaron dos aislados representativos (21014-3; 21014-15) para su caracterización. Las colonias mostraron micelio aéreo algodonoso, de color blanco-beige, una temperatura óptima de crecimiento de 22 °C y una tasa de crecimiento de 8,2 mm/día. Los conidios fueron marrones, globosos a elipsoidales, y de dimensiones $8,14 \times 6,5 \mu\text{m}$. Las colonias se identificaron morfológicamente como *Apiospora* sp., y su identidad se confirmó mediante secuenciación de las regiones génicas TUB y EF, y análisis filogenéticos. Ambos aislados se identificaron molecularmente como *Apiospora marii*. Su patogenicidad se evaluó en plántones de olivo cv. Arbequina inoculando las raíces por inmersión en una suspensión de conidios del patógeno (10^5 conidios/ml). A los tres meses tras la inoculación, se observaron síntomas de clorosis, marchitez y seca de ramillas, y posterior muerte de los plántones inoculados. El patógeno se reaisló consistentemente tanto de las raíces como de los tallos de las plantas inoculadas. Este patógeno únicamente se ha descrito asociado a marchitez y decaimiento de olivos jóvenes previamente en Italia, suponiendo este trabajo la primera detección de *A. marii* en olivo en España.



Avances en el conocimiento de la septoriosis del pistachero en España: etiología y comportamiento del patógeno en condiciones controladas

Ana López-Moral¹, Carlos Agustí-Brisach¹, María del Carmen Raya¹, María Lovera², Carlos Trape-ro¹, Octavio Arquero², Antonio Trapero¹

¹Departamento de Agronomía, Unidad de Excelencia María de Maeztu 2020-23, ETSIAM, Universidad de Córdoba, Campus de Rabanales, Edif. C4, 14071 Córdoba

²Departamento de Fruticultura Mediterránea, IFAPA, Alameda del obispo s/n, 14004 Córdoba

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

La septoriosis del pistachero (*Pistacia vera*) se considera la enfermedad más importante de este cultivo en España. Entre 1998 y 2018, se han procesado 22 muestras de hojas de pistachero con manchas necróticas representativas de campos comerciales del centro-sur de la península Ibérica. Además, se procesaron muestras de hojas de cornicabra (*P. terebinthus*) con síntomas de la enfermedad. Se obtuvieron seis aislados de *Septoria* sp., que fueron identificados como *Septoria pistaciarum* por secuenciación de ITS, RPB2 y LSU. Las características fenotípicas de los conidios confirmaron su identidad. Los conidios fueron solitarios, hialinos, alargados y curvados, siendo los de cornicabra ligeramente más alargados que los de pistachero. Las colonias mostraron crecimiento lento en PDA. El efecto de la temperatura sobre la germinación de conidios y el crecimiento micelial se evaluó *in vitro* en PDA, siendo la temperatura óptima de 19-20°C. Se evaluaron ocho medios de cultivo frente al crecimiento micelial y la esporulación. Los medios agar avena y SNA mostraron un mayor crecimiento micelial, y el 'agar pistacho' una mayor esporulación. Además, se puso a punto un medio de cultivo añadiendo distintas concentraciones de polvo liofilizado de hoja de pistachero en PDA diluido, incrementando significativamente la esporulación obtenida en 'agar pistacho'. La patogenicidad de *S. pistaciarum* se evaluó inoculando hojas de plantones de pistachero y cornicabra por pulverización de una suspensión conidial (5×10^5 conidios/ml) del patógeno. A los 10 y 21 días tras la inoculación se desarrollaron manchas necróticas y cirros del patógeno, respectivamente, en ambos huéspedes.



Situación actual de las enfermedades de la madera en viñedos jóvenes del Marco de Jerez y de la sanidad del material vegetal empleado en nuevas plantaciones

María Dolores Vela¹, Ana López-Moral², María del Carmen Raya², Miguel Talavera³, Antonio Trapero² y Carlos Agustí-Brisach²

¹IFAPA Rancho de la Merced. ²Departamento de Agronomía y Patología Agroforestal, UCO. ³IFAPA Centro Alameda del Obispo

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

En los últimos 5 años, se vienen observando síntomas de decaimiento y muerte de plantas en viñedos comerciales de reciente establecimiento en el Marco de Jerez. Debido a su alta frecuencia, se prospectaron 10 viñedos, seleccionando tres plantas sintomáticas por campo. En paralelo, se analizaron 130 plantas procedentes de 10 viveros comerciales empleadas para nuevas plantaciones en 2021, la mayoría de ellas de la variedad Palomino Fino injertada sobre 140 Ruggeri. En todos los casos, se realizó aislamiento microbiológico de diferentes secciones de madera de las plantas, e identificación molecular de cultivos fúngicos mediante secuenciación de las regiones génicas ITS, TUB, EF, ACT y/o HIS. La sintomatología de la madera de las plantas de viñedos se correspondía con la observada en las plantas de vivero, mostrando síntomas principalmente en el patrón, que incluían necrosis vasculares asociadas con enfermedad de Petri, así como decoloración, ennegrecimiento y escaso desarrollo radical asociado con pie negro. En las plantas de campo, ocasionalmente se observaron síntomas de necrosis sectorial en los brazos asociados con decaimiento por *Botryosphaeria*. En general, se identificaron las siguientes especies: *Botryosphaeria dothidea*, *Diplodia seriata*, *Lasiodiplodia theobromae* y *Neofusicoccum parvum* (decaimiento por *Botryosphaeria*); *Cadophora luteo-olivacea*, *Phaeoacremonium minimum*, *P. fraxinopennsylvanicum* y *Phaeomoniella chlamydospora* (enfermedad de Petri); y *Dactylonectria novozelandica*, *D. torresensis* e *Ilyonectria liriodendri* (pie negro), tanto en plantas de viñedo como de viveros, sugiriendo que la problemática en los viñedos de reciente establecimiento en el Marco de Jerez podría estar asociada con el empleo de material vegetal de baja calidad fitosanitaria.



Huanglongbing (HLB): la importancia de un diagnóstico inequívoco

Cristina Redondo, Jaime Cubero

Departamento de Protección Vegetal, INIA-CSIC, Madrid.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

El Huanglongbing de los cítricos (HLB) es conocido desde la antigüedad en Asia y África por su sintomatología. Sin embargo, no fue hasta principio del siglo XXI cuando se describieron estos mismos síntomas en cítricos de Sur y Norte América. Por tanto, la identificación y caracterización de los agentes causales de la enfermedad, las especies del género *Candidatus Liberibacter*, en diferentes continentes, fue realizada con un lapso de tiempo considerable. Este hecho, unido a la imposibilidad de su cultivo *in vitro*, hace que la detección de esta bacteria haya sido un factor en ocasiones limitante para el estudio de la etiología del HLB y para su control.

Las técnicas de PCR, tanto convencional como tiempo real, son los métodos más eficaces y rápidos de detección de *Candidatus Liberibacter asiaticus* (CaLas), *africanus* (CaLaf) y *americanus* (CaLam), causantes de la enfermedad en sus respectivas áreas geográficas. Sin embargo, los protocolos desarrollados presentan algunos problemas de especificidad y sensibilidad debidos a la variabilidad de los liberibacter, el tipo de muestra, al patrón de colonización del patógeno y a su escaso título en infecciones naturales. La detección temprana, por ello, puede verse comprometida y por tanto el control de su dispersión condicionado.

En este trabajo se describe el diseño de cebadores y sondas específicos para PCR convencional y qPCR, basados en elementos del genoma relacionados con la virulencia de la bacteria. Los resultados obtenidos con muestras de CaLas, CaLam en comparación con otros *C. Liberibacter* demuestran una mayor especificidad del nuevo protocolo diseñado.



Análisis de la diversidad de *Fusarium* en plataneras con y sin síntomas de mal de Panamá

Patricia Brito López¹, Raquel Correa Delgado¹, Patricia C. Pérez Parrado¹, Noelia Rodríguez Cabrera¹, Felipe Siverio de la Rosa^{1,2}, Federico Laich¹.

¹Instituto Canario de Investigaciones Agrarias. ²Consejería de Agricultura, Ganadería y Pesca del Gobierno de Canarias. Santa Cruz de Tenerife. España.

TIPO DE DOCUMENTO: Poster

RESUMEN

El mal de Panamá, en Canarias, citada por primera vez en 1927, después de un brote atribuido a *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense*. Estudios posteriores lograron identificar la raza subtropical 4. El objetivo de este trabajo fue caracterizar las poblaciones de *Fusarium* asociadas a plataneras con y sin síntomas de mal de Panamá. Se analizaron 31 fincas con diferentes condiciones bioclimáticas de Tenerife. En cada finca se recolectó material vegetal y suelo rizoférico de tres plantas con síntomas y tres plantas asintomáticas. A partir de cada muestra, se realizó el aislamiento de las colonias de *Fusarium*. Las muestras de suelo se cultivaron en Komada y PPA, y se obtuvieron 1110 y 1077 aislados respectivamente. No se observaron diferencias significativas en las ufc/g de suelo entre ambos medios de cultivo y entre suelos provenientes de plantas con síntomas y asintomáticas. Las muestras de tejido vegetal fueron sembradas en PDA y se obtuvieron 350 aislados (276 de plantas con síntomas y 74 de asintomáticas). La identificación de estos aislados se realizó mediante el análisis filogenético del gen *tef1*, lo que permitió distinguir ocho especies: *Fusarium phialophorum*, *F. sacchari*, *F. oxysporum*, *F. solani*, *F. musae*, *F. annulatum*, *F. mangiferae* y *F. tardicrescens*. La especie predominante en las plantas con síntomas fue *F. phialophorum* (detectada en el 80,5% de las plantas), seguida de *F. sacchari* (21,4%). De las plantas asintomáticas no se obtuvieron aislados de *Fusarium* en el 63,3%, mientras que en el resto de las plantas la especie predominante fue *F. sacchari* (32,2%).



Análisis, selección e identificación de hongos risosféricos de aguacate con potencial para el biocontrol de *Phytophthora cinnamomi*

Pablo Díaz de León Trujillo¹ y Dr. Julia del Carmen Martínez Gutierrez¹

¹Universidad Autónoma de Guadalajara

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

México es un país con una economía enfocada en el libre mercado y orientada a la exportación de bienes y alimento, por esta parte es el principal productor de aguacate a nivel mundial, con una producción aproximada de 2.3 millones de toneladas equivalente al 31% de la producción mundial, y con 1.28 mdt exportadas.

Actualmente el esfuerzo productivo del país está enfocado en el manejo de grandes extensiones de monocultivo de aguacate, lo cual conlleva un riesgo en la incidencia de plagas y enfermedades con impacto directo en los rendimientos y la calidad de los frutos, siendo una de las principales afectaciones las infecciones por hongos, y de manera más concreta aquellas causadas por el fitopatógeno *Phytophthora cinnamomi* quien ataca la raíz, deteriorando la integridad y desarrollo del huésped, para posteriormente causarle la muerte. Por esta razón se llevó a cabo este proyecto donde se analizó el consorcio de hongos presentes en la rizosfera de árboles de aguacate presuntamente libres de enfermedades, se seleccionaron e identificaron las cepas con potencial antagonico contra *Phytophthora cinnamomi in-vitro*.

Como resultado de este estudio, fueron obtenidos 21 hongos con potencial inhibitorio, posteriormente, se seleccionaron e identificaron 10 cepas mediante secuenciación de ARN ribosomal 18S por su optimo desarrollo antagonico frente a *P. cinnamomi*. Demostramos que el potencial de las cepas seleccionadas está siendo aplicadas de manera comercial para el desarrollo de productos de saneamiento agrícola, a través de la empresa NEWBAUER S.A. DE C.V.



Primera detección en España de *Xanthomonas hortorum* pv. *carotae* en zanahoria

J. L. Palomo¹, M. Shima¹, A. Monterde², I. Navarro², S. Barbé², E. Marco-Noales²

¹ Centro Regional de Diagnóstico, Junta de Castilla y León, Salamanca

² Centro de Protección Vegetal y Biotecnología. Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias (IVIA), Moncada (Valencia).

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

En septiembre de 2019 se detectaron zanahorias (cv. Romance) con las puntas de los folíolos necróticas y halos cloróticos, en Chañe (Segovia). La incidencia fue superior al 90% en varias parcelas sembradas con el mismo lote de semillas. Se aislaron colonias amarillentas, tipo *Xanthomonas*. Se identificaron bacilos gram-negativos, aerobios, con capacidad para hidrolizar caseína y esculina, para crecer en NaCl al 2%, oxidasa y ureasa negativos y catalasa positivos, que amplificaron mediante PCR en tiempo real con cebadores específicos de *Xanthomonas hortorum* pv. *carotae*.

Las secuencias del gen ARNr 16S mostraron una similitud del 100% con cepas de *Xanthomonas campestris*, *X. arboricola*, *X. gardneri* y *X. cynarae*. Sin embargo, la filogenia resultante del análisis de secuencias multilocus (MLSA) de una concatenación de los genes *atpD*, *dnaK* y *efp* agrupó los aislados con la cepa M081 de *X. hortorum* pv. *carotae* con una identidad del 100%.

La patogenicidad de los aislados se comprobó mediante inoculación en plántulas de zanahoria por pulverización con una suspensión bacteriana, incubación en cámara de crecimiento (25°C y 95% de HR) durante 72 horas y, posteriormente, en invernadero (24-28°C y 65% de HR). Los síntomas característicos se desarrollaron 20 días después de la inoculación, mientras que no se observaron síntomas en las plantas inoculadas con agua estéril. Se reaisló la bacteria a partir del tejido sintomático, confirmando su identificación mediante PCR.

Es la primera vez que se identifica en España *X. hortorum* pv. *carotae*, agente causal de la quemadura bacteriana de la zanahoria.



***Brenneria goodwinii* y *Gibbsiella quercinecans* aisladas de roble (*Quercus robur* L.) con síntomas de decaimiento en Asturias**

Ana J. González, Marta Ciordia

Servicio Regional de Investigación y Desarrollo Agroalimentario (SERIDA), Ctra. AS267, PK19 - 33300 Villaviciosa - Asturias. e-mail: anagf@serida.org

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

En 2017 se encontró en Vegadeo (occidente de Asturias) un roble con chancro y producción de un exudado oscuro del que se aislaron dos bacterias muy similares. Ambas eran Gram negativas, fermentativas y oxidasa negativas; positivas para beta-galactosidasa, manitol, sorbitol, inositol, ramnosa, sacarosa, melibiosa, amigdalina y arabinosa, y negativas para arginina dihidrolasa, lisina decarboxilasa, ornitina decarboxilasa, producción de H_2S , ureasa, triptofano deaminasa, indol y gelatinasa; diferenciándose en la prueba del citrato (LPPA 3461 positiva, LPPA 3463 negativa).

Las bacterias se identificaron mediante secuenciación del ADNr 16S, LPPA 3463 tuvo un 99% de similitud con *Brenneria goodwinii* FRB141^T, y LPPA 3461 con *Gibbsiella quercinecans* FRB97^T. Este resultado se confirmó con la secuenciación de los genes *gyrB* y *atpD*.

La patogenicidad se ensayó sobre bellotas mediante pinchazo con una suspensión bacteriana del cultivo de una noche, incubadas en cámara húmeda (28°C). Como control se utilizó agua destilada estéril. A los 15 días se observó pudrición zonal en las bellotas, permaneciendo sanos los controles. Se reaislaron e identificaron las bacterias inoculadas, y los ensayos se repitieron dos veces.

Estas dos especies se han descrito en Reino Unido como los principales patógenos dentro del complejo polibacteriano responsable del decaimiento agudo del roble (AOD, Acute Oak Decline). Esta es la primera referencia de la presencia de *B. goodwinii* y *G. quercinecans* en *Q. robur* en España, aunque esta última había sido descrita en *Q. ilex* L. y *Q. pyrenaica* Willd.

Posteriormente, se han identificado ejemplares afectados en las zonas oriental y central de Asturias.



***Neofusicoccum parvum*, una nueva amenaza fúngica para el castaño (*Castanea sativa* Mill.)**

Marta Ciordia, M^a Dolores Loureiro, Ana J. González.

Servicio Regional de Investigación y Desarrollo Agroalimentario (SERIDA), Ctra. AS267, PK19, 33300 Villaviciosa. Asturias. e-mail: mciordia@serida.org

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

El castaño es una especie polivalente de gran valor económico, ambiental, cultural y patrimonial, lo que subraya la importancia del conocimiento de los patógenos que la amenazan.

En 2021 se observó una lesión deprimida, de color rojizo oscuro, en el tallo de un castaño juvenil cultivado en las instalaciones del SERIDA en Villaviciosa (Asturias). La muestra se analizó y se aislaron colonias fúngicas que desarrollaron un micelio aéreo blanco grisáceo y posteriormente picnidios con conidios fusiformes. La identificación molecular se realizó mediante secuenciación de los genes ITS y beta-tubulina.

El análisis mediante BLAST mostró que las secuencias del ITS y beta-tubulina del aislamiento LPPAF-971 mostraban más del 99% de similitud con *Neofusicoccum parvum* CMW9081T[†].

Las pruebas de patogenicidad se realizaron mediante un corte con bisturí estéril en la corteza de la planta donde se introdujo medio disco de Agar de patata y dextrosa conteniendo el hongo. Como control se utilizó el medio sin el hongo, y el ensayo se realizó dos veces.

A los diez días se observaron chancros corticales en todas las plantas inoculadas, de los que se aisló *N. parvum*, mientras que los controles permanecieron sanos. Más tarde, algunas de las ramas inoculadas llegaron a romperse.

Neofusicoccum parvum es el anamorfo de *Botryosphaeria parva* (Pennycook & Samuels) Crous, Slippers & A.J.L. Phillips, está presente a nivel mundial y es el agente causante de chancros y muerte en numerosas especies vegetales, pero ésta sería la primera vez que se le considera agente causal de enfermedad en castaño.



Resistencia a agentes antimicrobianos en cepas aisladas en vegetales en Asturias

Ana J. González¹, Xenia Vázquez², Pilar Lumbreras-Iglesias^{3,4}, Javier Fernández^{3,4}, M. Rosario Rodicio²

¹Servicio Regional de Investigación y Desarrollo Agroalimentario (SERIDA), Ctra. AS267, PK19 - 33300 Villaviciosa - Asturias. e-mail: anagf@serida.org

²Área de Microbiología, Departamento de Biología Funcional. Universidad de Oviedo

³Instituto de Investigación Sanitaria del Principado de Asturias (ISPA), Oviedo

⁴Servicio de Microbiología, Hospital Universitario Central de Asturias (HUCA), Oviedo

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

El objetivo del trabajo se enmarca en la estrategia “One health” de la Unión Europea que recomienda controlar la resistencia a agentes antimicrobianos en bacterias de origen humano, animal, vegetal y ambiental, ya que esta constituye una amenaza para la salud pública.

La susceptibilidad/resistencia a antibióticos se determinó mediante el método de difusión disco-placa en 40 cepas pertenecientes al orden Enterobacterales, obtenidas de muestras vegetales y suelo agrícola, de las Familias *Enterobacteriaceae* (Géneros *Escherichia*, *Atlantibacter*, *Buttiauxella*, *Enterobacter*, *Klebsiella*, *Kluyvera*, *Leclercia*, *Lelliottia* y *Phytobacter*), *Yersiniaceae* (Géneros *Ewingella*, *Rahnella* y *Serratia*), *Erwiniaceae* (Géneros *Erwinia* y *Pantoea*) y *Morganeliaceae* (Género *Providencia*).

Los agentes antimicrobianos ensayados fueron (concentración en µg): ampicilina (10), amoxicilina/ácido clavulánico (30), cefotaxime (30), cefoxitina (30), cefepime (30), ertapenem (10), colistina (10), gentamicina (10), kanamicina (30), estreptomycin (10), tetraciclina (30), tobramicina (10), amikacina (30), sulfamidas (300), nitrofurantoina (300), trimetoprim (5), cloranfenicol (30), ácido nalidíxico (30) y ciprofloxacino (5). La concentración mínima inhibitoria se determinó para antibióticos relevantes, como cefotaxima y colisitina, utilizando los métodos de microdilución o E-test. Los resultados se interpretaron según los criterios EUCAST.

La resistencia más frecuente fue a los antibióticos beta-lactámicos ampicilina, amoxicilina/ácido clavulánico, cefotaxima y cefoxitina. No se encontró ninguna cepa resistente a ertapenem, gentamicina, tobramicina, amikacina y ácido nalidíxico. Fue infrecuente la resistencia a kanamicina, trimetoprim, cloranfenicol y fosfomicina con una sola cepa resistente de las 40 ensayadas, y a estreptomycin y tetraciclina con dos. Esto indicaría que las resistencias a agentes antimicrobianos no están muy extendidas en las bacterias presentes en vegetales.



Evaluación de la patogenicidad de distintos aislados de *Phytophthora spp.* frente a distintas especies de frutos rojos

Javier Ordóñez Martín¹, Celia Borrero¹, Juana Páez², Ana María Pastrana¹, Manuel Avilés^{1*}

¹Dpto. Agronomía, ETSIA, Universidad de Sevilla, Ctra. Utrera km 1, 41013 Sevilla

²Laboratorio de Producción y Sanidad Animal y Vegetal de Sevilla, Ctra. de Utrera, Km. 1. Apartado 121, Montequinto - Dos Hermanas, 41089. Sevilla

*aviles@us.es

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

La provincia de Huelva es una de las zonas productoras de frutos rojos más importantes de Europa. De estos frutos el cultivo de fresa es el más importante en la zona pero en los últimos años el cultivo de frambuesas y arándanos han sufrido un gran crecimiento tanto en superficie como en producción. *Phytophthora cactorum* ha sido caracterizada como patógeno de fresa, pero recientemente se han encontrado en Huelva varias especies de *Phytophthora* afectando a frambuesa (*Phytophthora rosacearum*, *Phytophthora citricola* y *Phytophthora rubi*) y arándano (*Phytophthora cinnamomi*). El objetivo de este trabajo fue comprobar la patogenicidad de estas cinco especies de *Phytophthora* en fresa, frambuesa y arándano.

Se realizaron ensayos de patogenicidad en cámara de cultivo. Para ello, aislados de cada una de las especies encontradas se inocularon en dos variedades de cada especie de fruto rojo, 'Fortuna' y 'Primoris FNM' en fresa, 'Versalles' y 'Noelia FNM' en frambueso y 'Star' y 'Ventura' en arándano.

Los resultados obtenidos confirmaron la capacidad patogénica de *P. cinnamomi* en las tres especies de frutos rojos estudiadas. *P. citricola*, *P. rosacearum* y *P. cactorum* mostraron capacidad patogénica en fresa y frambueso. *P. rubi* solo resultó patogénica en frambueso.



Caracterización de aislados de hongos de la familia Botryosphaeriaceae asociados a plantas sintomáticas de aguacate en Tenerife

David Hernández Hernández^{1*}, Omar García Pérez¹, Santiago Perera González², Ana Rodríguez Pérez³, Felipe Siverio de la Rosa¹.

¹Instituto Canario de Investigaciones Agrarias (ICIA), San Cristóbal de La Laguna, Tenerife. ²Servicio Técnico de Agricultura y Desarrollo Rural del Cabildo Insular de Tenerife, Santa Cruz de Tenerife, Tenerife. ³Departamento de Bioquímica, Microbiología, Biología Celular y Genética, Facultad de Farmacia, Universidad de La Laguna, San Cristóbal de La Laguna, Tenerife.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Los hongos de la familia Botryosphaeriaceae causan diversos síntomas en el aguacate como necrosis descendentes en inflorescencias y ramas, chancros en troncos y ramas, y pudriciones en los frutos. Estos daños son frecuentes en las plantaciones de Canarias y muy dependientes de las condiciones ambientales y del cultivo. En este trabajo se muestran los resultados de la caracterización morfológica y molecular de las especies de hongos asociadas a estos síntomas en cultivo y en postcosecha. Se recogieron 162 muestras en 54 muestreos de los que se obtuvieron 205 aislados fúngicos, seleccionándose para su estudio 115 en base a sus características morfológicas en placa. Los extractos de ADN obtenidos de los cultivos puros de estos aislados se analizaron utilizando secuencias de la región ITS, el gen parcial de β tubulina y del gen EF1- α . Las secuencias de cada aislado se usaron para buscar similitudes con cepas de referencia en GenBank utilizando la aplicación BLAST. Las especies encontradas más frecuentemente fueron: *Neofusicoccum luteum*, *N. parvum*, *N. australe*, *N. cryptoaustrale* y *Lasiodiplodia theobromae*. También se obtuvieron ocasionalmente aislados de especies como *Colletotrichum* sp., *Alternaria* sp. y *Botrytis* sp. entre otras. Además, los aislados de *Neofusicoccum* sp. y *Lasiodiplodia theobromae* se caracterizaron en función de la morfología de los conidios al microscopio óptico. Se discute la relación entre la presencia de unas especies u otras de hongos y los tipos de síntomas asociados a esta enfermedad o a su distribución espacial.



El Dr. Antonio Blanco Fernández, posible fundador de la Patología Vegetal como disciplina científica

Jerónimo Del Moral Martínez (1); José Del Moral De la Vega (2).

Investigador colaborador en el área de Fisiología Vegetal del Dpto. de Biología Vegetal, Ecología y Ciencias de la Tierra de la Facultad de Ciencias. Universidad de Extremadura.

Jefe del Dpto. de Fitopatología (emérito) en el Centro de Investigaciones Científicas y Tecnológicas de Extremadura (CICYTEX).

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

La identificación de criptógamas causantes de enfermedades que asolaban diversos cultivos en Europa, a finales del XVIII, despertó el interés de los naturalistas, los cuales abordaron su estudio desde el ámbito de la Botánica. Ese interés también apareció en España, por lo cual el doctor en medicina Antonio Blanco Fernández fue comisionado (1836 y 1837) para visitar a los más destacados científicos de estos temas en numerosas ciudades europeas. Hasta su muerte en la Habana (1873) como decano de su Universidad el Dr. Blanco publicó nueve libros con los conocimientos más avanzados hasta entonces, así como aportaciones de significativo valor para los estudios referidos a la salud de las plantas, obras conservadas en la actualidad, aunque sin contrastar con las publicaciones coetáneas de otros autores (Berkeley, De Bary, De Candolle, Filippo Re, Kühn y Von Plenck)

El análisis comparado de la obra del Dr. Blanco nos permite determinar sus innovaciones a este campo de conocimientos, entre las cuales destacan:

- Sistematizó las enfermedades etiológicamente, a cuyo estudio denominó, por primera vez, "Patología Vegetal".
- Añadió a las enfermedades tipificadas hasta entonces, las innatas o genéticas.
- Consideró el ambiente y el hombre modificadores del desarrollo de las enfermedades.
- Fundó la Cátedra de Patología de los Vegetales, primera que se conozca en el mundo.

La sistematización de estos conocimientos, así como el interés del Dr. Blanco en impartirlos en un centro académico específico –lo que caracteriza a una disciplina científica– fueron logros anteriores a los de Kühn, considerado el fundador de la Patología Vegetal.



Detección de *Pseudomonas syringae* pv. *syringae* y *Phytophthora ramorum* asociadas a daños en viveros de propagación de *Camellia sinensis*

Adela Abelleira Argibay, Olga Aguín Casal, Cristina Pintos Varela, Cristina Rial Martínez, Pilar Piñón Esteban, Pilar Vela Fernández, Carmen Salinero Corral.

Estación Fitopatológica Areeiro- Deputación Pontevedra.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

La planta de té, *Camellia sinensis*, especie muy extendida a nivel mundial, se cultiva en Galicia para su producción comercial desde hace más de 10 años. La propagación por esqueje es el método de multiplicación más utilizado, proceso durante el cual, pueden presentarse diversos problemas bióticos y abióticos que dificultan la obtención de una nueva planta.

Entre 2018 y 2019, durante el proceso de propagación por esqueje de diferentes clones de *Camellia sinensis* en los invernaderos e instalaciones de la Estación Fitopatológica Areeiro (Pontevedra), se observaron, en numerosas hojas, manchas necróticas y acuosas. Las manchas eran inicialmente pequeñas, pero progresivamente aumentaron de tamaño y no tenían una distribución uniforme en la hoja. Estos síntomas se extendieron rápidamente a las plantas próximas y afectaron a los diferentes clones. Las hojas más dañadas cayeron prematuramente, provocando en muchos casos la muerte del esqueje, sobre todo cuando los síntomas habían aparecido en las primeras etapas del enraizamiento.

A partir de muestras sintomáticas, se aislaron dos organismos que podían ser los responsables de los síntomas descritos anteriormente. De forma simultánea se aisló una bacteria que, una vez realizadas las pruebas bioquímicas, moleculares y de patogenicidad fue identificada como *Pseudomonas syringae* pv. *syringae* y un oomiceto, que mediante análisis morfológico y molecular se determinó como *Phytophthora ramorum*. Ambos organismos son polífagos que causan grandes pérdidas económicas en cultivos importantes, incluidos los del género *Camellia*. Además, dadas las condiciones de cultivo, la presencia de estos patógenos podría ser limitante durante el proceso de propagación.



Análisis filogenético entre aislados de *Fusarium oxysporum* f. sp. *lactucae* de diferentes zonas productoras de lechuga españolas y otros países productores

Laura Gálvez Patón, Irene Garcés Rodríguez, Juan Sebastián Cainarca Pérez, Daniel Palmero Llamas. Laboratorio de Protección Vegetal, Producción Agraria, Escuela Técnica Superior de Ingeniería Agronómica, Alimentaria y de Biosistemas (ETSIAB), Universidad Politécnica de Madrid (UPM).

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Fusarium oxysporum f. sp. *lactucae* (FOLac) es uno de los principales patógenos que afectan al cultivo de la lechuga. Este patógeno vascular ha sido detectado en los últimos años en España y en diferentes países productores. Se caracteriza por presentar una marcada especificidad parasitaria diferenciándose en diferentes razas dentro de la forma especial. En este estudio se pretende caracterizar una amplia colección de aislados de FOLac mediante el análisis filogenético de las secuencias parciales del gen codificador del factor de elongación 1α (*EF-1 α*) y de la región del espaciador intergénico (IGS) del ADN ribosómico. Los aislados españoles fueron obtenidos de lechugas sintomáticas de distintos orígenes geográficos de España: Murcia, Andalucía (Granada), País Vasco (Bilbao), Galicia (A Coruña), Navarra y Castilla-La Mancha (Albacete). Posteriormente, se obtuvieron los cultivos monospóricos de los aislados y se amplificaron y secuenciaron las regiones de ADN correspondientes. La construcción de los árboles filogenéticos con ambas regiones de ADN permitirá una comparación con aislados del resto de países productores donde se ha identificado la enfermedad y conocer la relación genética entre los aislados de FOLac españoles y mundiales, así como conocer el nivel de diversidad de los aislados presentes en las diferentes regiones españolas.



Detección e identificación de *Gnomoniopsis smithogilvyi* causando pudrición en castañas en Galicia

Olga Aguín^{1*}, Cristina Rial¹, Pilar Piñón¹, María J. Sainz², J. Pedro Mansilla¹, Carmen Salinero¹

¹Estación Fitopatológica Areeiro, Deputación Pontevedra, 36153 Pontevedra

²Departamento de Producción Vegetal y Proyectos de Ingeniería, Universidade de Santiago de Compostela, Lugo

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN:

La producción mundial de castaña en 2020 fue de 2,32 millones de toneladas. España fue el segundo país productor, con 188.690 toneladas, tras China, que aportó un 75% del total. La producción española supone en torno al 60% de la castaña obtenida en Europa, procedente toda del castaño europeo (*Castanea sativa* Mill.). En Galicia se obtiene el 91% de la castaña producida en España.

En septiembre de 2021, se registraron importantes pérdidas de producción de castaña en Galicia asociadas a una alta incidencia de pudrición en las infrutescencias. Las cúpulas espinosas (erizos) inmaduras perdían su color verde, adquiriendo uno marrón, y caían prematuramente, y las semillas mostraban lesiones marrones; algunas castañas estaban momificadas.

Con el objetivo de aislar e identificar el agente causal de la pudrición, se tomaron muestras sintomáticas de erizos y castañas en siete plantaciones de Ourense y en una de Pontevedra. Se obtuvieron aislados en PDA que se identificaron como *Gnomoniopsis smithogilvyi* mediante características morfológicas y amplificación, secuenciación y análisis filogenético de la región ITS del ADNr y de regiones del gen de la β -tubulina (TUB2) y del factor de elongación de la traducción 1 α (TEF-1 α). Se llevaron a cabo test de patogenicidad con dos de los aislados de *G. smithogilvyi* en castañas de *C. sativa* 'Raigona' y se confirmaron los postulados de Koch.

Esta es la primera detección de *G. smithogilvyi* en España, que también se ha encontrado en Italia, Portugal y Grecia. Este hongo representa una amenaza emergente para la producción de castaña en Europa.

Agradecimientos: Dirección Xeral de Ordenación e Planificación Forestal (Xunta de Galicia) and Centro Agroforestal Riós. Trabajo financiado por Unión Europea Interreg Agritox EAPA-998-2018.

Palabras clave: Diagnóstico, *Gnomoniopsis castaneae*, castaña, pudrición



Determinación mediante reflectancia espectral de modificaciones fisiológicas en cultivares de olivo de diferente nivel de resistencia a *V. dahliae*

Antonio Miguel Gámiz Fuente^{1s}, Antonio Santos Rufo², Francisco Javier Mesas Carrascosa³, María del Socorro Serrano Moral¹, Francisco Javier López Escudero¹

Filiación: 1 Departamento de Agronomía (Unidad de Excelencia María de Maeztu 2020-23) Universidad de Córdoba; 2 Departamento de Ciencias Agroforestales Universidad de Huelva; 3 Departamento de Ingeniería Gráfica y Geomática Universidad de Córdoba

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Las infecciones de *Verticillium dahliae* producen una obstrucción del sistema vascular de las plantas con síntomas similares a los ocasionados por la sequía. Durante la colonización del xilema se desencadenan mecanismos de defensa que inducen cambios fisiológicos, bioquímicos y anatómicos en las plantas infectadas y que varían en función del nivel de resistencia del cultivar. Algunos de estos parámetros, alterados de forma subletal en los primeros momentos de la colonización previo a la aparición de síntomas foliares, podrían ser detectables de forma espectral, como por ejemplo los cambios producidos en la temperatura de los tejidos infectados. Para evaluar estas modificaciones se está realizando un experimento de larga duración en una parcela experimental de los cultivares 'Picual' y 'Arbequina' infestada naturalmente con el patógeno. La plantación se estableció en diciembre de 2021. En esta parcela se ha comenzado a medir la temperatura de copa de los árboles en pre y post aparición de síntomas de la enfermedad mediante una ThermaCam. Una vez las plantas aumenten de tamaño, se prevé monitorizar espectralmente dichas copas (RGB, térmica e hiperespectral) empleando distintos sensores a bordo de UAVs con el fin de estimar índices, así como detectar bandas del espectro específicas, que sirvan como indicadores de la infección del patógeno. Esta información puede resultar de gran interés desde el punto de vista del diagnóstico de la enfermedad, cuando se comparan plantas sanas y afectadas por marchitez, y para aclarar aspectos relacionados con la duración del periodo de incubación de las infecciones.



Hongos y oomicetos asociados con el decaimiento de la camelia en Galicia

Cristina Rial Martínez, Pilar Piñón Esteban, Cristina Pintos Varela, Carmen Salinero Corral, Olga Agúin Casal
Estación Fitopatológica Areeiro-Deputación Pontevedra

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

La camelia es un arbusto con gran valor ornamental, ampliamente distribuido en parques, jardines y pazos de Galicia. En los últimos años se viene observando un incremento en el número de plantas de camelia que presentan un decaimiento o marchitamiento generalizado. Con el objetivo de conocer los agentes asociados a esta sintomatología, durante el período 2017-2019 se recogieron muestras sintomáticas de la parte aérea y de suelos rizosféricos de camelias situadas en diferentes localizaciones de Galicia. En las muestras de parte aérea se llevó a cabo el aislamiento fúngico y de oomicetos en medios de cultivo generales y selectivos. Posteriormente los aislados obtenidos se identificaron por morfología, que fue complementada con el análisis filogenético de varios marcadores moleculares. En las muestras de suelo se realizaron técnicas de captura y extracciones de ADN para después caracterizar los hongos/oomicetos mediante análisis morfológico y/o molecular. Siguiendo esta metodología se han identificado especies correspondientes a los géneros *Armillaria*, *Boeremia*, *Botrytis*, *Ciborinia*, *Colletotrichum*, *Diaporthe*, *Dothiorella*, *Fusarium*, *Ilyonectria*, *Pestalotiopsis*, *Phyllosticta*, *Phytophthora*, *Pythium* y *Rosellinia*. Algunas de las especies no han sido citadas previamente sobre *Camellia* en España, por lo que es necesario continuar con estos estudios para conocer su patogenicidad e importancia.

Palabras clave: diagnóstico, patógenos, *Camellia* spp., Galicia



Uso de metabarcoding para el estudio de patógenos en el cultivo de arándanos

Sara Rodríguez-Mena* (sara_r_m@hotmail.es), María Camacho, Berta de los Santos, Miguel Camacho-Sánchez

Área de Protección Vegetal Sostenible, Instituto Andaluz de Investigación y Formación Agraria, Pesquera, Alimentaria y de la Producción Ecológica (IFAPA), Centro Las Torres, Sevilla

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

El cultivo de arándanos está cobrando cada vez más importancia en España. Actualmente, existe una tendencia a derivar suelos de cultivo de fresa a este fruto, lo que posibilita el traspaso de fitopatógenos como es el caso del hongo *Macrophomina phaseolina*.

Los antifúngicos químicos para controlar hongos fitopatógenos tienen un impacto ambiental y sobre la salud humana, con lo que la legislación está restringiendo cada vez su uso. Esto hace necesaria la búsqueda de nuevas alternativas como el biocontrol. Haciendo uso de la técnica de *metabarcoding* se han caracterizado los hongos y las bacterias (mediante la secuenciación de la región ITS y del 16S respectivamente) de suelo de plantas de arándanos, sanas y muertas por *M. phaseolina* sometidas a tres tratamientos, dos de ellos de biocontrol y el tercero una solución nutritiva, además de un control sin tratar.

Los tres tratamientos produjeron cambios en el microbioma del suelo, sobre todo a nivel bacteriano. La presencia de *Fusarium* estaba correlacionada con las plantas muertas por *M. phaseolina*. La presencia de otros microorganismos, como el hongo *Archaeorhizomyces* o la bacteria *Actinospica*, se correlacionaron con la supervivencia de la planta. Estos grupos microbianos podrían ser estudiados en más profundidad como posibles agentes de biocontrol.



Universal primer design to enhance detection of virus in forest ecosystems

Sergio Diez-Hernando¹, Jonatan Niño-Sánchez¹ y Julio J. Diez¹

¹University of Valladolid

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Climate crisis and human pressure are speeding up the entrance of pathogens unknown to forest ecosystems along their evolutionary history. New viruses are the prime candidates to jump from forests to the human being following urban massification. In particular, RNA virus families such as Chrysoviridae, Endornaviridae and Totiviridae have been shown to be able to replicate both in plants and fungi, and there are evidences of plant viruses infecting Lepidoptera, Coleoptera and Himenoptera. Thus, easing the detection of those viruses by means of cheap and well-known molecular tools such as PCR is a crucial step to enhance the knowledge on their distribution and spreading patterns. In this work, sets of primers are proposed for forest RNA virus families with high cross-kingdom potential. Members of a family were determined following the phylogeny trees available at Serratus project. Conserved RNA-dependent RNA polymerase (RdRP) sequences were downloaded from Serratus public databases. A multiple sequence alignment of the nucleotide sequence was performed per family. Each sequence was split in overlapping regions of 30 nucleotides and the best regions for primer design were selected by minimizing the presence of degenerated positions. Each family is then categorized into “easy”, “medium” or “hard” depending on the difficulty to find a set of primers capable of amplifying most members of the family while avoiding off-target amplifications. It is expected that this work will also pave the way for molecular laboratories to take advantage of the results coming from complex big data projects, such as Serratus.



Generation of molecular tools for the study and control of *Saffron latent virus*, a prevalent pathogen in *Crocus sativus* crop

Jonathan Caceres¹, Tamara Pazos¹, Maryam Rahimi², Marta Contat¹, Akbar Dizadji², Siamak Kalantari², Majid Shokrpour², Carmen Hernández¹

¹Instituto de Biología Molecular y Celular de Plantas (IBMCP, CSIC-UPV), Valencia, Spain.

²College of Agriculture and Natural Resources, University of Tehran, Karaj, Iran.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

The stigma of *Crocus sativus* is known as saffron and is one of the most high-priced spices in the world. Saffron is the main income source for many people in certain countries, particularly, though not only, in Iran. In the last years, the occurrence of a potyvirus, *Saffron latent virus* (SaLV), in *C. sativus* plants has been reported in distinct Iranian regions where it can reach high prevalence levels. Though SaLV infection is frequently asymptomatic (as suggested by the virus name), symptoms depend on the viral isolate, host cultivar, climatic conditions and time of infection and, indeed, they may vary from absent or mild to severe. Moreover, secondary metabolite content has been found to be altered even in the absence of visible symptoms. Despite SaLV poses a threat for saffron cultivation, little is known on the molecular biology of the virus. Moreover, despite no specific SaLV antisera is currently available, there is a lack of specific, simple and reliable virus diagnosis methods, which may worsen the dissemination of the pathogen. In this work, we have been pursuing a twofold objective: firstly, to develop a non-isotopic hybridization assay for SaLV detection and, secondly, to generate a SaLV infectious clone for reverse genetic approaches. These tools are expected to help management and control of SaLV infections.



El níspero es un huésped natural del virus de la madera estriada del manzano, del viroide de cabeza de martillo del manzano y de un nuevo virus toti-like asociado a níspero

Antonio Olmos, Félix Morán Villamizar, Ana Belén Ruiz-García

Filiación: Grupo de virología de especies vegetales leñosas, Departamento de Virología, Centro de Protección Vegetal y Biotecnología, Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias (IVIA)

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

El estudio del viroma en nísperos cultivados en España mediante secuenciación masiva (HTS), ha revelado por primera vez que el virus de la madera estriada del manzano (ASPV) y el viroide de cabeza de martillo del manzano (AHVd) pueden infectar este cultivo de forma natural. Además, se ha descubierto un nuevo virus “toti-like” relacionado con otros virus “toti-like”, como el virus asociado a melocotonero 2, que aparentemente infectan plantas. Se ha descrito el genoma completo de 9303 nt del aislado ASPV de níspero que muestra la mayor identidad nucleotídica y de relación filogenética con un aislado chino de peral. El estudio filogenético basado en una secuencia N-terminal parcial de la proteína de la cápside, propuesta como involucrada en la adaptación al huésped, ha demostrado que el aislado de níspero está estrechamente relacionado con los aislados de peral. La incidencia en zonas de cultivo de España es del 15%. AHVd mostró una alta identidad de nucleótidos (93,97%) con el aislado de referencia de China, aunque el genoma es más corto (376 nt frente a 434 nt) debido a dos deleciones en el genoma de 56 nt y 2 nt, respectivamente. Sin embargo, la estructura secundaria predicha para el aislado de níspero mostró un plegamiento similar a los descritos previamente, con una conformación típica de pelamoviroides. La descripción del nuevo toti-like virus en níspero relacionado con otros que podrían infectar plantas abre nuevas preguntas sobre la necesidad de comprobar el significado biológico de los hallazgos obtenidos mediante HTS.



Primeras detecciones del virus de la madera asurcada del manzano y del virus de las manchas cloróticas del manzano en níspero en España

Félix Morán Villamizar, Antonio Olmos, Ana Belén Ruiz-García

Filiación: Grupo de virología de especies vegetales leñosas, Departamento de Virología, Centro de Protección Vegetal y Biotecnología, Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias (IVIA)

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

En este estudio, se muestran las primeras detecciones en España del virus de la madera asurcada del manzano (ASGV), también conocido como virus del rasgado de las hojas de los cítricos (CTLV), y el virus de las manchas cloróticas del manzano (ACLSV) infectando níspero. En prospecciones realizadas en zonas productoras en España, la incidencia de la infección por ACLSV fue la más alta, con más del 30% de positivos en las muestras prospectadas encontrándose en ocasiones como una coinfección con ASGV y con el virus de la madera estriada del manzano (ASPV). Es importante señalar que, a pesar de la presencia de síntomas de moteado clorótico en algunas de las plantas de níspero analizadas, ninguna sintomatología se asoció claramente con ASGV ni ACLSV en infecciones únicas o mixtas. ASGV (CTLV) es un patógeno de cítricos que cumple con todos los criterios para calificarlo como una plaga no cuarentenaria (RNQP) según la EFSA y que ha sido recientemente descrito infectando cítricos en Chipre. Teniendo esto en cuenta y el hecho de que el aislado de ASGV de níspero español está filogenéticamente relacionado con aislados de cítricos, y aunque no se hayan identificado hasta ahora vectores de transmisión natural, se genera una incertidumbre sobre la posibilidad de que estos aislados de níspero puedan infectar cítricos, lo que debe ser tenido en cuenta para establecer medidas de prevención que protejan la citricultura española de este patógeno.



Nueva PCR específica en tiempo real para la detección y cuantificación absoluta del virus asociado a la decoloración de la hoja de Roditis de la vid, un patógeno de alerta EPPO

Félix Morán Villamizar, Antonio Olmos, Ana Belén Ruiz-García

Filiación: Grupo de virus de especies vegetales leñosas, Departamento de Virología, Centro de Protección Vegetal y Biotecnología, Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias (IVIA)

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

El virus asociado a la decoloración de la hoja de Roditis de la vid (GRLDaV) es un patógeno emergente de la vid incluido en la lista de alerta de la Organización Europea y Mediterránea para la Protección de Plantas (EPPO) debido a su capacidad para dañar los cultivos de vid y causar pérdidas de producción y calidad. En este trabajo se ha desarrollado una herramienta de diagnóstico específica y fiable que contribuye a prevenir la propagación de este patógeno. Se ha diseñado y validado una PCR cuantitativa en tiempo real TaqMan, validada de acuerdo con las directrices de la EPPO, mostrando un alto grado de sensibilidad analítica, especificidad analítica, selectividad, repetibilidad y reproducibilidad. La sensibilidad de este método es mucho mayor que la sensibilidad alcanzada por los métodos descritos anteriormente, incluso cuando se analizan extractos crudos de vid, lo que podría permitir análisis rápidos en prospecciones masivas, al evitar los pasos de extracción de ácidos nucleicos. El método también pudo detectar los aislados de GRLDaV de todos los orígenes geográficos en donde está descrito el patógeno hasta el momento, cubriendo su alto grado de diversidad genética. Además, esta nueva técnica se ha aplicado con éxito para la detección cuantitativa en material vegetal y en dos especies de cochinilla, *Planococcus citri* y *Pseudococcus viburni*. En conclusión, la metodología aquí desarrollada representa una importante contribución al diagnóstico y control de este patógeno emergente de la vid.



Optimización del método de recuperación del microbioma epífito de la manzana (*Malus domestica*)

Ana María Sánchez¹, Laura Vilanova¹, Jonàs Oliva², Rosario Torres¹, Neus Teixidó¹

¹Programa de Postcosecha, Instituto de Investigación y Tecnología Agroalimentarias (IRTA), 25003, Lleida, España

²Departamento de Producción Forestal y Ciencia Vegetal, Universidad de Lleida, 25198, Lleida, España

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN:

Conocer el microbioma de la manzana, una de las frutas más consumidas a nivel mundial, es esencial para entender la dinámica de estas comunidades microbianas y cómo pueden afectar a la calidad del fruto en cosecha y postcosecha. Sin embargo, la recuperación y el aislamiento de estas comunidades en la superficie de la fruta presenta un reto mayor debido a su baja abundancia comparado con otras partes de la planta, como la rizosfera.

El objetivo de este estudio es identificar y establecer un método reproducible capaz de recuperar el mayor número de microorganismos del microbioma superficial adherido a la piel de la manzana. Se evaluaron tres soluciones tampón (Tris-EDTA, Tris-EDTA con Tween 80 al 2% y solución salina PBS), tres metodologías de recuperación (agitación 10 minutos, agitación 20 minutos y agitación 20 minutos más 5 minutos de sonicación) y el número de lavados necesarios para extraer el mayor número de microorganismos posible.

Los resultados de esta investigación muestran que el método que más microorganismos cultivables recuperó fue la sucesión de dos lavados con el tampón Tris-EDTA con Tween 80 al 2% con una agitación de 20 minutos a 180 rpm por lavado.

En el presente estudio se manifiesta la necesidad de elegir un buen método de lavado para poder recuperar la máxima concentración de microorganismos de toda la superficie de la manzana y así conseguir eliminar posibles sesgos en los resultados.

Este trabajo fue financiado por el proyecto PID2020-117607RR-I00 del Gobierno de España y mediante una beca de doctorado UdL-IRTA.



Aplicación de técnicas de secuenciación masiva para el estudio de una enfermedad de etiología desconocida: el caso del Chancro espumoso del almendro o *Foamy canker*

Félix Morán¹, Adela Monterde¹ y Ester Marco-Noales¹

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

E-mail: Moran_fel@gva.es

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

El chancro espumoso o “*foamy canker*” es una enfermedad emergente de etiología desconocida que afecta al almendro, y su incidencia se ha incrementado en España en los últimos años. La sintomatología de esta enfermedad consiste en la aparición de chancros, generalmente en el tronco principal, que exudan una sustancia viscosa y espumosa con olor a fermento; el tejido subcortical se ablanda y necrosa, lo que puede llegar a comprometer el crecimiento normal del árbol e incluso producir su desecación y muerte. Desde el año 2016 hasta la actualidad, el Laboratorio Nacional de Referencia de Bacterias Fitopatógenas ha analizado más de 25 muestras de diferentes orígenes y variedades de almendros con *Foamy canker*. Hasta ahora, los análisis centrados en la búsqueda de agentes etiológicos bacterianos mediante aislamiento en medios de cultivo a partir de tejidos afectados han permitido detectar la presencia de la especie bacteriana *Zymobacter palmae*, presente de manera abundante en todas las plantas enfermas analizadas. de manera complementaria, esta enfermedad se ha abordado desde un enfoque genómico. Para ello, se han analizado varias muestras de árboles afectados mediante técnicas de secuenciación masiva. Los resultados preliminares han evidenciado la presencia de otras secuencias asociadas a Gammaproteobacterias así como un virus descrito como patógeno del almendro, Prunus necrotic ringspot virus (PNRSV), y además han permitido el ensamblaje del genoma casi completo de *Z. palmae*, que también mediante esta aproximación aparece de modo mayoritario en las muestras.

PALABRAS CLAVES: Almendro, HTS, RNAseq, Nanaopore



Nueva herramienta de diagnóstico para la detección rápida de las tres especies de '*Candidatus Liberibacter*' asociadas al HLB: RPA-universal-HLB

Félix Morán¹; Silvia Barbé¹; Mario Herrero-Cervera¹ y Ester Marco-Noales¹

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

E-mail: Moran_fel@gva.es

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

El *Huanglongbing* (HLB) es la enfermedad de los cítricos más devastadora que se conoce, asociada a tres bacterias que no se han podido cultivar en laboratorio: '*Candidatus Liberibacter asiaticus*', '*Ca. L. africanus*' y '*Ca. L. americanus*', transmitidas por insectos psílidos. El HLB no ha sido detectado de momento en Europa, aunque los vectores están presentes o muy cerca del continente. Dado que el HLB no tiene cura, las estrategias de prevención son esenciales para controlar su propagación y evitar su introducción en zonas libres de la enfermedad. Para ello, el uso de herramientas de detección precisas, sensibles y específicas es fundamental. Actualmente, la qPCR es la mejor herramienta para el diagnóstico del HLB, pero tiene algunas limitaciones en términos de tiempo de análisis y equipo especializado. Por tanto, el objetivo de este estudio fue desarrollar y validar una herramienta de diagnóstico molecular, basada en la amplificación isotérmica en tiempo real mediante el uso de recombinasas y polimerasas (RPA), para la detección *in situ* de las bacterias asociadas al HLB. Los resultados obtenidos muestran que el nuevo método es capaz de detectar las tres especies de '*Ca. Liberibacter*' asociadas al HLB en menos de 30 minutos, sin necesidad de extracción de ADN ni equipos costosos, con alta especificidad y selectividad, y con resultados de sensibilidad similares a los métodos de qPCR, pudiendo detectar hasta 5 bacterias/ μ L de extracto. El prototipo puesto a punto resulta una herramienta muy útil para el diagnóstico *in situ* de esta grave enfermedad de los cítricos.

Palabras claves: Kit; *in situ*; Recombinasas; isotérmica; amplificación molecular



Identificación y patogenicidad de aislados de Botryosphaeriaceae asociados con la muerte descendente de ramas de limón Persa (*Citrus latifolia* Tan.) en Sinaloa, México

Perla R. Núñez-García¹, José A. Carrillo-Fasio¹, José B. Valdez-Torres¹, Carlos A. López-Orona², Guadalupe A. Mora-Romero³, Kamila C. Correia⁴, Juan M. Tovar-Pedraza¹

¹ Coordinación Regional Culiacán, Centro de Investigación en Alimentación y Desarrollo, Culiacán, 80110, Sinaloa, México.

² Facultad de Agronomía, Universidad Autónoma de Sinaloa, Culiacán, 80110, Sinaloa, México.

³ Unidad Regional Los Mochis, Universidad Autónoma de Occidente, Los Mochis, 81223, Sinaloa, México.

⁴ Centro de Ciências Agrárias e da Biodiversidade, Universidade Federal do Cariri, Crato, 63130-025, Ceará, Brasil.

Autor de correspondencia: juan.tovar@ciad.mx

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

El limón Persa (*Citrus latifolia* Tan.), es un cítrico ampliamente cultivado en varios estados de México. En huertos comerciales en el estado de Sinaloa, se han observado árboles de limón Persa con síntomas de canchros en tronco, así como gomosis y muerte descendente de ramas. Los objetivos de este estudio fueron identificar las especies de Botryosphaeriaceae asociadas con la enfermedad y determinar su patogenicidad en árboles de limón Persa. En 2021, se recolectaron muestras sintomáticas de limón Persa en tres huertos comerciales y se obtuvieron 18 aislados fúngicos de la familia Botryosphaeriaceae. Para la identificación, se eligieron nueve aislados representativos, realizándose caracterización morfológica, análisis filogenéticos con datos de secuencias de ADN de la región de los espaciadores transcritos internos (ITS) y parte de los genes del factor de elongación de la traducción 1- α (*EF1- α*) y β -tubulina (*BT2*). Los análisis de secuencias se llevaron a cabo usando los métodos de Máxima Parsimonia y Máxima Verosimilitud. La prueba de patogenicidad en árboles jóvenes de limón Persa se realizó mediante la inoculación de discos miceliales en ramas con heridas y la longitud de la lesión se midió a los 30 días después de la inoculación. En total, se identificaron cinco especies de la familia Botryosphaeriaceae, incluyendo a *Lasiodiplodia pseudotheobromae*, *L. subglobosa*, *L. brasiliense*, *L. jatrophiicola* y *Barriopsis thailandica*. Todos los aislados de *Lasiodiplodia* spp. indujeron *síntomas de necrosis* y gomosis en las ramas inoculadas y presentaron diferencia en su virulencia; sin embargo, el aislado de *B. thailandica* no causó síntomas en las ramas.



Presencia de olive leaf yellowing-associated virus en olivos ornamentales de jardines de la ciudad de Valencia

Sofía Bertacca¹, Esmeralda Sanahuja², Ana Alfaro-Fernández², Pilar Xamaní Monserrat³, Eugènia Rodrigo², M. Isabel Font_San-Ambrosio², Salvatore Davino¹

¹Università degli Studi di Palermo

²Instituto Agroforestal Mediterráneo. Universitat Politècnica de València.

³Departamento de Ecosistemas Agroforestales. Universitat Politècnica de València

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Olive leaf yellowing-associated virus (OLYaV) pertenece a la familia *Closteroviridae* y ha sido detectado en olivos de distintos países de la cuenca mediterránea con incidencias variables. En España, fue detectado en olivos de Jaén y Castellón muestreados en 2020 y 2021. Aunque se han asociado los síntomas de amarilleos en hojas y defoliación a la presencia de este virus en olivo, en varias ocasiones los árboles infectados son asintomáticos. El objetivo de este trabajo fue comprobar la presencia de OLYaV en olivos ornamentales de jardines de la ciudad de Valencia. Para ello, se muestrearon árboles ornamentales de *Olea europaea*, de distintos jardines de la ciudad de Valencia, que mostraban clorosis en las hojas y otros eran asintomáticos. Las muestras fueron analizadas mediante RT-PCR con cebadores específicos de OLYaV, resultando aproximadamente el 53% positivas al virus. De las muestras positivas, 50% mostraban clorosis en las hojas y el otro 50% eran asintomáticas. Los fragmentos amplificados por RT-PCR de dos muestras fueron secuenciados, y ambos mostraron una identidad nucleotídica del 91% con un aislado de OLYaV de Brasil (Acc. No. MT809205, GenBank, NCBI). Para poder establecer la asociación de los síntomas con la presencia del virus, así como su modo de transmisión e incidencia en España, es necesario realizar estudios encaminados a clarificar estos aspectos ya que la información existente es escasa.



Viveros de planta leñosa: lugar de encuentro para especies de *Phytophthora*

Beatriz Mora-Sala^{1*}, Maela León¹, Ana Pérez-Sierra² y Paloma Abad-Campos¹

¹ Instituto Agroforestal Mediterráneo, Universitat Politècnica de València, Camino de Vera s/n, 46022, Valencia, España.

² Forest Research, Alice Holt Lodge, Farnham, Surrey GU10 4LH, UK

*Autor de correspondencia: beamosa@upvnet.upv.es

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

En el sector productor de planta ornamental, el empuje globalizador supone una creciente intensidad y complejidad del comercio internacional de planta de vivero, lo que ocasiona la introducción involuntaria de plagas y patógenos. *Phytophthora*, reconocido género de oomicetos fitopatógenos, incluye especies capaces de provocar enfermedad en numerosas especies vegetales. *Phytophthora cinnamomi* y *P. ramorum* pueden citarse como ejemplos notables de especies exóticas invasoras con alto impacto económico y ecológico. Además, el número de especies conocidas de *Phytophthora* se ha triplicado en el último cuarto de siglo y la introducción y dispersión de algunas de ellas ya se reconoce como una grave amenaza tanto para la industria viverística como para los ecosistemas agroforestales europeos. En este contexto, se llevó a cabo una prospección en viveros ornamentales y forestales de diferentes zonas geográficas de España, analizando más de 500 muestras de plantas y de aguas para la detección de *Phytophthora*. Catorce filotipos de *Phytophthora* han sido identificados, resaltando la primera detección en España de *P. crassamura* Scanu, Deidda & Jung, de *P. pseudocryptogea* Safaiefarahani, Mostowfizadeh, Hardy & Burgess en *Chamaecyparis lawsoniana* y *Yucca rostrata* y de *P. sansomeana* Hansen & Reeser en *Quercus ilex*.



Caracterización de una colección de cepas de *Xanthomonas citri* subsp. *citri* del Laboratorio Nacional de Referencia de bacterias fitopatógenas

S. Barbé ¹, N. Vercher-Capilla ¹, I.M. Lozano ¹, M.L. Domingo-Calap², E. Marco-Noales ¹

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

²Grupo TRAGSA – Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Xanthomonas citri subsp. *citri* (Xcc) es el agente causal de la canchrosis de los cítricos y está considerada como una bacteria de cuarentena en la Unión Europea. Hasta el momento, esta especie no se ha detectado en Europa y son muchos los esfuerzos que se realizan para prevenir su entrada.

En el Laboratorio Nacional de Referencia de bacterias fitopatógenas, localizado en el IVIA, se analizan anualmente numerosas muestras de frutos cítricos llegadas de diferentes orígenes geográficos, enviadas por los inspectores de los Puntos de Control Fronterizo. En los últimos años, el número de muestras con resultado positivo se ha ido incrementando, y el aislamiento de la bacteria en cultivo nos ha permitido generar una colección de cepas con las que poder recabar más información sobre este organismo patógeno.

Se han seleccionado 19 cepas de varios países sudamericanos, que se están caracterizando mediante la realización de pruebas fenotípicas, como la morfología colonial, el crecimiento en medio mínimo y la resistencia a bacteriófagos, y genotípicas. Además, se está haciendo también un ensayo comparativo de patogenicidad.

Los resultados obtenidos hasta ahora muestran ciertas diferencias entre las cepas, que podrían reflejar distintos orígenes clonales.



Desarrollo de una metodología qpcr para la cuantificación del inóculo primario de *Erysiphe necator* en muestras de vid

Mónica Berbegal¹, Ebnoluwa Ajobiewe¹, Maela León¹, Vittorio Rossi², Federica Bove³, Elisa González-Domínguez³.

¹ Instituto Agroforestal Mediterráneo, Universitat Politècnica de València, Camino de Vera s/n 46022 Valencia. ² Department of Sustainable Crop Production (DIPROVES), Facoltà di Scienze Agrarie, Alimentari e Ambientali, Università Cattolica del Sacro Cuore, Via Emilia Parmense, 84, 29122 Piacenza, Italy. ³ Horta srl., Via Egidio Gorra 55, 29122 Piacenza, Italy.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

El oídio es la enfermedad más frecuente en los viñedos españoles, donde encuentra condiciones ambientales muy favorables para el desarrollo de sus infecciones conídicas. La repetición e intensidad de estas infecciones está directamente ligada a la cantidad de inóculo primario de *Erysiphe necator*, es decir, de los chasmotecios que se forman al final del verano sobre las lesiones en las hojas y pasan el invierno embebidos en el tronco. La importancia de las infecciones producidas a partir de este inóculo ha sido subestimada en el pasado, no aplicándose ninguna medida de control para reducirlo. En este trabajo hemos desarrollado un protocolo molecular para detectar y cuantificar chasmotecios en hojas y muestras de madera de vid. En un primer experimento recolectamos chasmotecios de hojas y realizamos diluciones seriadas que fueron cuantificadas mediante qPCR con cebadores específicos para *E. necator*. Se construyó la curva patrón, observándose una relación lineal ($R^2=0.996$) entre la concentración de chasmotecios y los valores de Cq (ciclos de cuantificación), con un límite de detección de 1 pg/ μ l y una eficiencia en la reacción de 0.897. En un segundo experimento se evaluó la correlación entre 20 muestras de chasmotecios contados a la lupa y la cuantificación molecular ($R^2=0.898$). En un tercer experimento se desarrolló un protocolo de extracción de muestras de madera, las cuales habían sido previamente inoculadas con concentraciones conocidas de chasmotecios. Los resultados demuestran que la metodología puede utilizarse para la cuantificación de chasmotecios mejorando los actuales protocolos basados en el conteo visual.



Caracterización de aislados de *Botrytis aclada* obtenidos de podredumbres poscosecha en cebolla

Abel Pérez Pastor, Pablo Escribano Martínez, José Manuel Rodríguez Reina, Maela León, Mónica Berbegal, Josep Armengol

Instituto Agroforestal Mediterráneo, Universitat Politècnica de València, Camino de Vera S/N, 46022-Valencia, España.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

En este trabajo se estudiaron aislados de *Botrytis* spp. obtenidos de muestras de cebolla que presentaban podredumbre poscosecha en la zona del cuello. Para la caracterización morfológica se realizaron estudios de esporulación de los aislados en diferentes medios de cultivo, se midieron las estructuras de esporulación (conidióforos y conidios), y se estudió el crecimiento de los aislados a diferentes temperaturas. Para la caracterización molecular se realizó la extracción de ADN a partir de los cultivos puros de las colonias de diferentes aislados y se secuenciaron las siguientes regiones génicas: ITS, G3PDH, HSP60 y RPB2. Estos estudios permitieron la identificación de los aislados como *B. aclada*. Además, se realizó un ensayo de patogenicidad, inoculando cebollas sanas en la zona del cuello mediante heridas. A partir de las heridas se observó la aparición de los síntomas característicos de podredumbre blanda y el desarrollo de micelio con esporas, confirmándose la patogenicidad a cebolla de estos aislados. *Botrytis aclada* está descrita en España como una de las especies de *Botrytis* asociadas a daños poscosecha en cebolla, pero este es el primer estudio de caracterización molecular que confirma la identificación de un conjunto de aislados de esta especie.



Especies fúngicas asociadas a enfermedades de la madera de vid en la Comunidad de Madrid

Lilyana Tihomirova-Hristova, Donato Arranz-Arranz, Esther Morate-Gutiérrez, José Francisco Hita-Jiménez, Belén Álvarez

Laboratorio de Sanidad Vegetal, Instituto Madrileño de Investigación y Desarrollo Rural, Agrario y Alimentario (IMIDRA), Autovía A2 km 38,2, 28805-Alcalá de Henares

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Las enfermedades fúngicas de la madera de la vid (EMV) son uno de los problemas más importantes que afronta la viticultura para su sostenibilidad, ya que pueden producir importantes pérdidas económicas, tanto en producción como por reposición de las plantas que van muriendo. En varios viñedos de una zona vitivinícola del sureste de la Comunidad de Madrid se muestrearon un total de 50 plantas de vid con sintomatología externa de EMV. Se realizaron los aislamientos de las muestras de madera obtenidas, la mayor parte con sintomatología interna de necrosis, punteaduras y/o podredumbre seca, y se seleccionaron las colonias características para su identificación molecular por amplificación de la región ITS. Principalmente se identificaron las especies *Phaeoacremonium aleophilum*, *Phaeomoniella chlamydospora* y *Fomitiporia mediterranea* en un 26-39% de las muestras, 4 de ellas con las tres simultáneamente. También se identificaron las especies/géneros *Cryptovalsa ampelina*, *Diplodia seriata* y *Eutypa lata* en un 10-14% de las muestras, y *Cadophora luteo-olivacea*, *Cytospora viticola*, *Diplodia juglandis*, *Dothiorella sarmentorum*, *Fusarium* sp., *Neofusicoccum parvum*, *Seimatosporium* sp. y *Truncatella angustata* en menos del 10%. En 24 de las muestras se observó la presencia de al menos dos de ellas simultáneamente. También se identificaron *Biscogniauxia mediterranea* y *Coniothyrium ferrarisianum*, especies asociadas a patologías en otras leñosas, y una serie de especies/géneros cuyo potencial de contribución a las EMV es desconocido. La gran biodiversidad de especies cultivables en tejidos subcorticales y vasculares de vid y su frecuente coexistencia en planta incrementa la dificultad de su control en campo.

Investigación financiada por IMIDRA



Detection of 16SrIII phytoplasmas in flowering plants in Canada and Brazil using a multigene approach

Arocha-Rosete Y.^{1*}, Guglielmi Montano H.², Michelutti R.³, Scott JA⁴.

¹Sporometrics Inc., 219 Dufferin Street, Site 20C, Toronto, Ontario, Canada; ²Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro, Ave. Carlos Chaga Filho, 373, Rio de Janeiro, Brazil; ³FICOTE Consulting Inc., Leamington, Ontario, Canada; ⁴Occupational and Environmental Health, Dalla Lana School of Public Health, University of Toronto, Ontario M5T 1R4, Canada *yarosete@sporometrics.com

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Phytoplasmas are worldwide prokaryotic plant pathogens affecting thousands of wild and cultivated plant species. The group 16SrIII, '*Candidatus* Phytoplasma pruni', former X-disease is economically important across Europe, East Africa, and the Americas. In Canada, X-disease was first reported in Ontario in 1941 and became widespread to the Prairies, British Columbia, and New Brunswick. In Brazil, it has been found in cassava, *Melia azedarach*, and citrus. Leaf samples from flowering plants showing symptoms of chlorosis, malformation, virescence, and little leaf were tested for phytoplasmas. These included trillium species (*T. grandiflorum*, the Ontario flower and *T. erectum*) and potted poinsettia (*Euphorbia pulcherrima*) from Canada, and *Melothria pendula* (pepiniho) from Brazil. '*Ca. P. pruni*' strains were identified and subject to multigene characterization of their 16S rRNA, the phytoplasma secretion protein, *secA*, and the ribosomal protein (rp) genes via sequencing, phylogeny and *in silico* RFLP (restriction fragment length polymorphism) for 16S rRNA group/subgroup delineation, and *secA* and rp gene sequence analyses. *M. pendula* was confirmed as a new host for phytoplasmas and the 16SrIII group worldwide. Mixed infection between the subgroups 16SrIII-F and 16SrIII-J were found in *T. erectum*, and new 16SrIII subgroup variants in both *T. grandiflorum* and *T. erectum*, which may have possible epidemiological implications for phytoplasma spread. Both the group 16SrIII and subgroup 16SrIII-A (EPPO A1 quarantine pest) were first reported in potted poinsettias in Canada, posing a threat for commercial poinsettias and impacting disease management to prevent any potential phytosanitary risk for spread within or outside the country.



Spornado and qPCR: a powerful early alert system helping farmers to stay ahead of oomycetes in their fields

Arocha Rosete Y.^{1*}, White K.¹, Saleh M.¹, Guttman K.², McFadden-Smith W.³

¹Sporometrics Inc., 219 Dufferin Street, Site 20C, Toronto, Ontario, M6K 3J1, Canada; ²University of Waterloo, Ontario; ³Ministry of Agriculture, Food and Rural Affairs (OMAFRA), Vineland Station, Lincoln, Ontario, Canada.

*yarosete@sporometrics.com

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Oomycetes, or water molds, cause the most devastating plant diseases worldwide, representing major economic losses and recurrent threats to natural ecosystems and global food security. Potato, the world's third most important food crop is one of the top targets of the late blight pathogen, *Phytophthora infestans*. Grapes, the fruit crop with the world highest total production value can rapidly succumb to either downy mildew, *Plasmorapa viticola* or powdery mildew, *Erysiphe necator*. Fungicides are the best tool for farmers to reduce such diseases yet leading to concerns in the increase of crop management expenses, the environmental impact of chemical use and the potential fungicide resistance of pathogen populations. Passive wind-powered spore traps known as Spornados combined with quantitative polymerase chain reaction (qPCR) have proven an effective system to detect oomycete and fungal spores right before disease symptoms develop in the field in Canada, USA, and Europe. We are presenting data from Spornados deployed in potato and tomato fields and grape vineyards during 2018, 2019, 2020 and 2022 from five provinces in Canada. Over 1200 air samples were tested by qPCR for *P. infestans*, *P. viticola* and *E. necator*, yielding a total of 115, 113 and 40 positive samples, respectively, detected two weeks before late blight or mildew symptoms were scouted. Results confirmed the combination of Spornados with qPCR as a valuable spore trapping system to support early disease surveillance and help farmers to use fungicides more efficiently while mitigating their environmental impact.



Identificación de virus asociados a síntomas en hojas y frutos de *Thevetia ahouai* en Ecuador

Juan F. Cornejo-Franco^{1*}, Maria G. Cañada-Bautista², Edison G. Reyes-Proañó², Robert A. Alvarez-Quinto³, Dimitre Mollov⁴, Diego F. Quito-Avila^{1,2}

¹ Centro de Investigaciones Biotecnológicas del Ecuador, CIBE, Escuela Superior Politécnica del Litoral, Km 30.5 Vía Perimetral Campus Gustavo Galindo, Guayaquil, Ecuador

² Facultad de Ciencias de la Vida, Escuela Superior Politécnica del Litoral, ESPOL, Km 30.5 Vía Perimetral Campus Gustavo Galindo, Guayaquil, Ecuador

³ Department of Botany and Plant Pathology, 4575 Research Way Lab, Corvallis, OR 97333, USA

⁴ USDA-ARS Horticultural Crops Research Unit, Corvallis, OR 97331, USA

*Autor de correspondencia: jcornejo@espol.edu.ec

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Dos virus fueron identificados en plantas de *Thevetia ahouai* que presentaban manchas blancas y anillamiento clorótico en sus hojas, así como decoloración en sus frutos. Para ello, se tomaron muestras (hojas) en dos localidades diferentes de la ciudad de Guayaquil. Debido a la falta de reportes de virus infectando *T. ahouai*, se realizaron purificaciones para poder visualizar partículas virales empleando microscopía electrónica. Los genomas se obtuvieron mediante secuenciación de alto rendimiento, utilizando la plataforma NovaSeq6000 Illumina. Además, se realizaron ensayos para demostrar si la transmisión mecánica era posible. Se identificaron partículas filamentosas flexuosas de aproximadamente 700 nm de longitud en muestras parcialmente purificadas de ambas muestras. El genoma completo de dos aislados de un nuevo potyvirus, tentativamente llamado thevetia white spot virus (ThWSV), consiste en 9912 (aislado 1) y 9904 (aislado 2) nucleótidos (nt), que codifican para una poliproteína de 363 kDa. La secuenciación reveló, además, la presencia de cucumber mosaic virus (CMV) en solo una de las muestras. Las comparaciones de secuencias entre los dos aislados de ThWSV mostraron 80 y 87% de identidad a nivel de nt y aminoácidos (aa), respectivamente, mientras que la identidad entre ThWSV y su pariente más cercano es 69% (nt) y 71% (aa). De acuerdo con los criterios de demarcación de especies para potyvirus, con este nivel de identidad genómica se puede inferir que el virus descrito en este estudio representa un nuevo miembro del género Potyvirus. Inoculaciones mecánicas de CMV y ThWSV en plantas sanas permitieron diferenciar síntomas asociados a cada virus.



