Del 19 al 22 de octubre de 2026

XXII CONGRESO DE LA SEF

Palma (Mallorca). España.

Sede: Hipotels Conventions Center

ORGANIZAN:

SEF
SOCIEDAD ESPAÑOLA DE FITOPATOLOGÍA

Govern de les Illes Balears
Conselleria d'Agricultura,
Pesca i Medi Natural

Del 19 al 22 de octubre de 2026

XXII CONGRESO DE LA SEF

Palma (Mallorca). España. Sede: Hipotels Conventions Center

COMITÉ ORGANIZADOR

- **Diego Olmo García** [Presidente]
- **Andreu Juan Serra** [Vicepresidente]
- **Blanca Landa del Castillo** [Vicepresidenta]
- **Alicia Nieto López** [Secretaria]
- **Aranzazu Moreno Lozano** [Secretaria]
- **Enrique Castilla Cabrera** [Secretaria Técnica (Esmeeting)]
- **Marta López Serra** [Tesorería]
- **José Luis Palomo Gómez** [Vocal]
- **Carmen Hernández Fort** [Vocal]
- **Eduardo Moralejo Rodríguez** [Vocal]
- **Ana Pedrosa Gálvez** [Vocal]
- **Francesc Adrover Adrover** [Vocal]

COMITÉ CIENTÍFICO

- **Diego Olmo García**
- **Blanca Landa del Castillo**
- **Aranzazu Moreno Lozano**
- **José Luis Palomo Gómez**
- **Carmen Hernández Fort**
- **María Angeles Ayllón Talavera**
- **Fernando Escriu Paradell**
- **David Gramaje Pérez**
- **Dolores Fernández Ortuño**
- **Pedro Gómez López**
- **Ana María Pérez Sierra**
- **David Ruano Rosa**
- **Mª Rosario Torres Sanchis**
- **Juan Antonio Navas Cortés**
- **Antonio Vicent Civera**
- **Jaime Cubero Dabrio**
- **Miguel Talavera Rubia**
- **Carolina Escobar Lucas**
- **Soledad Sacristán Benayas**
- **Nieves Capote Maínez**
- **Jesús Ángel Sánchez Navarro**
- **Mónica Berbegal Martínez**

BIENVENIDA

XXII Congreso de la Sociedad Española de Fitopatología

Palma (Mallorca), del 19 al 22 de octubre de 2026

Queridos compañeros y compañeras de la SEF:

Nos complace anunciaros la celebración del XXII Congreso de la Sociedad Española de Fitopatología (SEF), que tendrá lugar en Palma (Mallorca) del 19 al 22 de octubre de 2026, y que en esta edición cuenta con la coorganización del Govern Balear.

La cita volverá a convertirse en el principal punto de encuentro para profesionales, investigadores, técnicos y estudiantes dedicados al estudio y manejo de las enfermedades de las plantas, y se desarrollará en un entorno privilegiado, con un programa científico de primer nivel y una oferta cultural y social difícil de igualar.

Este Congreso, como es habitual, recogerá el espíritu y los objetivos fundacionales de nuestra Sociedad: promover, facilitar y difundir los avances científicos y técnicos en Fitopatología. En un contexto global marcado por el cambio climático, la intensificación agrícola y la aparición de nuevas amenazas fitosanitarias, la colaboración interdisciplinar y la puesta en común de conocimientos se tornan más imprescindibles que nunca.

El programa científico del Congreso se estructurará en torno a las sesiones temáticas habituales que abarcarán las principales áreas de la Fitopatología: Gestión de Enfermedades, Epidemiología, Diagnóstico y detección e Interacción planta-patógeno. Como en anteriores ediciones, adoptaremos un enfoque multidisciplinar, integrando perspectivas agronómicas, moleculares, celulares, bioquímicas y ecológicas.

Además, contaremos con la participación de ponentes invitados nacionales e internacionales de reconocido prestigio, cuyas intervenciones nos permitirán conocer los avances más relevantes en diversas áreas. También se fomentará especialmente la participación de jóvenes fitopatólogos, que podrán presentar sus trabajos en comunicaciones orales y pósters.

Siguiendo la tradición, se otorgarán los premios SEF a la mejor comunicación oral, el mejor póster, la mejor fotografía científica y el mejor relato corto de fitopatología.

Como sesión temática destacada, el Congreso se iniciará con una jornada técnica monográfica dedicada a *Xylella fastidiosa*, que tendrá lugar el lunes 19 de octubre.

Esta jornada especial reunirá a expertos nacionales e internacionales para abordar los últimos avances en el estudio, manejo y contención de las enfermedades causadas por esta bacteria, que constituye una de las amenazas fitosanitarias más graves del Mediterráneo y para la cual, como sabéis, las Islas Baleares representan un foco de especial relevancia.

El Congreso se celebrará en la zona de Playa de Palma, a orillas del mar, en un enclave que combina a la perfección funcionalidad para sus visitantes y la belleza mediterránea. Con más de seis kilómetros de costa, este entorno ofrece un escenario ideal para disfrutar momentos de relajación tras las sesiones científicas mediante agradables paseos frente al mar, e incluso, con un poco de suerte meteorológica, de un baño en pleno octubre.

Tampoco podéis perderos la oportunidad de visitar la ciudad de Palma, que combina historia, arte, tradición y modernidad. Su catedral gótica frente al mar, el casco histórico repleto de patios señoriales, su vibrante vida cultural y, por supuesto, su rica gastronomía local serán el mejor escenario tras las sesiones del Congreso.

Os animamos a recorrer sus calles, dejaros cautivar por los rincones del antiguo barrio judío y saborear algunos de los sabores más auténticos de la isla: una ensaïmada tradicional, un llonguet con sobrasada o un dulce gatò elaborado con almendras mallorquinas. Y, por supuesto, a disfrutar de una puesta de sol inolvidable desde el castillo de Bellver, con vistas privilegiadas sobre la bahía de Palma.

El Comité Organizador, la Sociedad Española de Fitopatología y el Govern Balear trabajan con entusiasmo para ofreceros un Congreso que combine el rigor científico con el disfrute de un entorno único, que permita el intercambio y el reencuentro y que refuerce nuestra convicción de que la sanidad vegetal es clave para la sostenibilidad del planeta.

Os esperamos en Mallorca para celebrar juntos el XXII Congreso de la SEF y seguir avanzando en el conocimiento, la colaboración y la visibilidad de nuestra disciplina.

¡Nos vemos en Palma!

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

Diego Olmo

Presidente del Comité Organizador

LUNES 19 – SESIONES WORKSHOP

14:30-16:00	**Registro/entrega documentación Workshop y Congreso SEF**
16:00-16:15	Presentación Autoridades del Ministerio de Agricultura, Pesca y Alimentación y del Gobierno de las Illes Balears
16:15-16:30	**Las plagas prioritarias y *Xylella fastidiosa*, una visión global: presentación del problema, el patógeno y su distribución, con visión global y foco específico en el contexto europeo** Ponente: ***Antonio Vicent Civera. Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias (IVIA)***
16:30-16:45	**Marco normativo. Estrategias de vigilancia y gestión en la Unión Europea. Evaluación del riesgo y coordinación entre estados miembros** Ponente: ***Karin Nienstedt. Dirección General de Salud y Seguridad Alimentaria de la Comisión Europea (DG SANTE)***
16:45-17:00	**Situación en España: actualización de los brotes y actuaciones realizadas** Ponente: ***Laura Hernández. Ministerio de Agricultura, Pesca y Alimentación***
17:00-17:15	**Grandes proyectos de Investigación en Europa** Ponente: ***Blanca B. Landa del Castillo. Instituto de Agricultura Sostenible, CSIC (IAS-CSIC)***
17:15-17:30	**Diez años de experiencia en las Illes Balears. Evolución del brote. Subespecies y hospedantes. Gestión, vigilancia e investigación** Ponente: ***Andreu Juan Serra. Servicio de Agricultura, Gobierno de las Illes Balears***
17:30-17:45	**La experiencia en la Comunitat Valenciana. Evolución del brote. Subespecies y hospedantes. Gestión, vigilancia e investigación** Ponente: ***Vicente Dalmau Sorlí. Servicio de Sanidad Vegetal, Generalitat Valenciana***

17:45-18:15	**Café**
18:15-18:50	**Mesa Redonda: Retos y necesidades del sector. Impacto en los sistemas de cultivo y en la producción de planta, adaptación de las prácticas agrícolas y visión del sector sobre la gestión de la enfermedad** Ponentes: ***Aldo Castelli, Teresa Pérez, Carlos Lucea, Josep M. Pagès. Representantes del Sector del Almendro, Olivo, Vid y Viverista***
18:50-19:20	**Tiempo de preguntas y discusión general con todos los participantes**
19:20-19:30	**Conclusiones** Ponente: ***Diego Olmo García. Instituto de Investigación y Formación Agroalimentaria y Pesquera de las Illes Balears (IRFAP)***
19:00-20:30	**Registro/entrega documentación Congreso SEF**
21:00	Recepción, Cóctel de Bienvenida (Centro Cultural La Misericordia)

MARTES 20

8:00-8:45	**Registro/entrega documentación**
8:45-9:00	**Inauguración Oficial del XXII Congreso de la SEF**
9:00-10:45	**Sesión Plenaria I: Avances en prevención y control sostenible de enfermedades vegetales** Sala: Sala Plenaria. Moderadores: ***Mónica Berbegal Martínez y Julio Javier Diez Casero.***
I.01 - 9:00	**Charla invitada 1: "Basic substances as sustainable tool for pre and postharvest disease management"** Ponente: ***Gianfranco Romanazzi.*** *Marche Polytechnic University (UNIVPM), Italia*
I.02 - 9:45	**Charla invitada 2: "Micovirus como moduladores de virulencia en hongos: de la investigación fundamental a nuevas estrategias de control biológico"** Ponente: ***María A. Ayllón.*** *Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas (CBGP, UPM-CSIC)*
I.03 - 10:15	**Charla invitada 3: "Vigilancia, bioseguridad y mecanismos de respuesta ante patógenos forestales en el Reino Unido"** Ponente: ***Ana María Pérez Sierra.*** *Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias (IVIA)*
10:45-11:30	**Café**
11:30–13:30	**SESIÓN PLENARIA I: Avances en prevención y control sostenible de enfermedades vegetales** **Sala: Sala Plenaria.** Moderadores: ***Anna Bonaterra Carreras y Emilio Montesinos Seguí.*** **Comunicaciones orales seleccionadas** Defensa comunicaciones orales: **de OP.01 a OP.08.**

13:30-15:00	**Comida**
15:00-15:30	**Pósters**
15:30-17:00	**<u>Sesiones Simultáneas 1A: Gestión de Enfermedades: Hongos y Oomicetos</u>** **Sala: Sala Plenaria.** Moderadores: ***Belén Guijarro Díaz-Otero y Isidre Llorente.*** Defensa comunicaciones orales: **de O.01 a O.06.**
15:30-17:00	**<u>Sesiones Simultáneas 1B: Detección y Diagnóstico: Hongos y Virus</u>** **Sala: Sala Poseidón.** Moderadores: ***María del Rocío Calderón Madrid y Jesús Ángel Sánchez Navarro.*** Defensa comunicaciones orales: **de O.07 a O.12.**
15:30-17:00	**<u>Sesiones Simultáneas 1C: Interacción Planta-Patógeno: Hongos y Oomicetos</u>** **Sala: Sala Neptuno.** Moderadores: ***Virginia Casado del Castillo y Ernesto Pérez Benito.*** Defensa comunicaciones orales: **de O.13 a O.18.**
17:00-17:30	**Café**

17:30-19:00	**Sesiones Simultáneas 2A: Gestión de Enfermedades** **Sala: Sala Plenaria.** Moderadores: ***María Socorro Serrano Moral y Jordi Cabrefiga Olamendi.*** Defensa comunicaciones orales: **de O.19 a O.24.**
17:30-19:00	**Sesiones Simultáneas 2B: Detección y Diagnóstico + Gestión de Enfermedades** **Sala: Sala Poseidón.** Moderadores: ***Dolores Fernández Ortuño y Lluís Palou Vall*** Defensa comunicaciones orales: **de O.25 a O.30.**
17:30-19:00	**Sesiones Simultáneas 2C: Interacción Planta-Patógeno: Virus** **Sala: Sala Neptuno.** Moderadores: ***Cristina Sáez Sánchez y Francisco Tenllado Peralo.*** Defensa comunicaciones orales: **de O.31 a O.36.**

MIÉRCOLES 21

9:00-10:45	**SESIÓN PLENARIA II: Taxonomía, identificación y respuesta fitosanitaria frente a patógenos emergentes** **Sala: Sala Plenaria.** Moderadores: ***Nieves Capote Maínez y Antonio Olmos Castelló.***
I.04-09:00	**Charla invitada 4: *"Polyphyly of Fusarium sensu Wollenweber"*** *Ponente:* ***Pedro Crous.*** *Westerdijk Fungal Biodiversity Institute, Utrecht University*
I.05-09:45	**Charla invitada 5: "Emergencia de citrus yellow vein clearing virus en España: avances científicos y respuesta fitosanitaria"** **Ponente:** ***Ana Belén Ruiz García.*** *Centro de Protección Vegetal y Biotecnología, Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias (IVIA)*
I.06 - 10:15	**Charla invitada 6: *Hongos asociados a escolítidos de ambrosía: identificación y seguimiento desde el Laboratorio Nacional de Referencia"*** **Ponente:** ***Josep Armengol Fortí.*** *Instituto Agroforestal Mediterráneo (IAM), Universitat Politècnica de València*
10:45 - 11:30	**Café**
11:30 - 13:30	**SESIÓN PLENARIA III: Detección y Epidemiología: Nuevas herramientas para la detección, vigilancia y evaluación del riesgo fitosanitario** **Sala: Sala Plenaria.** Moderadores: ***Ana Alfaro Fernández y Antonio Vicent Civera.*** **Comunicaciones orales seleccionadas** Defensa comunicaciones orales seleccionadas: **de OP.09 a OP.16.**
13:30 - 15:00	**Comida**
15:00 - 15:30	**Pósters**

15:30–17:00	**Sesiones Simultáneas 3A: Detección, Diagnóstico y Epidemiología de *Xylella fastidiosa*** **Sala: Sala Plenaria.** Moderadores: ***Ester Marco-Noales y Juan Antonio Navas-Cortés*** Defensa comunicaciones orales: **de O.37 a O.42.**
15:30–17:00	**Sesiones Simultáneas 3B: Interacción Planta Patógeno: Virus** **Sala: Sala Poseidón.** Moderadores: ***Aránzazu Moreno Lozano y Juan José López-Moya Gómez.*** Defensa comunicaciones orales: **de O.43 a O.48.**
15:30–17:00	**Sesiones Simultáneas 3C: Epidemiología de enfermedades causadas hongos** **Sala: Sala Neptuno.** Moderadores: ***Carmen Romeralo Tapia y Carlos Agustí Brisach.*** Defensa comunicaciones orales: **de O.49 a O.54.**
17:00–17:30	**Café**
17:30–20:30	**Asamblea General de Socios y Renovación de la Junta Directiva**

JUEVES 22

9:00-10:45	**SESIÓN PLENARIA IV: Nuevas fronteras en fitopatología: RNAs, biotecnología e inteligencia artificial** **Sala: Sala Plenaria.** Moderadores: ***Carmen Hernández Fort y Cesar Llave.***
I.07-09:00	**Charla invitada 7: "De viroides de hongos y plantas a obeliscos en nuestra boca: un nuevo mundo de RNAs circulares"** Ponente: ***Marcos De la Peña Rivero.*** *Instituto de Biología Molecular y Celular de Plantas (IBMCP, CSIC-UPV)*
I.08-09:45	**Charla invitada 8: "Nuevas estrategias basadas en ARNi para el control de hongos fitopatógenos mediante bacterias beneficiosas productoras de ARN de doble cadena"** Ponente: ***Jonatan Niño Sánchez.*** *Universidad de Valladolid.*
I.09 - 10:15	**Charla invitada 9: "Inteligencia Artificial en la nueva era de la fitopatología: del lenguaje de las proteínas al diseño racional de fungicidas"** Ponente: ***Álvaro Polonio Escalona.*** *MAAvi Innovation Center (Kimitec)*
10:45 - 11:30	**Café**
11:30 - 13:30	**SESIÓN PLENARIA V: Interacción Planta Patógeno** **Sala: Sala Plenaria.** Moderadores: ***Soledad Sacristán Benayas y Jaime Cubero Dabrio.*** **Comunicaciones orales seleccionadas** Defensa comunicaciones orales seleccionadas: **de OP.17 a OP.24.**
13:30 - 15:00	**Comida**
15:00 - 15:30	**Pósters**

15:30–17:00	**Sesiones Simultáneas 4A: Interacción Planta-Patógeno** **Hongos y Bacterias** **Sala: Sala Plenaria.** Moderadores: ***Jerson Garita Cambronero y Cristina Zamora Ballesteros.*** Defensa comunicaciones orales: **de O.55 a O.60.**
15:30–17:00	**Sesiones Simultáneas 4B: Gestión de Enfermedades** **Sala: Sala Poseidón.** Moderadores: ***Inmaculada Larena Nistal y Álvaro Polonio Escalona.*** Defensa comunicaciones orales: **de O.61 a O.66.**
15:30–17:00	**Sesiones Simultáneas 4C: Interacción Planta-Patógeno Hongos/ Microbiota** **Sala: Sala Neptuno.** Moderadores: ***Miguel Román Écija y Carmen Gómez-Lama Cabanás.*** Defensa comunicaciones orales: **de O.67 a O.71.**
17:00–17:30	**Café**
17:30–18:00	**Sesión Plenaria V: Interacción Planta-Patógeno** **Sala: Sala Plenaria.** Moderadores: ***Blanca B. Landa del Castillo y Diego Olmo García*** **Comunicaciones orales seleccionadas** Defensa comunicaciones orales: **de OP.25 a OP.26.**
18:00–19:00	**Sesión Plenaria V: Interacción Planta-Patógeno** **Sala: Sala Plenaria.** Moderadores: ***Blanca B. Landa del Castillo y Diego Olmo García*** **I.10- Charla invitada 10: "De las bacterias a los péptidos. Importa más el viaje que la llegada"** Ponente: ***Emilio Montesinos Seguí.*** *Universidad de Girona*
21:00	Cena de gala

LISTADO COMUNICACIONES ACEPTADAS:

DÍA 20/10/2026

De 09:00 a 10:45. SESIÓN PLENARIA I: Avances en prevención y control sostenible de enfermedades vegetales

Lugar: Sala Plenaria

Ponencias Invitadas

I.01. "Basic substances as sustainable tool for pre and postharvest disease management". *Gianfranco Romanazzi.*

I.02. "Micovirus como moduladores de virulencia en hongos: de la investigación fundamental a nuevas estrategias de control biológico". *María A. Ayllón.*

I.03. "Vigilancia, bioseguridad y mecanismos de respuesta ante patógenos forestales en el Reino Unido". *Ana María Pérez Sierra.*

De 11:30 a 13:30. SESIÓN PLENARIA I: Avances en prevención y control sostenible de enfermedades vegetales

Lugar: Sala Plenaria

Comunicaciones Orales Seleccionadas

OP.01. Análisis molecular de los mecanismos de resistencia a fungicidas en *Monilinia fructicola*: implicación de la fosforilación oxidativa. *Javier Veloso, Laura Guerra, Maria Villarino, Inmaculada Larena, Rosario Torres, Antonieta de Cal, Belen Guijarro.*

OP.02. Respuesta transcriptómica de cepas de *Xylella fastidiosa* a péptidos bactericidas. *Aniol Buisac Vila, Emilio Montesinos Seguí, Laura Montesinos Barreda.*

OP.03. From genes to molecules: comparative genomics and metabolomics of *Bacillus velezensis* strains associated with almond. *Lorena Sanz López, Sarra Yousfi, Lu Zhou, Soledad Martos, Jordi Cabrefiga, François Coutte, Monica Höfte, Jordi Luque.*

OP.04. Reprogramando el control del moho gris: estrategias basadas en oligonucleótidos frente a *Botrytis cinerea*. *Alba López-Laguna, Virginia Mota-Maldonado, Yandira Morales, Álvaro Polonio, Lucía Jiménez-Castro, Alejandro Pérez-García, Dolores Fernán-*

dez-Ortuño.

OP.05. Diseño de comunidades sintéticas (SynCom) basadas en el microbioma del xilema para el manejo de enfermedades vasculares del olivo. *Luis Moll, Lucía Alonso-Villar, Concepción Olivares-García, Juan Carlos Rivas, Guillermo León-Ropero, José Luis Trapero-Casas, Juan Antonio Navas-Cortés, Blanca B. Landa.*

OP.06. Efecto de plataformas biodegradables para la liberación lenta de antifúngicos de origen biológico sobre poblaciones de hongos fitopatógenos del suelo: Prueba de concepto. *Arturo Santiago-Pajón, María Alonso-Ayuso, Rebeca Díez-Antolínez, Patricia García-González, Asier Fernández, Agate Meabe, Jerson Garita-Cambronero.*

OP.07. Una molécula quimérica de ARNdc aplicada por SIGS reduce el título de dos virus asociados a pérdidas de rendimiento en vid. *Cristina Zamora Ballesteros, Thi Kieu Anh Nguyen, Sandra Mosquera, Liszeth Fernanda Ojeda Báez, Jonatan Niño Sánchez.*

OP.08. Nanotransportadores de quitosano con extractos vegetales contra la fusariosis vascular del banano. *Carmen Gómez-Lama Cabanás, Eva Sánchez-Hernández, Antonio Valverde-Corredor, Carlos Casanova-Muñoz, Jesús Martín-Gil, Pablo Martín-Ramos.*

De 15:30 a 17:00. Sesiones Simultáneas 1A: Gestión de Enfermedades: Hongos y Oomicetos

Lugar: Sala Plenaria

Comunicaciones Orales

O.01. Resistencia a fungicidas QoI en *Nigrospora* spp. y *Pyricularia oryzae* del Delta del Ebro. *Sina Mesri-Ghahramanloo, Vikas Nehra, Hamza Bin Sajid, Gemma Galimany, Àlvaro Tomás, Josep Armengol, Maela León, Mónica Berbegal.*

O.02. Susceptibilidad varietal y fenológica del almendro a *Monilinia laxa* durante la floración. *Erick Zúñiga, Rosario Torres, Lidia Aparicio-Duran, Laura Torguet, Xavier Miarnau, Neus Teixidó, Carla Casals.*

O.03. Diversidad y patogenicidad de oomicetos en áreas recreativas y de control de Parques Nacionales españoles. *Carmen Romeralo, Laura Hernández-Escribano, Patricia Toledo, Jorge Aldea, Matías García, Marta Pardos, Lorena Gómez-Aparicio, Pedro Javier Solera-Álvarez, Maria Caballol, Jonàs Oliva.*

O.04. Hibridación interespecífica de *Quercus*: nuevas fuentes de resistencia frente a *Phytophthora cinnamomi*. *Rosa López García, Inmaculada Martos García, Álvaro Cofrade Mora, María Socorro Serrano Moral.*

O.05. Mejora genética del limonero frente al mal seco de los cítricos. *Paola Caruso, Maria Patrizia Russo, Martina Cortese, Carmen Arlotta, Riccardo Russo, Margherita Amenta, Nicolina Timpanaro, Silvia Di Silvestro, Giuseppina Las Casas, Marco Caruso.*

O.06. Detectada la resistencia a las estrobilurinas (QoI) en *Pyricularia oryzae* en Valencia. *Ana María Pérez Sierra, Carlos Salas Sierra, Miguel Ángel Cañaveras Gómez, Antonio Vicent Civera, Belén Ortiz Cubells, David Conesa Armero, José Vicente Bolinches, Vicente Dalmau.*

De 15:30 a 17:00. Sesiones Simultáneas 1B: Detección y Diagnóstico: Hongos y Virus

Lugar: Sala Poseidón

Comunicaciones Orales

O.07. Estudio de la comunidad fúngica asociada al síndrome del decaimiento del kiwi en Valencia. *Diego Reig López, Carlos Salas Sierra, Miguel Ángel Cañaveras Gómez, Ana María Pérez Sierra, Luis Felipe Arias Giraldo, Félix Morán.*

O.08. Hongos asociados a la seca de rama del aguacate en la Comunidad Valenciana. *Belén Ortiz Cubells, David Conesa Armero, Miguel Ángel Cañaveras Gómez, Carlos Salas Sierra, Antonio Vicent Civera, Ana María Pérez Sierra.*

O.09. Physiological and molecular responses of *Monilinia* spp. to simulated heat wave scenarios. *Mercy Elizabeth Quizhpe Romero, Núria Vall-llaura Espinosa, Sonia Marín Sillué, Montserrat Prim Latorre, Rosario Torres Sanchis.*

O.10. Detección de citrus yellow vein clearing virus mediante RT-qPCR: validación y estrategias de muestreo. *María Martínez-Solsona, Félix Morán Villamizar, Vicente Dalmau Sorlí, Antonio Olmos Castelló, Ana Belén Ruiz García.*

O.11. Diversidad filogenética y molecular de las especies de *Alternaria* asociadas a lesiones en hojas y frutos de manzano en el noreste de España. Bases para el desarrollo de herramientas de detección. *Marc Vila De Vargas, Maria Pla, Anna Nadal, Isidre Llorente, Concepció Moragrega.*

O.12. Respuesta de *Quercus faginea* a *Phytophthora cinnamomi*: análisis de signos para un diagnóstico precoz. *Belén Mendoza-Chamizo, Zahira Gómez-Almirón, Enrique Cardillo Amo.*

De 15:30 a 17:00. Sesiones Simultáneas 1C: Interacción Planta-Patógeno: Hongos y Oomicetos

Lugar: Sala Neptuno

Comunicaciones Orales

O.13. Resistencia varietal del olivo a *Spilocaea oleagina*: diversidad genética y estabilidad de respuesta. *Cristina Estudillo, Isabel Muñoz Castillo, José V Die, Luis Miguel López Doncel, Antonio Trapero, Concepción Muñoz Díez, Juan Moral.*

O.14. Efecto de los tejidos verdes y lignificados, y las co-inoculaciones con *Botryosphaeria dothidea* y *Neofusicoccum parvum* en el desarrollo de chancros en almendro. *Carmen Luque Cruz, Begoña Isabel Antón Domínguez, Laura Romero Cuadrado, Nieves Capote Maínez, Carlos Agustí Brisach.*

O.15. Efecto de la densidad de inóculo de *Fusarium oxysporum* f. sp. *lactucae* raza 1 sobre el desarrollo de la fusariosis vascular de la lechuga. *Moisés De León, Daniel Palmero, Laura Gálvez.*

O.16. Nuevos inductores de resistencia para la prevención de la enfermedad radical causada por *Phytophthora cinnamomi* en encina. *Rosa Rosa Lopez Garcia, Inmaculada Martos García, María Socorro Serrano Moral.*

O.17. Podredumbre ácida en fruta de hueso: patógenos asociados, su interacción y actividad enzimática. *Júlia Borràs-Bisa, Carla Casals, Núria Vall-llaura, Neus Teixidó.*

O.18. Bases fisiológicas y moleculares de la reactivación de conidios de *Penicillium rubens* PO212 como agente de control biológico. *Almudena Escobar-Niño, Belén Guijarro, Inmaculada Larena, Francisco Javier Fernandez-Acero.*

De 17:30 a 19:00. Sesiones Simultáneas 2A: Gestión de Enfermedades

Lugar: Sala Plenaria

Comunicaciones Orales

O.19. Bacteriófagos específicos y polivalentes frente a las subespecies fastidiosa y multiplex de *Xylella fastidiosa*. *Carlos Selles-Ribera, Pilar Domingo-Calap, Ester Marco-Noales.*

O.20. Consorcio microbiano obtenido del microbioma de la manzana eficaz frente a enfermedades de postcosecha y adaptado a distintas condiciones climáticas. *Ana María Sánchez Ruiz, Jonàs Oliva, Carla Casals, Cristina Solsona, Neus Teixidó.*

O.21. Potencial antifúngico de extractos de cáscara de nuez contra la podredumbre

verde en naranjas. *Yesfrin Castellanos, Ricardo Lima de Souza, Zannatul Anika, Michelle Pannarale, María Bernardita Pérez-Gago, Lluís Palou.*

O.22. Búsqueda y selección de agentes de control biológico frente a la tuberculosis del olivo. *Luiza Sánchez-Pereira, Patricia Díaz-Rodríguez, María Carmen Saigner, Ana López-Moral, Carlos Agustí-Brisach.*

O.23. Caracterización e identificación de bacterias nativas de cítricos para biocontrol de *Xanthomonas citri*. *Mary Selva Cuiñas Díaz, Silvia Barbé, Maria Herranz, Irene Lozano Alfonso, Luis Felipe Arias Giraldo, Ester Marco Noales.*

O.24. *Debaryomyces hansenii* como agente de biocontrol frente a hongos postcosecha. *Francisco Javier Ruiz Castilla, Carlos Lucena León, María José Cañasvera, Alma Velasco, Helena Chacón Navarrete, José Ramos.*

De 17:30 a 19:00. Sesiones Simultáneas 2B: Detección y Diagnóstico + Gestión de Enfermedades

Lugar: Sala Poseidón

Comunicaciones Orales

O.25. Diseño y ejecución de un programa interno de certificación fitosanitaria en propagación de fresa y *Rubus*: aciertos y desafíos. *Douglas Rodríguez, Yamila Martínez-Zubiaur, Ricardo A. Toledo-Hernández.*

O.26. Detección de mutaciones asociadas a la resistencia a fungicidas en aislados de *Plasmopara viticola*, oomiceto causante del mildiu de la vid. *Helene Sanchez-Zelaia, Mónica Hernández, Alejandro Aguilar-Diaz, Tawanda P. Makopa, David Peris, Ana M. Diez-Navajas.*

O.27. Fusariosis en cultivo de *Limonium*: diagnóstico y búsqueda de alternativas de control. *David Ruano Rosa, Ana M.ª Trujillo Ferrusola, M.ª Dolores Vela-Delgado.*

O.28. Consorcio de cepas de *Penicillium rubens* como bioestimulantes del crecimiento de plantas de tomate. *Sol De Mergelina Sánchez, Marco Vinicio Cacarín Piñán, Laura Guerra Fernández de Velasco, Mª Inmaculada Larena Nistal.*

O.29. Phylogenomic characterisation and genome-based risk assessment of a *Penicillium* consortium for soil-borne pathogen control. *Valèrian Lupo, María Villarino, Inmaculada larena, Antonieta De Cal, Stephan Declerck, Belén Guijarro Díaz-Otero.*

O.30. Evaluación de una colección de germoplasma de guisante (*Pisum sativum*) para la resistencia frente a nematodos noduladores de las raíces (*Meloidogyne hapla*). *María Córdoba-Sánchez, Diego Rubiales, Jorge Martín-Barbarroja, Carlos Casanova, Pablo Castillo, Juan Emilio Palomares-Rius.*

De 17:30 a 19:00. Sesiones Simultáneas 2C: Interacción Planta-Patógeno: Virus

Lugar: Sala Neptuno

Comunicaciones Orales

O.31. Competition among co-infecting potyviral chimera variants with adaptive, single nucleotide differences in HCPro, is influenced by environment factors. *Mongia Makki, María Fernández-Avilés, Francisco Tenllado, Tomás Canto.*

O.32. Viral determinants of host adaptation to tomato and cucurbits in tomato leaf curl New Delhi virus strains. *Romanos Zois, Luuk D. H. Veenendaal, Svenning R. Möller, M. N. Maruthi, Mireille van Damme, Yuling Bai, Anne-marie Wolters.*

O.33. Detección polivalente y simultánea de todas las especies de *Tobamovirus* mediante sondas de género ("genus probes"). *Irene Máñez, Esmeralda Sanahuja, Ana Alfaro-Fernández, Maria Isabel Font-San Ambrosio, Vicente Pallás, Jesús Ángel Sánchez-Navarro.*

O.34. Pattern-triggered immunity induced by dsRNA targets different stages of virus infection. *Khouloud Necira, Ifigeneia Triantafyllou, Celia González, Tomás Canto, Francisco Tenllado.*

O.35. Niemann-Pick C1 protein: a hub for plant viral infections. *Irene Villar, Weina Hou, Ana Montserrat Martín-Hernández.*

O.36. Decoding viral translation: The multifunctional roles of *Tobamovirus fructirugosum* UTRs. *J. Daniel Guillén-Martínez, Miguel A. Aranda, Verónica Truniger.*

DÍA 21/10/2026

De 09:00 a 10:45. SESIÓN PLENARIA II: Taxonomía, identificación y respuesta fitosanitaria frente a patógenos emergentes

Lugar: Sala Plenaria

Ponencias Invitadas

I.04. "Polyphyly of *Fusarium sensu* Wollenweber". *Pedro Crous, Marcelo Sandoval-Denis, Marileide Costa, Johannes Groenewald.*

I.05. "Emergencia de citrus yellow vein clearing virus en España: avances científicos y respuesta fitosanitaria". *Ana Belén Ruiz García, María Martínez Solsona, Félix Morán Villamizar, Felipe Arias Giraldo, Paloma Castillo Mateo, María Montserrat Delgado Ruiz, Gemma Murillo Busquets, Vicente Dalmau Sorlí, Antonio Olmos Castelló.*

I.06. "Hongos asociados a escolítidos de ambrosía: identificación y seguimiento desde el Laboratorio Nacional de Referencia". *Josep Armengol Fortí.*

De 11:30 a 13:30. SESIÓN PLENARIA III: Detección y Epidemiología: Nuevas herramientas para la detección, vigilancia y evaluación del riesgo fitosanitario

Lugar: Sala Plenaria

Comunicaciones Orales Seleccionadas

OP.09. Descubriendo lo invisible: la diversidad críptica de nematodos en el olivar mediterráneo. *Rosana Salazar García, Juan Emilio Palomares Rius, Carolina Cantalapiedra Navarrete, Ana García Velázquez, Víctor Lechuga, Inmaculada Criado Navarro, Pablo Castillo, Antonio Archidona Yuste.*

OP.10. Genomic characterization of *Xanthomonas citri* intercepted in Spain informs plant health risk assessment. *Félix Morán, Guilherme Sousa-Gomes, Luis F. Arias-Giraldo, Silvia Barbé, Ester Marco-Noales.*

OP.11. Secuenciación de alto rendimiento de las comunidades fúngicas y de *Botryosphaeriaceae* en plantas sintomáticas y asintomáticas de almendro, aguacate y arándano. *Laura Romero Cuadrado, Ana Aguado Puig, Nieves Capote Maínez.*

OP.12. Rapid Diagnostic Strategies and Reference Materials for the Detection of Huanglongbing (HLB). *Aminta Hernández Marín, Ester Marco Noales, Félix Morán.*

OP.13. Multiple infections by ToLCNDV and unrelated viruses identified through NGS in field-collected melon samples. *Mireia Uranga, Clara Ontañón, Francisco Villanueva, Cécile*

Desbiez, Juan José López-Moya.

OP.14. Dinámica de *Aspergillus* spp. en higos secos españoles y riesgo de contaminación por aflatoxinas. *Zakaria Janfi, Francisco Abel Guerrero-Páez, María Ángeles Romero-Martín, Ana Gordon, Concepción M. Díez, María Teresa García-López, Juan Moral.*

OP.15. Riesgo global de establecimiento de *Fusarium oxysporum* bajo cambio climático: integración de teledetección, modelización ecológica y climática CMIP6. *Rocío Calderón, Ryan P. Pavlick, Sharifa G. Crandall, Natalie M. Mahowald, Kaitlin M. Gold.*

OP.16. Epidemiologia de Flavescencia Dorada en Girona: análisis de su dispersión y reemergencia para una erradicación efectiva. *Honorat Sabaté Antico, Jordi Mateu Pozuelo, Cesca Alcalá Castellblanque, JORDI SABATE Rabella.*

De 15:30 a 17:00. Sesiones Simultáneas 3A: Detección, Diagnóstico y Epidemiología de *Xylella fastidiosa*

Lugar: Sala Plenaria

Comunicaciones Orales

O.37. Detección de síntomas inducidos por la enfermedad de Pierce en vid mediante imágenes aéreas hiperespectrales y térmicas de alta resolución. *Rocío Calderón, Juan A. Navas-Cortés, Miguel Román-Écija, Guillermo León-Ropero, José L. Trapero-Casas, Diego Olmo, Blanca B. Landa, Pablo J. Zarco-Tejada.*

O.38. Caracterización genómica del brote de *Xylella fastidiosa* subsp. *fastidiosa* en Extremadura. *Ester Marco-Noales, Félix Morán Villamizar, Silvia Barbé Martínez, Carlos Selles-Ribera, Miriam Simó-Esquivel, Adela Monterde.*

O.39. Filogeografía y origen de las introducciones de *Xylella fastidiosa* subsp. *pauca* (ST80 y ST53) en las Islas Baleares. *Eduardo Moralejo, Antonio Magaña, Andreu Juan, Alicia Nieto, Ana Pedrosa, Diego Olmo, Blanca B. Landa.*

O.40. Efecto de escenarios simulados de cambio climático sobre la infección por *Xylella fastidiosa* y el desarrollo de la enfermedad de Pierce en vid. *Miguel Román-Écija, José Luis Trapero-Casas, Guillermo León-Ropero, Fatima Zohra Benhalima, Juan Carlos Rivas-Romero, Concepción Olivares-García, Juan Antonio Navas-Cortés, Blanca B. Landa.*

O.41. La diversidad genética del hospedador no impide la invasión de un patógeno generalista. *Antonio J. Magaña, Pere A. Gost, Bàrbara Quetglas, Francesc Androver, Ana Pedrosa, Marina Montesinos, Alicia Nieto, Andreu Juan, Diego Olmo, Eduardo Moralejo.*

0.42. Persistencia de *Xylella fastidiosa* en especies arbustivas y forestales mediterráneas. *Miriam Simó-Esquivel, Raquel Bertí-Martínez, David Cubillo, Amparo Ferrer, Vicente Dalmau, Ester Marco-Noales.*

De 15:30 a 17:00. Sesiones Simultáneas 3B: Interacción Planta Patógeno: Virus

Lugar: Sala Poseidón

Comunicaciones Orales

0.43. The hidden life of plant viruses in the root. *Pablo Romero Azcondo, Jesús Israel Pagán Muñoz, Cristina Sáez Sánchez.*

0.44. Efficient and tunable VIGS using very short inserts in AMV- and CMV-based vectors. *Ana Vaz, Carlos Varón, David Villar-Álvarez, Vicente Pallás, Jesús A. Sánchez Navarro.*

0.45. Functional analysis of the demethylase (AlkbB) domains conserved in the viral replicase of members of the *Betaflexiviridae* family affecting woody hosts. *Lorenzo Contreras Lucas, David Villar Álvarez, Jesús Ángel Sánchez Navarro, Vicente Pallás Benet, Jose Antonio Navarro Bohigues.*

0.46. Comparative transcriptomic responses of sweet potato to SPFMV infection and whitefly-mediated SPCSV superinfection. *Clara Ontañón Rojas, Ignasi Andreu, Juan José López-Moya Gómez.*

0.47. Identification of candidate genes to control seed transmission of plant viruses in melon. *Cristina Sáez Sánchez, Lucía García Ordoñez, María Vázquez Sández, Elena Birlanga Navarro, Gorka Perpiñá Martín, María Belén Picó Sirvent, Jesús Israel Pagán Muñoz.*

0.48. Caracterización del papel de los correceptores inmunitarios LRRII-RLK durante la infección por geminivirus. *Marta A. Rey, Alberto Torres, Nicholas Holton, Cyril Zipfel, Araceli G. Castillo.*

De 15:30 a 17:00. Sesiones Simultáneas 3C:
Epidemiología de enfermedades causadas hongos

Lugar: Sala Neptuno

Comunicaciones Orales

0.49. Vogel's Minimal Medium as a standardised method for inducing sporulation in *Diplodia*, *Lasiodiplodia* and *Neofusicoccum*. *David Hernández Hernández, Felipe Siverio de la Rosa, Christiaan Grobler, Bernard Slippers.*

O.50. Abundancia estacional de esporas de *Botryosphaeriaceae* en fincas de almendro del Valle del Guadalquivir. *Laura Romero Cuadrado, Ana Aguado Puig, David Ruano Rosa, Nieves Capote Maínez.*

O.51. Inoculum dynamics of *Phyllosticta citricarpa* causing citrus black spot under Mediterranean conditions in Tunisia. *Sabrine Mannai, Naima Boughalleb-M'Hamdi, Polona Kogovšek, Maja Ferle, Josep Blasco-García, Elena Lázaro, Antonio Vicent, Martina Cendoya.*

O.52. Caracterización de la genética de poblaciones de *Diaporthe amygdali*. *Carolina Francia, Josep Armengol, Maela León, Sandra Alaniz-Ferro, Silvia Turco, Eugénio Diogo, Santa Olga Cacciola, Sebastiano Conti Taguali, Virág Varjas, Mónica Berbegal.*

O.53. Efecto de las olas de calor estivales sobre el comportamiento e incidencia de la podredumbre parda en fruta de hueso en el Valle del Ebro. *Laura Guerra Fernández de Velasco, María Villarino Pérez, Belén Guijarro Díaz-Otero, Antonieta De Cal y Cortina.*

O.54. Dinámica temporal de la infección natural de heridas de poda por hongos de la madera de la vid. *Katherine Ashley, Catarina Leal, Rebeca Bujanda, Valérie Didier, Mélanie Duvillet, David Gramaje.*

DÍA 22/10/2026

De 09:00 a 10:45. Sesión Plenaria IV: Nuevas fronteras en fitopatología: RNAs, biotecnología e inteligencia artificial

Lugar: Sala Plenaria

Ponencias Invitadas

I.07. "De viroides de hongos y plantas a obeliscos en nuestra boca: un nuevo mundo de RNAs circulares". *Marcos De la Peña Rivero.*

I.08. "Nuevas estrategias basadas en ARNi para el control de hongos fitopatógenos mediante bacterias beneficiosas productoras de ARN de doble cadena". *Jonatan Niño Sánchez.*

I.09. "Inteligencia Artificial en la nueva era de la fitopatología: del lenguaje de las proteínas al diseño racional de fungicidas". *Álvaro Polonio.*

De 11:30 a 13:30. Sesión Plenaria V: Interacción Planta Patógeno

Lugar: Sala Plenaria

Comunicaciones Orales Seleccionadas

OP.17. Simultaneous mapping of host-pathogen genetic components via bidirectional association genomics. *Victoria Widrig, David Encalada Bustamente, Javier Sánchez Martín.*

OP.18. Nuevos mecanismos de regulación de la respuesta inmune en la defensa antiviral de las plantas. *Carmen Robinson, Irene Guzmán Benito, Ana Rocío Sede, Laura Elvira González, Manfred Heinlein, César Llave.*

OP.19. Desarrollo del apresorio en hongos fitopatógenos: del hongo modelo *Magnaporthe oryzae* a *Colletotrichum* en olivo. *María Isabel Márquez-Pérez, Pilar Rallo, Dov Prusky, Matthew Wengler, Juan Moral, Nick Talbot.*

OP.20. A receptor-like kinase controls plasmodesmal transport of conserved 30K viral movement proteins through phosphorylation. *Juan Martinez Saez, Angel Chavez, Andrea Restrepo-Escobar, T. Moritz Schladt, Wolf B. Frommer, Waltraud X. Schulze, Manuel Miras.*

OP.21. Impact of water stress and virus infection on sugar beet traits and aphid feeding behavior. *Jaime Jiménez, Miluska López-Juncay, Aranzazu Moreno, Alberto Fereres.*

OP.22. Comparación de perfiles de expresión de lncRNA relacionados con la defensa de *Pinus* spp. con diferente susceptibilidad a *Fusarium circinatum* mediante RNA-seq dual. *Cristina Zamora-Ballesteros, Julio Javier Diez Casero, Gloria Pinto, Arthur Alves, Katrin Heer, Jorge Martín-García.*

OP.23. Virus evolution in tolerant plants: When host and pathogen interest align. *Ismail Kirrout, Cristina Sáez, Viji Vijayan, Nuria Montes, Israel Pagán.*

OP.24. Adaptación al huésped y determinantes funcionales de sweet potato leaf curl deltasatellite 1. *Elvira Fiallo-Olivé, José N. Jaén-Sanjur, Ismael Trujillo-Artero, Jesús Navas-Castillo.*

De 15:30 a 17:00. Sesiones Simultáneas 4A: Interacción Planta-Patógeno: Hongos y Bacterias

Lugar: Sala Plenaria

Comunicaciones Orales

O.55. Identificación de nuevas dianas génicas para SIGS a partir del análisis de los miRNAs en la interacción tomate-*Fusarium oxysporum*. *Sandra Mosquera López, Cristina Zamora Ballesteros, Jonatan Niño Sanchez.*

O.56. Interferencia de la quimiopercepción como estrategia para afectar la entrada y virulencia en *Ralstonia solanacearum*. *Lucas G. Castellani, Leydi Sevillano-Bonilla, David García-Muñoz, Sandra Nebreda, Saray Santamaría-Hernando, José Juan Rodríguez-Herva, Emilia López-Solanilla, Gema López-Torrejón.*

O.57. Engineering a viral expression vector based on *Botrytis virus F* (BVF) for *Botrytis cinerea*. *Javier Pardo Medina, Cecilia Martín Parera, Kanoko Murata, Julio Rodríguez Romero, Sotaro Chiba, María Angeles Ayllón Talavera.*

O.58. Colonización, persistencia y transmisión de *Xanthomonas* sp. en semillas de tomate y pimiento. *Agustina De Franceso, Salvador Sastre, Patricia Olivares, Cristina Moyano, Jaime Cubero.*

O.59. *Debaryomyces hansenii* y *Ogataea polymorpha* como agentes de biocontrol frente a hongos fitopatógenos. *Carlos Lucena León, José Ramos Ruiz, Francisco Javier Ruiz Castilla.*

O.60. Identificación y selección de genes WRKY potencialmente asociados a la regulación negativa de las respuestas de defensa del tomate frente a *Pseudomonas syringae* pv. *tomato*. *Ingrid Nicole Vásconez, Luciano Ahumada, José Miguel Alvarez, Ariel Herrera Vásquez.*

De 15:30 a 17:00. Sesiones Simultáneas 4B: Gestión de Enfermedades

Lugar: Sala Poseidón

Comunicaciones Orales

O.61. Estudio del mecanismo de acción de BP100, 1036 y FV7 en membranas utilizando simulaciones de dinámica molecular. *Sergi Llanet Ferrer, Anna Bonaterra, Emilio Montesinos, Marta Planas, Lidia Feliu, Ferran Feixas.*

O.62. Ácidos nucleicos peptídicos (PNAs) antisentido para el control de enfermedades causadas por *Xylella fastidiosa*. *Núria Giralt, Lidia Feliu, Marta Planas, Emilio Montesinos, Esther Badosa, Anna Bonaterra.*

O.63. Control de *Xylella fastidiosa* mediante termoterapia, péptidos funcionales y metabolitos de origen microbiano. *Núria Daranas, Laura Montesinos, Beatriz Gascón, Gemma Roselló, Aniol Buisac, Anna Bonaterra, Emilio Montesinos.*

O.64. Análisis global de la eficacia de agentes de control biológico frente a fungicidas sintéticos: un meta-análisis bayesiano de ensayos de campo. *Elena Lázaro, María José Caballero, David Makowski, Antonio Vicent.*

O.65. Nuevos nanomateriales avanzados multifuncionales como herramienta sostenible para el control de plagas fúngicas. *María Mondéjar López, María Paz García Simarro, Joaquín C. García Martínez, Antonio Cuesta Casas, Sergio Casas Tintó, Oussama Ahrazem, María Lourdes Gómez Gómez, Enrique Niza.*

O.66. Evaluación de *Crotalaria juncea*, *Sorghum sudanense* y *Trichoderma harzianum* frente a *Meloidogyne incognita*. *Ana García-Velázquez, Antonio Archidona-Yuste, Victoria Moreira, Álvaro López-García, Nuria Ferrol, Carlos Aranda-Porras, Pablo Castillo, Juan Emilio Palomares-Ríus.*

De 15:30 a 16:30. Sesiones Simultáneas 4C: Interacción Planta-Patógeno: Hongos/ Microbiota

Lugar: Sala Neptuno

Comunicaciones Orales

O.67. Análisis metaproteómico de la microbiota asociada a la interacción entre *Botrytis cinerea* y la vid. *María Victoria Calcis-Marzán, Almudena Escobar-Niño, Olivier Coste, Adam Hegyi, Kálmán Zoltán Váczy, Francisco Javier Fernandez-Acero.*

O.68. La aplicación de ARN de doble cadena (dsRNA) induce cambios transitorios y específicos en las comunidades microbianas del suelo asociadas a plantas de tomate. *Angel Valverde, Jonatan Niño-Sánchez, Lauren García-Chavez, Huma Amín, Jose Mariano Igual, Julio Javier Diez Casero.*

O.70. The role of benzoxazinoids in maize interactions with endophytic and pathogenic fungi. *Carlos González-Sanz, Sandra Díaz-González, Bo Wang, Lucía Gómez-Vilchez, Víctor Flors, Soledad Sacristán.*

O.71. BcFF7-like se asocia con remodelación cromatínica y expresión génica de patogenicidad en *Botrytis cinerea*. *Vlad Paul Mihaila Novac, Virginia Casado del Castillo, Alessandro Gabrielli García, Paula Iriondo Ocampo, José María García Fernández, Jan van Kan, Paulo Canessa, José María Díaz Mínguez, Ernesto Pérez Benito.*

De 17:30 a 19:00. Sesión Plenaria V

Lugar: Sala Plenaria

Comunicaciones Orales Seleccionadas

OP.25. Plant pectate lyases as modulators of virus seed transmission. *Lucía García Ordóñez, Cristina Sáez Sánchez, Helena Martín Rivilla, Daniel Conde Rodríguez, Israel Pagán Muñoz.*

OP.26. Ángeles y demonios en *Fusarium oxysporum*: las fronteras entre la patogenicidad y el endofitismo. *Virginia Casado del Castillo, Riccardo Baroncelli, Ernesto Pérez Benito, José María Díaz Mínguez.*

Ponencia Extraordinaria

I.10. "De las bacterias a los péptidos. Importa más el viaje que la llegada". Emilio Montesinos Seguí.

COMUNICACIONES PÓSTER:

ÁREA: DETECCIÓN Y DIAGNÓSTICO

P.01. Hiperdiversidad del genoma mitocondrial de *Longidorus* spp. (Nematoda) y sus implicaciones en la identificación de especies. *Ana García-Velázquez, Antonio Archidona-Yuste, Carolina Cantalapiedra-Navarrete, Carlos Aranda-Porras, Carlos Casanova-Muñoz, Pablo Castillo, Juan Emilio Palomares-Rius.*

P.02. Evaluación de la eficacia de fungicidas químicos, biológicos y de origen vegetal frente a comunidades fúngicas que afectan a la germinación de semillas de pino. *Laura Hernandez-Escribano, Rosa Raposo, Nieves Herrero Sierra, Rubén Mondelo Falcón, Cruz Anegón Esteban, Ricardo Alía, Felipe Pérez Martín, Carmen Romeralo.*

P.03. Nuevas aportaciones a la identificación del agente causal de las podredumbres penicílicas de los cítricos. *Juan Antonio Martínez López.*

P.04. Podredumbres de la senescencia del brócoli. *Juan Antonio Martínez López, Elena Sánchez López.*

P.05. Protocol for the evaluation of emergency authorisations of fungicides and bactericides submitted under Article 53 of Regulation (EC) No 1107/2009. *Ana María Sánchez Ruiz, Evangelos Karanasios, José Luis Alonso-Prados, Belén Guijarro Díaz-Otero, Antonieta de Cal y Cortina, Inmaculada Larena Nistal, María Villarino Pérez, Niels Matzen, Franz Streissl.*

P.06. Identificación de razas de *Fusarium oxysporum* f. sp. *lactucae* en el sureste de España. *Maria del Mar Guerrero Díaz, Carmen María LACASA MARTÍNEZ, Sandra Alcázar, Ana Veronica Martínez, Angel Campillo Pastor, Mónica BERBEGAL, Maela León, Josep Armengol.*

P.07. Detección de ´*Candidatus Phytoplasma solani*` (16Sr XII-A) en berries en el norte de España. *Yamila Martínez-Zubiaur, Yeifer Erley Mejia Jurado, Héctor Villanueva Manso, Isabel Gutiérrez, Manuel Montalvillo, Elena Dávila, Ricardo A. Toledo, Douglas Rodríguez.*

P.08. Identificación del complejo de especies de *Agrobacterium* spp. en plantas de frambueso. *Douglas Rodríguez, Miguel Matías, Ricardo A. Toledo-Hernández, Rafael Vázquez, Héctor Villanueva, Yeifer E. Mejía, Yamila Martínez-Zubiaur.*

P.09. Primera cita en España de la presencia de *Coniella fragariae* como causante de la mancha foliar en la fresa (*Fragaria xananassa*). *Manuel Avilés, Javier Ordóñez, Ana María Pastrana, Celia Borrero.*

P.10. Zygocactus virus X y Pitaya virus X: nuevas virosis que infectan cultivos de pitahaya. *Leticia Ruiz Garcia, Israel Guerrero-Cózar, Carmen García, Dirk Janssen.*

P.11. Caracterización morfológica de aislados de tres clados de *Neopestalotiopsis* encontrados en España en fresales. *Celia Borrero, Patricia López, Ana María Pastrana, Manuel Avilés.*

P.12. Evaluación del potencial bioestimulante de hongos en la germinación y vigor inicial de diferentes especies vegetales. *Victoria Huertas, Melanie Gomez, Carmen palazón, Milagrosa Santos, Fernando Diánez.*

P.13. Evaluación de consorcios microbianos fúngicos como bioestimulantes en plantas de pimiento (*Capsicum annuum* L.) bajo condiciones de invernadero. *Victoria Huertas, Carmen palazón, Melanie Gómez, Milagrosa Santos, Fernando Diánez.*

P.14. Herramientas de inteligencia artificial para la clasificación de síntomas de la marchitez bacteriana causada por *Ralstonia solanacearum* en plantas de tomate. *Ingrid Nicole Vásconez, Miryam Valenzuela, Ariel Herrera-Vásquez, Michael Seeger, Juan Pablo Vásconez.*

P.15. Diseño de sonda TaqMan para la detección de *Coniella fragariae* en fresa mediante qPCR. *Laura Romero-Cuadrado, Celia Borrero, Manuel Avilés.*

P.17. La verticilosis en Castilla-La Mancha: especies afectadas y factores favorables para su desarrollo y diagnóstico. *Ramona María Muñoz Gómez, María Luisa Lerma, Purificación Castillo, Hakima El Hamzaoui.*

P.18. Primeras detecciones en España de citrus tristeza virus genotipo T3 y citrus virus A. *María Martínez Solsona, Ana Belén Ruiz García, Félix Morán Villamizar, Vicente Dalmau Sorlí, Antonio Olmos Castelló.*

P.19. Detección de virus en variedades de vid de Canarias mediante RT-qPCR multiplex y DAS-ELISA. *Dara Viruega Herrera, Karla Nodarse Fernández, Ana Rodríguez Pérez, Felipe Siverio de la Rosa, Leandro de León Guerra.*

P.20. Towards Rapid and Large-Scale Identification of Phytopathogenic Fungi Using MALDI-TOF MS. *Olivier Coste, Almudena Escobar Niño, Julia Gallego Villanueva, Inmaculada Larena, Francisco Javier Fernández Acero.*

P.21. Detección del Repilo del Olivo y efecto del marco de plantación y de la variedad sobre su incidencia en Mallorca. *Gaspar Coll Rigo, Diego Olmo García, Jaime Jaume Sureda, Antonio Trapero Casas.*

P.22. Identificación y caracterización de especies de *Diaporthe* aisladas en campos de avellanos. *Tshering Yangzom, Anna Aymamí, Aina Llorca, Jordi Sordé, Verònica Casadó, Jordi Roig, Carlos Solano, Joan Masmiquel, Josep Armengol, Maela León.*

P.23. Especies de *Aspergillus* asociadas a chancros de la madera en uva de mesa.

Adnan Ali, Maela León, Mónica Berbegal, Josep Armengol.

P.24. Estrategias de saneamiento para la conservación de variedades locales de almendro infectadas por *Xylella fastidiosa*. *Llorenç Tortella Alomar, Jeroni Pou Feliu, Biel Pisà Ferrer, Alicia Nieto López, Ana Pedrosa Gálvez, Diego Olmo García, M. Carme Garau Taberner.*

P.25. Detección de podredumbre apical en cebolla mediante análisis digital de imagen e inteligencia artificial. *Laura Gálvez, Moisés de León, Natalia Rodríguez, Ester Mejías, Alexia Sarro, Lorena Parra.*

P.26. Evaluation of resistance and tolerance to ToBRFV in seven 'Pera Gordo' tomato hybrids. *Esmeralda Sanahuja-Edo, Irene Máñez Castelló, Ana Alfaro Fernández, José Manuel Estévez, Rosa Peiró, Luis Rubio, María Isabel Font San Ambrosio.*

P.27. Primeras evidencias sanitarias en un cultivo emergente: diagnóstico presuntivo de enfermedades en pistachos de San Juan, Argentina. *Silvina E. Pastor, Hector G. Heredia, Emiliano Quinteros.*

P.28. VIS-NIR/SWIR Hyperspectral imaging Fusion for Postharvest Early Disease Detection in Apples. *Íker García, Carla Casals, Jordi Gené, Javier Ruiz-Hidalgo, Eduard Gregorio, Neus Teixidó, Orly Enrique Apolo-Apolo, Josep Usall.*

P.29. XfCapture: una nueva herramienta bioinformática para el diagnóstico y la caracterización genética de *Xylella fastidiosa* en plantas e insectos mediante enriquecimiento dirigido de secuencias. *Luis F. Arias-Giraldo, Blanca B Landa.*

P.30. Caracterización molecular y diversidad genética poblacional de *Fusarium* asociadas al amarillamiento del garbanzo en Argentina. *Bruno Daniel Pugliese, Patricia Rodriguez Pardina, Hector Heredia, Silvina E. Pastor.*

P.31. Análisis fitosanitario de árboles monumentales en la provincia de Pontevedra. *Noelia Regueira Paz, Cristina Rial Martínez, Rosa Pérez Otero, Pilar Piñón Esteban, Adela Abelleira Argibay, Gaspar Bernárdez Villegas, Pilar Vela Fernández.*

P.32. Evaluación de bioplástico biodegradable con actividad antimicrobiana y potencial bioestimulante para mejorar el establecimiento de especies forestales. *Liszeth Ojeda, Jaya Baranwal, Lorena Miguel del Pozo, Sandra Mosquera, Danila Merino, Jonatan Niño-Sánchez.*

P.33. Coexistencia de flavescencia dorada y virus asociados a la vid en Galicia. *Noelia Regueira Paz, Pilar Piñón Esteban, Adela Abelleira Argibay, Rosa Pérez Otero, Pilar Vela Fernández.*

P.34. Detección indirecta de *Ceratocystis* sp. y *Dematophora* spp. en cacao (*Theobroma cacao* L.) mediante espectroscopía de reflectancia e inteligencia artificial. *Lady Diana*

Arias Colmenares, Adriana Gonzales Almario, Fabricio Eulalio Leite Carvalho, Joaquín Guillermo Ramírez Gil.

P.35. Identificación de signos para un diagnóstico precoz de infección por *Phytophthora cinnamomi* en plantones de alcornoque. *Zahira Gómez-Almirón, Belén Mendoza-Chamizo, Enrique Cardillo Amo.*

P.36. Fichas de Prospección Fitosanitaria: herramientas para la vigilancia de *Bemisia tabaci* y begomovirus. *Elvira Fiallo-Olivé, Jesús Navas-Castillo, Thierry Candresse, Stephan Winter, Efterpi Adamou, Sybren Vos, Agnès Rortais.*

P.133. Diseño in silico de sistemas RT-qPCR multiplex para detección de PMWaVs en piña tropical. *Paola Díaz Pérez, Ana Isabel Espino de Paz, Moisés Botella Guillén, Ana Rodríguez Pérez, Felipe Siverio de la Rosa, Leandro de León Guerra.*

P.136. Detección y diagnóstico del complejo (PMWaV-1, -2 y -3) en la preselección de material vegetal de piña tropical "Roja Española" en la isla de El Hierro. *Ana Isabel Espino de Paz, Cecilia Otazo Gonzalez, Moisés Botella Guillén, Dara Viruega, Marcos Ruíz, Andrés Bermudo Trujillo.*

ÁREA: EPIDEMIOLOGÍA

P.37. Producción, liberación y patogenicidad del inóculo de *Alternaria* spp. en plantaciones de manzano. *Zohra El Khattabi, Concepció Moragrega, Isidre Llorente.*

P.39. Susceptibilidad de cultivares de higo a *Aspergillus flavus* y riesgo de micotoxinas en lotes comerciales. *Zakaria Janfi, Ángeles Romero-Martín, Diego Cabello, Ana Gordon, María Teresa García López, Juan Moral.*

P.40. qPRAentry: A comprehensive R package for quantifying the risk of plant pest entry. *Maria Chiara Rosace, Antonio Vicent, Matteo Crotta, Ewelina Czwienczek, David Makowski, Vittorio Rossi, Martina Cendoya.*

P.41. Potential transmission of tomato brown rugose fruit virus (ToBRFV) by secondary pests and biocontrol agents. *Jaime Jiménez, María Plaza, Mariana Lucia Rojas, Alberto Fereres, Aranzazu Moreno.*

P.42. Dinámica estacional de *Xylella fastidiosa* en variedades de almendro tradicionales de Baleares. *Silvia Barbé, Félix Morán, Miriam Simó-Esquivel, Luis F. Arias-Giraldo, Inmaculada Navarro-Herrero, Adela Monterde, Alicia Nieto, Francesc Adrover, Diego Olmo, Ester Marco-Noales.*

P.43. Linking virome composition to genetic structure of *Aphis gossypii* populations across cucurbit agroecosystems. *Marta Campillo Lizán, Mónica A. Hurtado Ruiz, Miguel Juárez Gómez, Inmaculada Ferriol Safont, Celia de Moya Ruiz, Pedro Gómez López.*

P.44. Nuevas especies de *Rosenbergiella* y *Agrococcus* asociadas a plantas de girasol. *Silvia Barbé, Miriam Simó-Esquivel, Adela Monterde, Inmaculada Navarro-Herrero, Luis F. Arias-Giraldo, Carlos Sellés Ribera, Ester Marco-Noales.*

P.45. Detección temprana de la infección por *Xylella fastidiosa* mediante sensores proximales: identificación de una respuesta fisiológica común en olivo, almendro y vid. *Miguel Román-Écija, Rocío Calderón Madrid, José Luis Trapero-Casas, Guillermo León-Ropero, Fatima Zohra Benhalima, Juan Carlos Rivas-Romero, Concepción Olivares-García, Blanca B. Landa, Juan Antonio Navas-Cortés.*

P.46. ToFBV y PeVYV: evidencia de transmisión por semilla y localización de viriones en tejido seminal. *Violeta Martínez Bernal, Álvaro Gutiérrez Erizo, Ana Alfaro Fernández, Esmeralda Sanahuja Edo, María Isabel Font San Ambrosio.*

ÁREA: GESTIÓN DE ENFERMEDADES

P.47. Interacción *Penicillium rubens* cepa 212 (PO212)-raíces de tomate: una aproximación transcriptómica. *Elena Requena Galindo, María Ruíz Navarro, María Inmaculada Larena Nistal.*

P.48. Actividad antifúngica *in vitro* de compuestos fenólicos contra hongos causantes de enfermedades de poscosecha de fruta de hueso. *Gianmarco Amorico, Rodrigo Rojas Carmona, Paloma Quintanilla, María Bernardita Pérez-Gago, María Teresa Cháfer Nácher, Amparo Chiralt, Lluís Palou.*

P.49. Eficacia de una formulación de un desinfectante a base de extractos vegetales y enzimas en el control de enfermedades fúngicas de producción y postcosecha. *Gemma Roselló, Laura Montesinos, Pau Miralles, Torben Jahrmann, Anna Bonaterra, Emilio Montesinos.*

P.50. Estrategias de manejo químico para el control de *Pyrenophora teres* f. *teres* en cebada. *Malena Alemany, Matias Van den Dorpel, María Palladino.*

P.51. Evaluación de PO212 para el control de *Fusarium oxysporum* f. sp. *lactucae* aplicado en campo. *Maria del Mar Guerrero Díaz, Carmen Maria Lacasa Plasencia, Sandra Alcázar Carrasco, Ana Veronica Martinez Izquierdo, Angel Campillo Pastor, Belén GUIJARRO, Yolanda Herranz, Paloma Melgarejo, Inmaculada Larena.*

P.52. Desinfección de suelo enarenado con isotiocianato de alilo y solarización para cultivo de pimiento de invernadero. *José Ignacio Marín Guirao, Felipe Peiró Peiró, David Arrescurrenaga, Miguel Talavera Rubia, Miguel de Cara García.*

P.53. Rotación y biodesinfección con *Crotalaria* y *Sorghum* para el control de poblaciones de *Fusarium* en suelo de invernadero. *José Ignacio Marín Guirao, Mariló Vela Delgado, Felipe Peiró Peiró, David Arrescurrenaga, Miguel Talavera Rubia, Miguel de Cara García.*

P.54. Inheritance of ZYMV resistance in *Cucurbita*: evidence from a backcross population. *Cristina Esteras, Miguel Leiva-Brondo, Candela González del Rio, Alicia Sifres, Carmelo López.*

P.55. Evaluación de Timol, Carvacrol y Eugenol contra hongos causantes de enfermedades de la madera de la vid. *Cristina Pinedo Rivilla, Yesli E. García, Inmaculada Izquierdo Bueno-Reina.*

P.56. Integrated Prevention and Biocontrol Solutions for most devastating *Citrus* Pests (CITRUSBUSTERS). *Genoveva Arques Verdú, Julián Calleja Cabrera, Ibai Lenitz Etxaburu, Rodrigo Rocha Latado, Valdenice Moreira Novelli, Letícia Maria Ferreira.*

P.57. Eficacia de la solarización con isotiocianato de alilo para cultivo enarenado de tomate. *Jose Ignacio Marín-Guirao, David Arrescurrenaga, Felipe Peiró Peiró, Miguel Talavera*

Rubia, Miguel de Cara.

P.58. Comparación del control de hongos edáficos mediante solarización en suelo de invernadero enarenado y no enarenado. *Jose Ignacio Marín-Guirao, David Arrescurrenaga, Felipe Peiró Peiró, Miguel de Cara.*

P.59. Desarrollo de una plataforma de RNAi escalable para el control específico de *Meloidogyne incognita*: desde la selección génica hasta la producción a escala piloto. *Julián Calleja Cabrera, Teresa Lull Bueno, Ana Torrejón Cabello.*

P.60. Péptidos y peptaiboles derivados de Trichogina GA IV como agentes antimicrobianos frente a *Xylella fastidiosa*. *Sergi Llanet Ferrer, Jordi Lamata, Beatriz Gascón, Mireia Serrat, Emilio Montesinos, Marta Planas, Lidia Feliu, Anna Bonaterra.*

P.61. Control de hongos causantes de enfermedades en la vid mediante radiación ultravioleta. *Beatriz Gascón, Xavier Bordes, Daniel García, Joan Esteve, Emilio Montesinos.*

P.62. Eficiente transmisión mecánica en campo del *Potyvirus* Morrocan watermelon mosaic virus. *Israel Guerrero-Cózar, Gustavo Cebrián, Pedro Gómez, Dirk Janssen, Carmen García, Leticia Ruiz.*

P.63. ARNi y control químico: una aproximación sinérgica frente a la multirresistencia en *Botrytis cinerea*. *Alba López-Laguna, Virginia Mota-Maldonado, Yandira Morales, Alejandro Pérez-García, Dolores Fernández-Ortuño.*

P.64. Fortalecimiento de la cooperación científica en el sector agroalimentario transfronterizo España-Portugal a través del proyecto ATIDRAI_AGRO. *Jaime Cubero, Antonieta De cal, Belén Guijarro, Inmaculada Larena, Carmen López, Cristina Redondo, Pilar Sandín-España, Salvador Sastre, Susana Pascual.*

P.65. Susceptibilidad de variedades de olivo cultivadas en Girona a *Colletotrichum* spp. *Jesús Francés, Simón Casanovas, M. Ángeles Casanovas, Adrià Pico, Emilio Montesinos, Anna Bonaterra.*

P.66. Bacterias de suelo agrícola y compost con potencial para el biocontrol de hongos fitopatógenos. *Belén Álvarez, Beatriz Meza-Manzaneque, Jessica González, Sergio Díez-Pascual, Carolina Mancho, Mar Gil-Díaz, M. Carmen Lobo.*

P.67. Host Plant Switching and Viral Infections Reshape the Microbiome of the Aphid Vector *Aphis gossypii*. *Celia De Moya Ruiz, Inmaculada Ferriol Safont, Miguel Juárez, Mónica Hurtado-Ruiz, Pedro Gómez López.*

P.68. Primer cóctel europeo de bacteriófagos líticos de *Xanthomonas euvesicatoria* pv. *euvesicatoria* eficaz en pimiento. *Elena G. Biosca, Isabel Salas-Lastres, José F. Català-Senent, Félix Morán, Ana Palacio-Bielsa, Belén Álvarez.*

P.69. CHAMP-UV: evaluación de radiación UV-B para el control de enfermedades fúngicas en el cultivo de champiñón (*Agaricus bisporus*) y apoyo diagnóstico mediante MALDI-TOF. *Maria Luisa Tello Martin, Esther Uribe-Echeverría, Emilio Rascón Pérez, Margarita María Pérez Clavijo, Carmen Olarte, RAQUEL Hidalgo-Sanz, RAFAEL TOMAS Lasheras, Encarnación Nuñez, JAVIER Martínez-Abaigar, Francisco Flor.*

P.70. Control of *Glomerella* Leaf Spot Caused by *Colletotrichum chrysophilum*. *Carla Sánchez, Borja Aramburu, Erick Zúñiga, Aina Baró, Jordi Luque, Jordi Cabrefiga.*

P.71. Evaluación de materias activas para el control de *Cladobotryum mycophilum* en cultivo de champiñón (*Agaricus bisporus*) en el proyecto LESSPIDEMIC. *Margarita Pérez Clavijo, Mª Luisa Tello Martín, Emilio Rascón Pérez.*

P.72. Actividad antifúngica *in vitro* de fracciones líquidas obtenidas mediante licuefacción y carbonización hidrotermal de residuos agroindustriales. *Paula Serrano-Pérez, Aitor Barbero-López, Bryan Chiguano-Tapia, Elena Díaz, Antii Haapala, Ángel Fernández Mohedano, Jaime Carrasco, Mikel Cebadero, María del Carmen Rodríguez-Molina.*

P.73. Evaluación de crucíferas biofumigantes para el control de patógenos del suelo en condiciones de cultivo de Extremadura. Aplicación a la fusariosis vascular del tabaco. *María del Carmen Rodríguez-Molina, Esther Verdejo, Mikel Cebadero, Ana De Santiago Roldán, Paula Serrano-Pérez.*

P.74. Los hongos endófitos nativos proporcionan un biocontrol eficaz contra *Phytophthora plurivora* asociada al declive del aliso en el norte de España. *Genevieve Kuyanyim Adeyiga, Alba Diez-Galán, Eduardo Pastor-Durantez, Raquel Del Campo Calvo, Beatriz Cuenca-Valera, José Carlos Bueno Gómez, Julio Javier Diez.*

P.75. Evaluación de la termoterapia para el control de *Phytophthora cinnamomi* en semillas de aguacate. *Leandro de León Guerra, Dara Viruega Herrera, Ana Rodríguez Pérez, Felipe Siverio de la Rosa.*

P.76. Alternativas a la desinfestación química de suelos en fresa en la provincia de Huelva. *Berta De los Santos, Juan Jesús Medina, José Antonio Gómez-Mora, Miguel Talavera, Francisco Mora, David Ruano, Luis Miranda.*

P.77. Análisis del efecto de fungicidas en el control de *Macrophomina phaseolina* en fresa. *Berta De los Santos, Juan Jesús Medina, José Antonio Gómez-Mora, Luis Miranda, David Ruano.*

P.78. Estrategias sostenibles contra la estemfiliosis del peral mediante biosoluciones y modelos de riesgo. *Rubén Rufo, Erick Zúñiga, Óscar Crespo, Jordi Cabrefiga.*

P.79. Nanoparticle-assisted delivery of ToBRFV coat protein dsRNA enhances uptake, siRNA production, and protection against tomato brown rugose fruit virus in pepper.

Josemaría Delgado Martín, Luis Galipienso Torregrosa, Modesto del Pino Pérez, Leonardo Velasco Arjona, Luis Rubio Miguélez, Reza Almasi.

P.80. Caracterización de portainjertos de vid frente a *Dactylonectria torresensis*. *Javier Alvarado Llerena, Andrea Villalba, Josep Armengol, Mónica Berbegal.*

P.81. Evaluación de biosoluciones e inductores de las defensas para el control integrado de *Erwinia amylovora* en frutales de pepita. *Aina Baró, Rubén Rufo, Sara Tianna DuPont, Jordi Cabrefiga.*

P.82. Evaluación de *Bacillus* spp. para el control de la Fusariosis vascular en tomate. *Manuel Ruiz-Platón, Josep Armengol, José Juan Mateo, Mónica Berbegal.*

P.83. Evaluación de productos fitosanitarios autorizados frente a *Botryosphaeriaceae* del aguacate en condiciones controladas. *David Hernández Hernández, Elena Trujillo Martín, Santiago Perera González, Felipe Siverio de la Rosa.*

P.84. Influencia de factores de manejo y conservación sobre la podredumbre apical del bulbo de la cebolla durante el almacenamiento. *Laura Gálvez Patón, Moisés de León, Iván Herránz, Esther Hernández-Montes, José Carlos Martínez-Ávila.*

P.85. Efecto de temperaturas extremas sobre la supervivencia, el crecimiento y la capacidad de recuperación de *Xylella fastidiosa*. *Miguel Román-Écija, Concepción Olivares-García, Juan Antonio Navas-Cortés, Blanca B. Landa.*

P.86. Pullulan edible films as carriers of biocontrol agents for postharvest disease management in fruit. *Guillem Cuenca, Neus Teixidó, Carla Casals, Cristina Solsona, Cèlia Sánchez, Marcela Miranda.*

P.87. *Fusarium oxysporum* vs. *Verticillium dahliae*: control de la verticilosis en tomate con endófitos fúngicos. *José María Díaz Mínguez, Luis Fernández Martínez, José María García Fernández, Ernesto Pérez Benito, Virginia Casado del Castillo.*

P.88. Caracterización morfofisiológica de *Clonostachys* spp. y evaluación *in vitro* de su potencial para el biocontrol de patógenos de vid y nogal. *Yuramis Quesada Mola, Raúl Andrés Cordero Fuentes, Tamara Andrea Villagrán Vega, Valentina Paz Salgado Roa, Fernanda Beatriz Núñez Abarca, Paulina Lorena González Sepúlveda, Mauricio Alberto Lolas Caneo.*

P.89. Variedades resistentes y agentes preventivos de la transmisión mecánica para la gestión de ToBRFV. *Ana Alfaro Fernández, Daniel Andrés Clavijo, Eldina Gresia, Ahmed Adamson, Julio Esteso Couque, Silvia Martín Vizcaino, Violeta Martínez Bernal, Esmeralda Sanahuja Edo, Martín Hernández, María Isabel Font San Ambrosio.*

P.90. Eficacia *in vitro* de productos con y sin cobre en el control de *Pantoea agglomerans*. *Antonio Vicente Sanz Ros, José Martínez Olmedo, David Montes, Miriam López, Raquel*

Valdés Illán, Pedro Antonio Palazón Monreal.

ÁREA: INTERACCIÓN PLANTA-PATÓGENO

P.91. Efecto de las olas de calor sobre la expresión *in vivo* de genes de *Monilinia* spp. implicados en el proceso de infección en nectarinas. *Laura Guerra Fernández de Velasco, Belén Guijarro Díaz-Otero, Antonieta De Cal y Cortina, María Villarino Pérez.*

P.92. Identificación de QTL basados en haplotipos asociados a la resistencia a la podredumbre seca en patata mediante PotatoMASH. *Carmen Iribar Zubiaur, Leire Barandalla Urtiaga, María de la O Leyva-Pérez, Lea Vexler, Amaia Ortiz-Barredo, Dan Milbourne, Enrique Ritter, José Ignacio Ruiz de Galarreta.*

P.93. ¿Extractos de residuos de infusiones de té para proteger a plantas frente a *Pseudomonas*? *María Luz Centeno Martín, Carlota Cerezo Antón, Ariadna González, Asier Largo Gosens.*

P.94. Evaluación de la respuesta de portainjertos de *Prunus* spp. frente a inoculaciones simples y combinadas de *Pratylenchus vulnus* y *Phytophthora niederhauserii*. *Carmen Luque Cruz, Carlos Agustí Brisach, María Carmen Saigner Cruz, María Córdoba Sánchez, Juan Emilio Palomares Rius.*

P.95. Dispersión de patógenos foliares del olivo bajo lluvia simulada. *Francisco Abel Guerrero-Páez, Rafael Campos-Figueras, Cristina Estudillo, María Isabel Márquez-Pérez, Purificación Alcázar, Esteban Meca, Juan Moral.*

P.96. *Bacillus velezensis* y *Myrothecium inundatum* como agentes de biocontrol frente a la antracnosis del olivo. *Luiza Sánchez-Pereira, Begoña I. Antón-Domínguez, Antonio Trapero, Carlos Agustí-Brisach.*

P.97. Análisis multiómico temporal de una interacción planta–oídio. *Alejandro Jiménez-Sánchez, Dolores Fernández-Ortuño, Victoria Pastor, Álvaro Polonio, Alejandro Pérez-García.*

P.98. Differential expression of volatilome-related genes in melon during ToLCNDV infection. *Alicia Sifres, Edurne Casas, Cristina Esteras, carmen Grech, José María Bellés, Vicente Pallás, Carmelo López.*

P.99. Resistance of *Tobamovirus fructirugosum* to nonsense-mediated decay. *J. Daniel Guillén-Martínez, Miguel A. Aranda, Verónica Truniger.*

P.100. Regulación de redes NLR y fuerte inducción de un gen asociado a defensa en la interacción *Pinus–Fusarium circinatum*. *Laura Hernandez-Escribano, David Fariña-Flores, María Teresa Morales Clemente, Lee Robertson, Rosa Raposo.*

P.101. Regulación diferencial de efectores en *Monilinia* spp. durante el desarrollo de la podredumbre parda. *Anselmo López Sánchez-Ortiz, Núria Vall-llaura Espinosa, Iolanda Nicolau-Lapeña, Rosario Torres Sanchis.*

P.102. La cuasiespecie funcional de HSVd revela una elevada diversidad de secuencia bajo fuertes restricciones estructurales. *Miguel Ruiz Ibáñez, Marta Núñez Salvador, Gustavo Gómez.*

P.103. La percepción de intermediarios metabólicos controla la virulencia de *Pseudomonas syringae* pv. *tomato* en tomate. *Saray Santamaría-Hernando, Jean-Paul Cerna-Vargas, Marina Pérez-Lozano, Sandra Nebreda, Leydi Sevillano-Bonilla, Elizabet Monteagudo-Cascales, Gema López-Torrejón, Tino Krell, José Juan Rodríguez-Herva, Emilia López-Solanilla.*

P.104. Estudio del metabolismo secundario del hongo fitopatógeno *Seimatosporium vitis-vinifera* mediante la técnica OSMAC. *Josefina Aleu Casatejada, Jorge Roca Virués de Segovia, Eliane Oliveira Silva, Cristina Pinedo Rivilla.*

P.105. Advancing melon resistance to ToLCNDV using CRISPR/Cas technologies. *Arcadio García Pérez, Alicia Sifres Cuerda, Raúl Hernández-Torrico, Begoña García-Sogo, Ana María Pérez de Castro, Benito Pineda Chaza, Vicente Moreno Ferrero, José-Antonio Daròs Arnau, Belén Picó Sirvent, Carmelo López del Rincón.*

P.107. Preservación de *Debaryomyces hansenii* para su aplicación como agente de biocontrol postcosecha. *Helena Chacón Navarrete, Francisco Javier Ruiz Castilla, José Ramos.*

P.108. Interacciones planta-nemátodo en sustratos litológicos contrastados en bosques mediterráneos. *Víctor Lechuga Ordóñez, José Antonio Carreira de la Fuente, Benjamín Viñegla Pérez, Ana Rey Simó, Juan Carlos Linares Calderón, Gracia Liébanas Torres, Carolina Cantalapiedra Navarrete, Pablo Castillo Castillo, Antonio Archidona Yuste.*

P.109. Hongos endófitos como potenciales agentes de control biológico frente a la enfermedad causada por *Fusarium* en césped. *Victoria Huertas, Carmen Palázon, Melanie Gomez, Milagrosa Santos, Fernando Diánez.*

P.110. Raíces saturadas de virus: dinámica de la invasión de aislados suaves vs severos de TuMV. *Silvia Ambrós, Santiago F Elena.*

P.111. Piel de plata de café contra la fusariosis vascular del banano. *Carmen Gómez-Lama Cabanás, Eva Sánchez-Hernández, Antonio Valverde-Corredor, Carlos Casanova-Muñoz, Jesús Martín-Gil, Pablo Martín-Ramos.*

P.112. Extractos de *Isatis tinctoria* contra *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* TR4. *Carmen Gómez-Lama Cabanás, Eva Sánchez-Hernández, Antonio Valverde-Corredor, Carlos Casanova-Muñoz, José Antonio Cuchí-Oterino, Jesús Martín-Gil, Pablo Martín-Ramos.*

P.113. De las aguas residuales al campo: actividad antifúngica de extractos de biomasa microalgal frente a *Fusarium oxysporum* f. sp. *capsici* y *Phytophthora capsici* en plantas de pimiento. *Carmen Palazón, Victoria Huertas, Melanie D. Gómez-Herrera, J.A Perales Vargas-Machuca, Mila Santos.*

P.114. Integración de la biodiversidad microbiana, nematodos fitoparásitos y metabolómica para caracterizar la salud del suelo en agroecosistemas abandonados de zonas semiáridas. *Inmaculada Criado-Navarro, Ana García-Velázquez, Rosana Salazar-García, Guillermo León-Ropero, Jorge Martín-Barbarroja, Carlos Augusto Ledesma-Escobar, Feliciano Priego-Capote, Pablo Castillo, Antonio Archidona-Yuste.*

P.115. Molecular characterization of aphid-associated insect viruses from *Aphis gossypii* populations in Spain. *Matteo Miglioli, Marta Campillo, Celia de Moya-Ruiz, Pedro Gómez, Inmaculada Ferriol.*

P.116. Respuesta de portainjertos de vid a *Armillaria mellea* bajo déficit hídrico. *Emilia Diaz Losada, Maria Dolores Loureiro Rodríguez, Igor Morgado Vieira, Rebeca Bujanda, Óscar López, David Gramaje.*

P.117. Variantes naturales de *Botrytis cinerea* revelan reguladores clave de la patogenicidad. *Ernesto Pérez Benito, Alessandro Gabrielli García, Vlad Paul Mihaila Novac, Paula Iriondo Ocampo, José María García Fernández, José María Díaz Mínguez, Virginia Casado del Castillo.*

P.118. Estrategias metabólicas de resiliencia en *Geotrichum candidum* frente a los fungicidas y el calentamiento global: papel de la respiración mitocondrial. *Berta González-Llorens, Núria Vall-llaura, Igor Flórez-Sarasa, Rosario Torres, Carla Casals.*

P.119. FoG4MAT regula el desarrollo asexual y la homeostasis celular en *Fusarium oxysporum*. *Paula Iriondo Ocampo, Virginia Casado del Castillo, Vlad Paul Mihaila Novac, Alessandro Gabrielli García, Ernesto Pérez Benito, José María Díaz Mínguez.*

P.120. Evaluación de susceptibilidad en mazorcas de maíz a *Fusarium graminearum* mediante inoculación artificial. *Rubén Rufo, Ares Mingot, Óscar Crespo, Erick Zúñiga, Teresa Font, Joan Serra.*

P.121. Induction of systemic resistance to tomato brown rugose fruit virus (ToBRFV) in tomato by foliar application of a fungal culture. *Marta Maria Barone, Paloma Mancebo, Jessica Paola Calderón, Esmeralda Sanahuja Edo, Ana Alfaro Fernández, María Isabel Font San Ambrosio, Rosa Peiró, Slavica Matic, Salvatore Davino, Luis Rubio.*

P.122. Identificación de determinantes genéticos de TSWV asociados a la superación de la resistencia en pimiento. *Guillermo Ipiens Jiménez, Karelia Velazquez Caballero, Carmelo*

López del Rincón, Jesús Sánchez Navarro, Luis Rubio Miguélez.

P.123. Influencia de tratamientos con consorcios bacterianos de biocontrol en el cultivo de la fresa. *María Camacho, David Ruano, Juan Jesus Medina, Jose Antonio Gomez-Mora, Luis Miranda, Berta de los Santos.*

P.124. Detección temprana de *Xylella fastidiosa* en cultivos leñosos mediante plataforma de fenotipado hiperespectral. *Valle Egea-Cobrero, Rocío Calderón, José A. Jiménez-Berni, Miguel Román-Écija, Pablo J. Zarco-Tejada, Guillermo León-Ropero, Juan A. Navas-Cortés, Blanca B. Landa.*

P.125. Análisis de la capacidad inductora de necrosis de la proteína P0 de *Pepper vein yellows virus 5* (PeVYV-5). *Miryam Pérez-Cañamás, Irene Romero, Carmen Hernández.*

P.126. Evaluación de nuevas posiciones genómicas para la inserción de secuencias heterólogas en un polerovirus. *Ana García-Gosp, Miryam Pérez-Cañamás, Carmen Hernández.*

P.127. Identificación de especies de *Diaporthe* en almendros de California: estudio comparativo con *D. amygdali*. *Carolina Francia, Maela León, Mónica Berbegal, Themis J. Michailides, Josep Armengol.*

P.128. ¿Pueden proteger los extractos de ortiga frente a estreses bióticos? *Carlota Cerezo Antón, María Luz Centeno Martín, Asier Largo Gosens.*

P.129. *BcShy1* contribuye a la virulencia de *Botrytis cinerea* mediante la degradación del ácido salicílico. *Antonia Donaire Guerra, Gustavo Hoppe, Paulo Canessa, Ariel Hererra.*

P.130. Efecto del estado fenológico sobre la severidad de pudriciones de fruto causadas por especies de *Phytophthora* en manzano 'Rosy Glow' bajo condiciones controladas. *Rosario Domínguez-Larrinaga, Esteban Osores, Cristian Muñoz, Mauricio A. Lolas.*

P.131. Tolerancia diferencial a salinidad y temperatura en aislados fúngicos con potencial biotecnológico. *Mila Santos, Victoria Huertas, Fernando Diánez, Carmen Palazón, Melanie D. Gómez-Herrera.*

P.132. Inoculación fúngica como estrategia de mitigación del estrés salino en plántulas de tomate (*Solanum lycopersicum* L.). *Fernando Diánez, Victoria Huertas, Melanie D. Gómez-Herrera, Carmen Palazón, Mila Santos.*

P.134. Influencia de la variedad en la detección de virus de vid. *Carlos-Ventura Padilla Martínez, Marta Rabadán Mínguez, Eliseo Salmerón Gómez, Montserrat Moreno Verdú, Antonio Franco Otalora, Noelia Vallejos Serrano.*

P.135. Resistencia varietal frente a la fusariosis vascular de la lechuga en condiciones comerciales. *Moisés De León, Daniel Palmero, Laura Gálvez.*

Índice

239 comunicaciones - Los números remiten a los folios de este libro

Resúmenes ponencias invitadas (I.01–I.10) 41
Comunicaciones de las sesiones plenarias (OP.01–OP.26) 52
Sesión Plenaria I: Avances en prevención y control sostenible de enfermedades vegetales (OP.01–OP.08) 53
Sesión Plenaria III: Detección y Epidemiología: Nuevas herramientas para la detección, vigilancia y evaluación del riesgo fitosanitario (OP.09–OP.16) 61
Sesión Plenaria V: Interacción Planta Patógeno (OP.17–OP.26) 69
Comunicaciones orales (O.01–O.71) 79
Sesión Simultánea 1A: Gestión de Enfermedades: Hongos y Oomicetos (O.01–O.06) 80
Sesión Simultánea 1B: Detección y Diagnóstico: Hongos y Virus (O.07–O.12) 86
Sesión Simultánea 1C: Interacción Planta-Patógeno: Hongos y Oomicetos (O.13–O.18) 92
Sesión Simultánea 2A: Gestión de Enfermedades (O.19–O.24) 98
Sesión Simultánea 2B: Detección y Diagnóstico + Gestión de Enfermedades (O.25–O.30) 104
Sesión Simultánea 2C: Interacción Planta-Patógeno: Virus (O.31–O.36) 110
Sesión Simultánea 3A: Detección, Diagnóstico y Epidemiología de *Xylella fastidiosa* (O.37–O.42) 116
Sesión Simultánea 3B: Interacción Planta-Patógeno: Virus (O.43–O.48) 122
Sesión Simultánea 3C: Epidemiología de enfermedades causadas hongos (O.49–O.54) 128
Sesión Simultánea 4A: Interacción Planta-Patógeno: Hongos y Bacterias (O.55–O.60) 134
Sesión Simultánea 4B: Gestión de Enfermedades (O.61–O.66) 140
Sesión Simultánea 4C: Interacción Planta-Patógeno: Hongos/Microbiota (O.67–O.71) 146
Comunicaciones póster (P.01–P.136) 150
Área: Detección y Diagnóstico (P.01–P.136) 151
Área: Epidemiología (P.37–P.46) 188
Área: Gestión de Enfermedades (P.47–P.90) 197
Área: Interacción Planta-Patógeno (P.91–P.135) 241

Resúmenes ponencias invitadas

10 resúmenes ponencias invitadas - I.01–I.10

I.01: Basic substances as sustainable tool for pre and postharvest disease management

Gianfranco Romanazzi

Department of Agricultural, Food and Environmental Sciences, Marche Polytechnic University, Ancona, Italy

Tipo Comunicación: PONENCIA INVITADA

Palabras Clave: Basic substances; plant protection; downy mildew; powdery mildew; postharvest decay; gray mold

Resumen: Crops can be affected by a list of pathogens and pests, that can compromise the production and requires a list of phytosanitary applications. There is a general trend toward an increased sustainability of crop protection, with a number of synthetic pesticides that were effective but had some environmental concern, therefore their application from the companies was not renewed and/or were banned. Development of a new synthetic pesticide require around 300 million euros and up to 13 years, so there is a trend toward more sustainable solutions, even cheaper and available in a shorter time. Legislation is progressing toward a fast track for biocontrol solutions, and among the categories of compounds, basic substances are the ones that can be approved in the shortest time (1-2 years) and with lower cost (around 50,000 euros). Basic substances are used as foodstuff or in medicine, so we do not need to demonstrate their safety, and have a secondary activity in crop protection. Currently we have 28 basic substances registered for use, and more than half are registered to be applied targeting grapevine pests and/or pathogens. Among grapevine diseases, downy and powdery mildews occur almost every year, and if not managed, or even with a good management but with particularly favourable conditions, can induce severe loss of quality and quantity of production. In our trials, we tested over a couple of consecutive years all basic substances approved for use on grapevine, toward grapevine downy and powdery mildews. Chitosan was one of the compounds with the highest effectiveness toward downy mildew, but a surprising effect was also observed with sodium chloride, both of them with an effectiveness similar to copper. For the management of powdery mildew, whey and milk, together with chitosan, provided a good disease control, often comparable with the sulfur. Most of our trials were obtained in plots and spraying a volume of 1000 l/ha weekly from mid May to end July. It will be interesting to move to field trials with tools, volumes and timing of commercial wineries. As well, basic substances proved to be effective toward a list of postharvest decay of fresh fruit, including gray mold, that is the most important postharvest disease. Treatments targeting gray mold can be applied in the field or after harvest. A list of basic substances resulted effective toward gray mold, and chitosan was one of the most widely applied at research scale. Moving to the large scale trials is a challenge also in this field.

Financiado por PRIMA StopMedWaste, MASAF ValorBio, COST FoodWaStop.

I.02: Micovirus como moduladores de virulencia en hongos: de la investigación fundamental a nuevas estrategias de control biológico

Julián Méndez-García[1], Javier Pardo-Medina[1], Ana Ruiz-Padilla[1], Verónica López-Alejandre[1], Julio Rodríguez-Romero[1,2], María Angeles Ayllón Talavera[1,2]

[1] *Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas, Universidad Politécnica de Madrid (UPM)-INIA/CSIC, Madrid*

[2] *Escuela Técnica Superior de Ingeniería Agronómica, Alimentaria y de Biosistemas, Universidad Politécnica de Madrid (UPM), Madrid*

Tipo Comunicación: PONENCIA INVITADA

Palabras Clave: *Botrytis cinerea*; micoviroma; micovirus; biocontrol; hipovirulencia; transcriptómica

Resumen: *Botrytis cinerea*, agente causal de la podredumbre gris, está considerado uno de los hongos fitopatógenos más importantes a nivel mundial debido a las elevadas pérdidas económicas que ocasiona en más de 200 cultivos, tanto en campo como en postcosecha. La aparición progresiva de cepas resistentes a fungicidas químicos ha impulsado el interés por el estudio de los micovirus (virus que infectan hongos) como potenciales agentes de control biológico, ya que algunos de ellos son capaces de inducir hipovirulencia en sus huéspedes. En primer lugar, caracterizamos el micoviroma de una amplia colección de aislados de campo de *B. cinerea*, identificando micovirus previamente no descritos en hongos. Además, determinamos que todos los aislados analizados estaban coinfectados por múltiples micovirus. Mediante diferentes estrategias de curado viral, obtuvimos una cepa hipovirulenta coinfectada con dos micovirus de RNA de sentido positivo. La transmisión de ambos micovirus a una cepa control libre de virus confirmó que la hipovirulencia estaba asociada a su presencia. Empleando distintas plantas huésped, demostramos que la cepa hipovirulenta producía lesiones foliares aproximadamente un 80 % menores, en promedio, que las causadas por la cepa control libre de micovirus. La caracterización fenotípica reveló una reducción de la tasa de crecimiento y de la producción de esporas asexuales, alteraciones en la pigmentación y en el patrón de crecimiento, así como un aumento de la susceptibilidad frente a diferentes condiciones de estrés. Finalmente, para investigar los mecanismos moleculares implicados en la interacción micovirus-hongo-planta, realizamos un ensayo para analizar las diferencias en la expresión génica de la cepa del hongo infectada en comparación con la cepa control libre de micovirus durante las distintas etapas de su crecimiento, tanto en medio de cultivo como en plantas de vid. El descubrimiento de esta cepa ha dado lugar a la patente P202630563 para la protección de la composición y el uso como agente de biocontrol de la cepa hipovirulenta.

Financiado por Viroplant (GA773567) financiado por European Union's Horizon 2020 Research and Innovation Program; PID2020-120106RB-I00 y PID2024-161770OB-I00 financiados por MCIN/AEI/10.13039/501100011033.

I.03: Vigilancia, bioseguridad y mecanismos de respuesta ante patógenos forestales en el Reino Unido

Ana María Pérez Sierra

Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias (IVIA)

Tipo Comunicación: PONENCIA INVITADA

Palabras Clave: enfermedades emergentes; fronteras; detección temprana; participación ciudadana; contingencia; cambio climático

Resumen: En los últimos años se ha registrado un incremento significativo en la detección de patógenos emergentes que suponen una amenaza creciente para los árboles y los ecosistemas forestales del Reino Unido. Estas introducciones, en su mayoría accidentales, están estrechamente relacionadas con el comercio internacional de plantas, la movilidad humana y factores agravantes como el cambio climático. En este contexto, la bioseguridad vegetal adquiere un papel estratégico, impulsando la implementación de medidas a escala nacional basadas en enfoques que equilibran costes y beneficios sociales. El Departamento de Medio Ambiente, Alimentación y Asuntos Rurales (DEFRA), en coordinación con Forestry Commission (FC), Animal and Plant Health Agency (APHA) y las administraciones descentralizadas, ha desarrollado un sistema integral de respuesta que combina prevención, detección temprana y gestión adaptativa. Este enfoque se articula a través de mecanismos de respuesta que incluyen la vigilancia sistemática, el diagnóstico y la evaluación de riesgos, así como la activación de estructuras formales de gestión de incidentes cuando se detectan amenazas relevantes. La estrategia se sustenta en un enfoque de bioseguridad que actúa a diferentes niveles, antes de la frontera, en la frontera y dentro del territorio. Esto incluye la cooperación internacional para reducir el riesgo de introducción de organismos nocivos, controles fitosanitarios estrictos en puntos de entrada y sistemas de vigilancia activa. A nivel nacional, los programas de vigilancia son ejecutados por personal especializado mediante inspecciones dirigidas, complementadas con sistemas de notificación abierta y proyectos de ciencia ciudadana que amplían la capacidad de detección temprana. Una vez detectado un brote, los principales mecanismos de respuesta incluyen la delimitación de zonas afectadas, las restricciones al movimiento de material vegetal, la erradicación o contención mediante la eliminación de árboles infectados, la aplicación de medidas de bioseguridad y la emisión de notificaciones legales obligatorias. La comunicación con los actores implicados y la sociedad es clave para garantizar la eficacia de las medidas adoptadas. Cuando la erradicación no es viable, la estrategia evoluciona hacia enfoques de gestión a largo plazo orientados a mejorar la resiliencia de los sistemas forestales, mediante la diversificación de especies y el desarrollo de variedades tolerantes. En conjunto, el modelo de DEFRA destaca por su enfoque preventivo, coordinado entre administraciones, sector forestal y comunidad científica, y basado en el riesgo, integrando herramientas técnicas, investigación y participación social para fortalecer la capacidad de respuesta ante amenazas emergentes.

Financiado por Forest Research, Forestry Commission, DEFRA.

I.04: Polyphyly of *Fusarium* sensu Wollenweber

Pedro Crous, Marcelo Sandoval-Denis, Marileide Costa, Johannes Groenewald

Westerdijk Fungal Biodiversity Institute, Utrecht, Netherlands

Tipo Comunicación: PONENCIA INVITADA

Palabras Clave: *Fusarium*; taxonomy; identification

Resumen: The *Nectriaceae* (*Hypocreales*, *Sordariomycetes*) encompasses 85 genera that include saprobes, endophytes and numerous important pathogens, several of which are of high commercial interest. Members of *Nectriaceae* are circumscribed by having yellow, orange-red to purple, uniloculate ascomata, and phialidic asexual morphs. Presently there are more than 20 genera in *Nectriaceae* that have a fusarioid asexual morph. This group encompass diverse lifestyles, including plant, human, and animal pathogens, or can be saprobes, lichenicolous, endophytic, and mycophilic. Following the one fungus = one name initiative, *Fusarium* was chosen over its sexual morph, *Gibberella*, which forms a well-defined morphological and phylogenetic clade. The fusarioid genera in *Nectriaceae* do not only differ in their sexual morphs, but also in their asexual morphology and biology, although their ecology has remained rather unclear. Recent phylogenomic studies spanning all fusarioid as well as closely related genera have clearly supported the generic boundaries and underlying ecology and lifestyles. Phylogenomic ancestral reconstructions of *Fusarium* and closely related genera showed that plant pathogenicity is ancestral to all fusarium-like and cylindrocarpon-like genera, and revealed multiple and frequent lifestyle transitions, with some exceptions. Although results depict fusarioid genera as prolific generalists, several genera appear to be more specialised, being primarily plant pathogens, mycophilic, or insect associated, while endophytism evolved several times, and more recently in *Fusarium*.

Financiado por Westerdijk Fungal Biodiversity Institute.

I.05: Emergencia de citrus yellow vein clearing virus en España: avances científicos y respuesta fitosanitaria

Ana Belén Ruiz García[1], María Martínez Solsona[1,2], Félix Morán Villamizar[1], Luis Felipe Arias Giraldo[1], Paloma Castillo Mateo[3], María Montserrat Delgado Ruiz[4], Gemma Murillo Busquets[5], Vicente Dalmau Sorlí[6], Antonio Olmos Castelló[1]

[1] *Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias (IVIA). Moncada*

[2] *Universitat Politècnica de València. Valencia*

[3] *Laboratorio de Producción y Sanidad Vegetal de Almería. La Mojonera*

[4] *Laboratorio Agroalimentario y de Sanidad Animal (LAYSA). El Palmar*

[5] *Servei de Sanitat Vegetal de la Generalitat de Catalunya. Lleida*

[6] *Servicio de Sanidad Vegetal de la Generalitat Valenciana. Silla*

Tipo Comunicación: PONENCIA INVITADA

Palabras Clave: cítricos; clorosis nervial amarilla; citrus yellow vein clearing virus; *Potexvirus citriflavivenae*; CYVCV; HTS

Resumen: La primera detección de citrus yellow vein clearing virus (CYVCV), *Potexvirus citriflavivenae*, en Cataluña en septiembre de 2025 desencadenó una respuesta científica y fitosanitaria sin precedentes, coordinada por el Laboratorio Nacional de Referencia (LNR) de Virus de Leñosas. En tiempo récord, el LNR desarrolló y validó, conforme a los estándares EPPO, un método universal de RT-qPCR que ha sido transferido a los Servicios de Sanidad Vegetal para su aplicación en el control de la enfermedad en las principales regiones citrícolas. Además, se optimizaron las estrategias de muestreo y adaptaron las herramientas diagnósticas a estudios de transmisión por insectos vectores. En paralelo, se desplegó una estrategia integrada con estudios diagnósticos, genómicos y epidemiológicos dirigidos a caracterizar el brote. Entre octubre y diciembre de 2025, el LNR realizó más de 3.000 análisis sobre plantas base, plantas madre certificadas y plantones certificados. Además, se llevó a cabo, por primera vez, un estudio de este virus en el Banco de Germoplasma de Cítricos, que identificó 9 accesiones infectadas, de las que se han obtenido tres genomas completos de CYVCV. Desde el IVIA y el Servicio de Sanidad Vegetal de la Comunidad Valenciana, se ha puesto en marcha una auditoría internacional para evaluar posibles mejoras en el programa de saneamiento y certificación de cítricos. En la Comunidad Valenciana, muestreos realizados, inicialmente diseñados para la detección de genotipos no europeos de citrus tristeza virus (CTV) mediante high throughput sequencing (HTS), revelaron la presencia de CYVCV en muestras asintomáticas de naranjo y mandarino, poniendo de manifiesto su circulación silenciosa. Prospecciones posteriores han revelado la presencia de plantas infectadas en viveros, campo y jardines, afectando a naranjo dulce, naranjo amargo, mandarino, limonero y lima, en diferentes localidades de la Comunidad Valenciana, Cataluña, Murcia y Andalucía. Hasta la fecha se han secuenciado 50 genomas de CYVCV en España. Los análisis filogenéticos muestran que los aislados españoles se distribuyen en dos grupos genéticamente diferentes, compatibles con dos eventos de introducción. Uno de ellos, que incluye los aislados del Banco de Germoplasma, representa una introducción desde un país tercero, probablemente a partir de un ancestro común estrechamente relacionado con aislados de India; mientras que el otro está relacionado genéticamente con aislados procedentes de Italia. El impacto de CYVCV en nuestra citricultura es actualmente desconocido. Se están realizando ensayos biológicos con patrones y variedades representativas de la citricultura española, orientados a evaluar el impacto agronómico; así como estudios epidemiológicos dirigidos a evaluar la dispersión del virus en nuestras condiciones climáticas. En conjunto, el trabajo desarrollado desde la detección inicial de CYVCV en España está proporcionando la base científica y técnica necesaria para su diagnóstico, vigilancia, estudio epidemiológico y apoyo a futuras decisiones fitosanitarias.

Financiado por Generalitat Valenciana, SOSTENIBLE 52202. La contratación de María Martínez Solsona ha sido financiada por el programa Marisa Badenes del IVIA, susceptible de ser cofinanciado por la Unión Europea a través del programa "Fondo Social Europeo Plus (FSE+) Comunitat Valenciana 2021-2027".

I.06: Hongos asociados a escolítidos de ambrosía: identificación y seguimiento desde el Laboratorio Nacional de Referencia

Josep Armengol Fortí

Instituto Agroforestal Mediterráneo, Universitat Politècnica de València, Valencia.

Tipo Comunicación: PONENCIA INVITADA

Palabras Clave: Coleópteros; *Euwallacea fornicatus*. hongos de ambrosía; hongos de la madera; *Xylosandrus compactus*

Resumen: Los escolítidos de ambrosía son coleópteros perforadores de madera que mantienen una relación simbiótica obligada con hongos específicos, denominados hongos de ambrosía. Estos insectos dependen de los hongos simbiontes para su nutrición, mientras que los hongos de ambrosia, a su vez, dependen de sus hospedantes coleópteros para su dispersión y el mantenimiento de sus cultivos. Los escolítidos de ambrosia excavan galerías en la albura de los árboles, donde construyen galerías para albergar sus larvas y los cultivos de hongos. La creciente introducción de escolítidos de ambrosía exóticos en España y los hongos que transportan, es un motivo de preocupación por motivos fitosanitarios y ambientales. Entre los casos más relevantes abordados por el Laboratorio Nacional de Referencia para la identificación y diagnóstico de hongos y oomicetos fitopatógenos (LNR), destaca el estudio de los hongos asociados a *Xylosandrus compactus* y *Euwallacea fornicatus*. *X. compactus*, detectado en España en el año 2020, es una especie polífaga que afecta a plantas forestales, ornamentales y cultivos como el algarrobo (*Ceratonia siliqua*). Por su parte, la especie *E. fornicatus*, detectada en España en 2022, es responsable de daños graves en ecosistemas nativos y en cultivos frutales, como el aguacate, en las áreas invadidas en todo el mundo, debido a su simbiosis con hongos del género *Neocosmospora*, siendo preocupante su asociación con la especie *N. euwallaceae* (= *Fusarium euwallaceae*). En esta ponencia se presentan las identificaciones fúngicas y el seguimiento de daños realizados por el LNR, en colaboración con laboratorios regionales y técnicos de campo de las zonas afectadas.

Financiado por MINISTERIO DE AGRICULTURA, PESCA Y ALIMENTACIÓN.

I.07: De viroides de plantas a obeliscos en nuestra boca: un nuevo mundo de RNAs circulares

Marcos de la Peña

Instituto de Biología Molecular y Celular de Plantas (IBMCP, CSIC-UPV), Universidad Politécnica de Valencia, 46022 Valencia, Spain

Tipo Comunicación: PONENCIA INVITADA

Palabras Clave: viroide; ribozima; obelisco; virus; RNA

Resumen: Podemos definir la virosfera como el conjunto de virus y otros elementos replicantes mínimos que habitan la Tierra. Aunque estas entidades biológicas no cumplan los criterios tradicionales para ser consideradas seres vivos, constituyen el ecosistema más abundante, diverso y a la vez inexplorado de la biosfera. El impulso tecnológico y científico de los últimos años, catalizado por una atención global hacia la "materia oscura" viral, ha revolucionado nuestra comprensión del campo gracias al desarrollo de aproximaciones computacionales avanzadas. El análisis de ingentes volúmenes de datos metagenómicos y metatranscriptómicos ha permitido multiplicar exponencialmente el catálogo de especies virales conocidas. Pero el impacto va mucho más allá: hoy sabemos que los replicones mínimos de RNA circular, o tipo viroide, lejos de ser anomalías exclusivas de plantas o animales, representan entidades ubicuas en otros eucariotas más simples como hongos, o en bacterias de multitud de microbiomas, incluido el humano. Además, estos estudios nos ofrecen a su vez herramientas para el descubrimiento de multitud de nuevos agentes viroidales de plantas que permanecerían asintomáticos en nuestros cultivos. En su conjunto, estos hallazgos no solo obligan a redefinir el concepto clásico de virus, sino que desafían de nuevo los límites de dónde situamos la frontera de la vida.

Financiado por Ministerio de Ciencia, Innovacion y Universidades de España-FEDER grant PID2024-162245NB-I00.

I.08: Nuevas estrategias basadas en ARNi para el control de hongos fitopatógenos mediante bacterias beneficiosas productoras de ARN de doble cadena

Jonatan Niño-Sánchez[1,2]

[1] *Instituto Universitario de Investigación Gestión Forestal Sostenible (iuFOR). Palencia*

[2] *Departamento de Producción Vegetal y Recursos Forestales. Escuela Técnica Superior de Investigaciones Agrarias. Palencia*

Tipo Comunicación: PONENCIA INVITADA

Palabras Clave: Silenciamiento génico inducido por microorganismos (MIGS); comunicación ARNi interreino; *Bacillus subtilis*; *Pseudomonas putida*; vesículas extracelulares bacterianas; *Botrytis cinerea*; *Verticillium dahliae*; *Solanum lycopersicum*

Resumen: Las tecnologías basadas en ARN de interferencia (ARNi) representan una alternativa prometedora para el control específico y sostenible de enfermedades causadas por hongos fitopatógenos. El silenciamiento génico inducido por pulverización, o SIGS, ha demostrado que la aplicación exógena de ARN de doble cadena (ARNdc) puede reducir la virulencia de distintos patógenos mediante el silenciamiento de genes esenciales. Sin embargo, su aplicación práctica sigue limitada por la baja estabilidad del ARN en condiciones ambientales, especialmente en el suelo, donde la rápida degradación del ARN libre dificulta el manejo de patógenos radiculares. En nuestros trabajos hemos explorado estrategias para mejorar la estabilidad, la entrega y la eficacia de moléculas de ARNdc frente a hongos fitopatógenos. Entre ellas, el uso de bacterias beneficiosas productoras de ARNdc resulta especialmente atractiva, ya que estos microorganismos pueden actuar como plataformas vivas de producción y entrega de ARN antifúngico. Su capacidad para colonizar tejidos vegetales podría proporcionar una fuente localizada y continua de ARNdc, reduciendo la necesidad de aplicaciones repetidas y ampliando el alcance de las tecnologías ARNi donde SIGS resulta menos eficiente. En este contexto, hemos demostrado que bacterias beneficiosas Gram-positivas y Gram-negativas, como *Bacillus subtilis* y *Pseudomonas putida*, pueden modificarse para producir ARNdc dirigido frente a genes de hongos fitopatógenos y secretarlo a través de vesículas extracelulares bacterianas (BEVs). La asociación del ARN antifúngico con BEVs se evidenció mediante su detección en fracciones vesiculares. Además, el marcaje específico de BEVs con YFP y el uso del aptámero 3WJ-4×Broccoli para visualizar ARN asociado a vesículas permitieron seguir su interacción con el hongo y detectar señales en células fúngicas, evidenciando la transferencia de ARN desde bacterias beneficiosas hacia hongos fitopatógenos. Esta comunicación RNAi bacteria-hongo nos permitió inducir el silenciamiento de genes esenciales en los patógenos *Botrytis cinerea* y *Verticillium dahliae*. Por un lado, las BEVs purificadas a partir de bacterias productoras de ARNdc redujeron la infección por *B. cinerea* en tejidos vegetales, demostrando su capacidad como vehículos naturales de entrega de ARN antifúngico. Por otro, las bacterias beneficiosas modificadas para producir ARNdc protegieron plantas de *Arabidopsis thaliana* y tomate frente a estos patógenos. En el caso de *V. dahliae*, la aplicación de estas bacterias en el suelo permitió el control de este patógeno radicular, un escenario en el que el uso de ARN libre resulta especialmente limitado. Estos resultados amplían el concepto de biocontrol microbiano al incorporar la producción y entrega de ARN como un nuevo mecanismo funcional, y posicionan a las bacterias beneficiosas y sus vesículas extracelulares como una estrategia prometedora para el control sostenible de enfermedades fúngicas.

Financiado por Proyecto FungARNcidas “Desarrollo de nuevos biofungicidas basados en ARN para el control de enfermedades de plantas” (PID2023-148417OA-I00, MICIU/AEI/10.13039/501100011033 y FEDER, UE).

I.09: Inteligencia Artificial en la nueva era de la fitopatología: del lenguaje de las proteínas al diseño racional de fungicidas

Álvaro Polonio[1,2]

[1] *Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias, Universidad de Málaga, Málaga, España*

[2] *Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea "La Mayora", Universidad de Málaga, Consejo Superior de Investigaciones Científicas (IHSM–UMA–CSIC), Málaga, España*

Tipo Comunicación: PONENCIA INVITADA

Palabras Clave: inteligencia artificial; modelos de lenguaje de proteínas (PLM); GNN; IA explicable (XAI); diseño de fungicidas; modelos de difusión

Resumen: La fitopatología afronta retos cada vez más complejos: la aparición de resistencias, la escasez de nuevos modos de acción o la dificultad para transformar el creciente volumen de información ómica en conocimiento accionable, especialmente en patógenos no modelo, destacan entre ellos. Ante este escenario, la inteligencia artificial ofrece nuevas estrategias para analizar datos biológicos a gran escala. Su desarrollo ha experimentado un salto cualitativo con las arquitecturas Transformer y los grandes modelos de lenguaje (LLMs), capaces de aprender regularidades y relaciones contextuales en grandes volúmenes de texto. Este paradigma se ha trasladado a las secuencias biológicas mediante los modelos de lenguaje de proteínas (PLMs), que generan representaciones capaces de capturar información evolutiva, estructural y funcional. Entre los modelos de IA, los PLMs resultan especialmente prometedores para la fitopatología porque una misma representación puede contribuir simultáneamente a interpretar proteomas, predecir estructura y función o identificar efectores, entre otras aplicaciones. Esta versatilidad convierte los PLMs en una piedra angular para otro de los retos de la fitopatología: el desarrollo racional de nuevos fitosanitarios. Combinados con redes neuronales de grafos, los PLMs permiten priorizar proteínas biológicamente relevantes y abordables mediante moléculas pequeñas. Los mecanismos de atención y la IA explicable identifican los residuos y regiones estructurales que sustentan las predicciones y localizan bolsillos funcionales, que pueden condicionar modelos de difusión tridimensionales para generar candidatos moleculares adaptados. Gracias a los PLMs y la combinación con otras herramientas de IA, se ha podido identificar una nueva diana conservada con un sitio activo idéntico en *Botrytis cinerea* y *Podosphaera xanthii*. Así, la inteligencia artificial abre las puertas al diseño guiado de fungicidas de amplio espectro frente a fitopatógenos distantes, pero selectivos frente al hospedador, al explotar residuos específicos de los hongos. De este modo, se pone de manifiesto la utilidad de la IA, en general, y de los PLMs, en particular, tanto para afrontar retos actuales, como para abrir aplicaciones todavía inexploradas en fitopatología.

Financiado por Ayudas a la I+D+i en el ámbito del plan andaluz de investigación, desarrollo e innovación (PAIDI 2020), PY20_00048 así como por MICIU/AEI/10.13039/501100011033 y cofinanciado por ERDF/EU, PID2022-136240OB-C21.

I.10: De las bacterias a los péptidos. Importa más el viaje que la llegada

Emilio Montesinos Seguí

Universitat de Girona, Girona

Tipo Comunicación: PONENCIA INVITADA

Palabras Clave: bacterias fitopatógenas; péptidos funcionales; bioplaguicidas.

Resumen: Llegué a la SEF después de mi experiencia posdoctoral en el campo de la ecología microbiana, y fue entonces cuando descubrí la Fitopatología, hace ya 40 años. Os voy a hablar de cómo he vivido esta disciplina, qué he aprendido de ella y, sobre todo, qué he podido aportar a lo largo de estos años. La Fitopatología es, en cierto modo, una disciplina bastante olvidada en los libros de Microbiología, a pesar de su enorme importancia. Centraré esta ponencia en cómo el desarrollo de otras disciplinas ha contribuido a dar respuesta a algunos de los grandes retos que plantean la epidemiología y el control de las enfermedades de las plantas. Mi experiencia ha sido principalmente en el campo de las enfermedades causadas por bacterias fitopatógenas de cuarentena en la Unión Europea. Algunas a las que he dedicado mayor esfuerzo han sido el fuego bacteriano de los frutales de pepita causado por *Erwinia amylovora* y, en los últimos años, las enfermedades causadas por bacterias *fastidiosas* transmitidas por vectores, como el decaimiento y la muerte del olivo y del almendro causados por *Xylella fastidiosa*, así como el *Citrus greening* o *Huanglongbing*, causado por *Candidatus Liberibacter* asiaticus. Pero quizá lo más interesante ha sido vivir en primera fila la evolución de las estrategias y herramientas para el control de estas enfermedades. Hemos pasado de los compuestos convencionales, fundamentalmente cobres y antibióticos, al desarrollo de bioplaguicidas microbianos, basados en microorganismos y sus productos metabólicos, y posteriormente a nuevas estrategias con péptidos funcionales, ARN de interferencia, PNAs y bacteriófagos, con aproximaciones cada vez más dirigidas a dianas específicas, tanto en el patógeno como en el huésped. Nuestro grupo ha contribuido al desarrollo de sistemas predictivos de enfermedad y de numerosos agentes de biocontrol, lo que nos llevó posteriormente hacia una línea de investigación centrada en péptidos funcionales, tanto líticos como inductores de las defensas de la planta, de origen natural o sintético. Finalmente, como investigador universitario, he comprobado que la investigación no termina necesariamente con una publicación científica. Algunas de las tecnologías que hemos desarrollado han podido ser protegidas y transferidas a la sociedad mediante patentes y empresas de base tecnológica. Sin embargo, muchas de estas herramientas todavía están pendientes de llegar al agricultor. Esta experiencia de recorrer el camino desde el conocimiento científico hasta su aplicación práctica es, quizá, una de las enseñanzas que me gustaría compartir con las nuevas generaciones de fitopatólogos.

Financiado por No indicado.

Comunicaciones de las sesiones plenarias

26 comunicaciones de las sesiones plenarias - OP.01–OP.26

Sesión Plenaria I: Avances en prevención y control sostenible de enfermedades vegetales

OP.01: Análisis molecular de los mecanismos de resistencia a fungicidas en *Monilinia fructicola*: implicación de la fosforilación oxidativa

Javier Veloso[1], Laura Guerra Fernández de Velasco[2], María Villarino Pérez[2], María Inmaculada Larena Nistal[2], Rosario Torres Sanchis[3], Antonieta de Cal y Cortina[2], Belén Guijarro Díaz-Otero[2]

[1] *Departamento de Biología Funcional, Facultad de Biología, Universidad de Santiago de Compostela, Santiago de Compostela*

[2] *Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria, Consejo Superior de Investigaciones Científicas (INA-CSIC), 28040, Madrid*

[3] *IRTA, Postharvest Programme, Edifici Fruitcentre, Parc Agrobiotech Lleida, Parc de Gardeny, 25003 Lleida, Catalonia*

Tipo Comunicación: PLENARIA

Palabras Clave: *Monilinia fructicola*; resistencia a fungicidas; fosforilación oxidativa; SDHI; QoI; genómica

Resumen: La aparición de resistencias a fungicidas en *Monilinia fructicola y M. laxa*, principales agentes causales de la podredumbre parda en frutales de hueso, supone un riesgo para la sostenibilidad del control químico de la enfermedad. En este trabajo se abordó la caracterización molecular de la resistencia a fungicidas inhibidores de la respiración (SDHI) en poblaciones de *M. fructicola* en el Valle del Ebro, analizando la implicación de rutas metabólicas alternativas y la aparición de fenotipos tolerantes y resistentes Se analizaron 77 aislados monospóricos de *M. fructicola* obtenidos de fruta infectada procedente de campo y postcosecha. La sensibilidad a fluopiram (SDHI), piraclostrobina (QoI), así como a otros fungicidas de uso habitual, se evaluó mediante ensayos de crecimiento micelial en condiciones *in vitro*. La mayoría de los aislados mostró un perfil sensible (75%), si bien se detectaron fenotipos con tolerancia a fluopiram en más del 15% de los casos y resistencia a esta materia activa en el 4% de los aislados. Sin embargo, sólo se registró un único caso de resistencia a piraclostrobina y un número reducido de aislados con tolerancia a este fungicida. El análisis de los genes diana asociados a la resistencia a fluopiram, correspondientes a las subunidades de la succinato deshidrogenasa (sdhA, sdhB, sdhC y sdhD), no mostró mutaciones que explicasen los fenotipos resistentes. Ante la ausencia de alteraciones en estos genes, a pesar de ser la SDH la diana de fluopiram, se realizó un análisis genómico comparativo entre aislados sensibles y resistentes, para determinar la posible la implicación de mecanismos de resistencia alternativos no basados en la diana. Los resultados mostraron cambios en proteínas implicadas en el metabolismo energético, en la vía de la fosforilación oxidativa. Se identificaron modificaciones en proteínas de los complejos III, IV y V de la cadena respiratoria, incluyendo subunidades de ATPasa y enzimas implicadas en la biosíntesis de hemo (COX10 y COX15), así como en componentes del citocromo bc1. Estas alteraciones sugieren mecanismos de adaptación metabólica que permitirían mantener la funcionalidad mitocondrial en presencia de fungicidas inhibidores de la respiración. Estos resultados indican que la resistencia a SDHI en nuestra población de *M. fructicola* no está asociada a mutaciones en los genes diana, sino que puede implicar reconfiguraciones del metabolismo mitocondrial. Con ello se confirma la complejidad de los mecanismos de resistencia en los que, en algunos casos, existen otros factores genotípicos implicados que deben tenerse en cuenta para optimizar las estrategias de manejo en campo.

Financiado por Este trabajo fue financiado mediante dos contratos de apoyo tecnológico: CON21-189 entre el Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC) y la Asociación Empresarial para la Protección de las Plantas (AEPLA), y el contrato n°12331 entre el Instituto de Investigación y Tecnología Agroalimentarias (IRTA) y AEPLA. Asimismo, fue financiado por el proyecto PID2023-14761OB/MCIN/AEI/10.13039/501100011033/FEDER, UE.

OP.02: Respuesta transcriptómica de cepas de *Xylella fastidiosa* a péptidos bactericidas

Aniol Buisac Vila, Emilio Montesinos Seguí, Laura Montesinos Barreda

Institut de Tecnología Agroalimentaria, Universitat de Girona. Girona.

Tipo Comunicación: PLENARIA

Palabras Clave: *Xylella fastidiosa*; transcriptómica; control; péptido; mecanismo de acción

Resumen: *Xylella fastidiosa* (*Xf*) representa una de las principales amenazas para la agricultura a nivel mundial, causando importantes pérdidas en una gran cantidad de cultivos de relevancia económica, especialmente en la región mediterránea. *Xf* se caracteriza por presentar una amplia diversidad genética, reflejada en las diferentes subespecies y cepas existentes. Esta diversidad se traduce en patrones específicos de colonización, infección y severidad, sin que exista una relación directa entre la patogenicidad de una cepa y su ubicación taxonómica a nivel de subespecie o ST [1]. Este aspecto específico de cada cepa debe considerarse en el diseño de estrategias de control y gestión de la enfermedad. En este trabajo, se ha estudiado la respuesta transcriptómica de dos cepas de *Xf* pertenecientes a diferentes subespecies frente a la exposición a los péptidos antimicrobianos BP178 y BP100. El análisis transcriptómico mostró patrones de respuesta diferenciados en función de la cepa. La cepa DeDonno (subsp. *pauca*) mostró una inhibición generalizada de rutas metabólicas centrales (metabolismo de aminoácidos), relacionadas con funciones asociadas a la membrana celular (formación de biofilm) y genes de virulencia (biogénesis de pilis tipo IV). Por el contrario, la cepa IVIA5387 (subsp. *fastidiosa*) presentó una respuesta transcriptómica caracterizada por la inducción de genes relacionados con procesos metabólicos (catabolismo) y mecanismos de regulación génica (reparación y replicación del ADN). Paralelamente se estudió el efecto de los péptidos sobre la integridad celular de *Xf* mediante la observación por microscopía electrónica de transmisión (TEM) y de barrido (SEM). Los análisis revelaron diferencias entre ambas cepas en la intensidad de la respuesta relacionada con la formación de vesículas de membrana externa y el efecto lítico tras el tratamiento con los péptidos. Estos hallazgos proporcionan información valiosa sobre la interacción entre *Xf* y los péptidos antimicrobianos, destacando la necesidad de considerar la respuesta específica de cada cepa a los compuestos antimicrobianos a la hora de diseñar estrategias de control y manejo de las enfermedades. [1] Buisac, A., Gascón, B., Montesinos, E., & Montesinos, L. (2026). Aggressiveness of Subspecies and Sequence Types of *Xylella fastidiosa* and Plant Response in *Nicotiana benthamiana*. *Phytopathology*, PHYTO11250366R. Advance online publication. https://doi.org/10.1094/PHYTO-11-25-0366-R

Financiado por Este trabajo se ha desarrollado en el marco del proyecto BeXyl con referencia 101060593, del programa Horizon Europe (HORIZON-CL6-2021-FARM2FORK-01).

OP.03: From genes to molecules: comparative genomics and metabolomics of *Bacillus velezensis* strains associated with almond

Lorena Sanz López[1,2], Sarra Yousfi[3], Lu Zhou[4], Soledad Martos[2], Jordi Cabrefiga Olamendi[1], François Coutte[3], Monica Höfte[4], Jordi Luque[1]

[1] *IRTA*

[2] *Universitat Autònoma de Barcelona (UAB)*

[3] *Université de Lille*

[4] *Ghent University*

Tipo Comunicación: PLENARIA

Palabras Clave: almond; *Bacillus velezensis*; BGCs; biological control; RP-HPLC-MS; secondary metabolites.

Resumen: The aerial parts of almond trees harbour epiphytic and endophytic bacteria with potential for the biological control of plant diseases. In previous studies, bacterial isolates showing strong antagonistic activity against almond pathogens were selected through *in vitro*, *ex vivo*, and *in planta* assays. In the present study, we characterized the biosynthetic potential of 12 strains identified as *Bacillus velezensis*, through an integrated comparative genomics and metabolomics approach. Genome analyses were performed to identify biosynthetic gene clusters (BGCs) and compare conserved and variable regions associated with antimicrobial metabolite production. Whole-genome sequence comparisons revealed distinct phylogenetic groups within *B. velezensis*, indicating genetic diversification among isolates with biocontrol potential. Genome mining identified BGCs associated with lipopeptides, polyketides, siderophores, bacteriocins, and other antimicrobial compounds, including surfactin, plipastatin/fengycin, iturin/bacillomycin, macrolactins, bacillaene, difficidin/oxydifficidin, bacilysin, and bacillibactin. In parallel, RP-HPLC-MS analysis of culture supernatants detected metabolites belonging to several of these families and revealed distinct metabolic profiles among strains. Notably, phylogenetically related strains showed partially shared metabolite patterns, suggesting a possible relationship between genomic relatedness and secondary metabolite production. These results indicate that strains with similar antagonistic activity may rely on different, although partially overlapping, biosynthetic repertoires. Overall, the integration of genomic and metabolomic data suggests that the antagonistic activity of *B. velezensis* is likely mediated by combinations of secondary metabolites rather than by a single compound. Newly characterized biosynthetic regions further suggest potentially novel compounds across three *B. velezensis* strains. These findings provide insight into the mechanisms underlying the biocontrol activity of the selected strains and support the prioritization of candidates for sustainable disease management of almond diseases.

Financiado por Project PID2020-114648RR-C31 (MICIU/AEI). Lorena Sanz is the recipient of a predoctoral fellowship (PRE2021-100628, from AEI).

OP.04: Reprogramando el control del moho gris: estrategias basadas en oligonucleótidos frente a *Botrytis cinerea*

Alba López Laguna[1,2], Virginia Mota-Maldonado[1,2], Yandira Morales[1,2], Álvaro Polonio[1,2], Lucía Jiménez-Castro[1,2], Alejandro Pérez-García[1,2], Dolores Fernández-Ortuño[1,2]

[1] *Facultad de Ciencias, Universidad de Málaga, Málaga*

[2] *Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea (IHSM), Málaga*

Tipo Comunicación: PLENARIA

Palabras Clave: aptámeros; RNAi; SIGS; biofungicidas; ROS; respiración

Resumen: Las enfermedades causadas por hongos fitopatógenos representan una grave amenaza para la producción hortofrutícola mundial. Entre ellos, *Botrytis cinerea*, agente causal del moho gris, destaca por su amplio rango de hospedadores y por la rápida aparición de resistencias a fungicidas, lo que dificulta su control y exige nuevas estrategias más sostenibles y eficaces. En este contexto, este trabajo presenta un enfoque innovador basado en tecnologías de interferencia molecular mediante oligonucleótidos para el control de *B. cinerea*, actuando tanto a nivel proteico como transcripcional. En primer lugar, se desarrollaron dos aptámeros de ADN dirigidos contra la enzima antioxidante BcSOD1, una proteína esencial para la detoxificación de especies reactivas de oxígeno (ROS), la homeostasis redox y la virulencia del patógeno. Los aptámeros seleccionados mediante SELEX se unieron específicamente al sitio catalítico de BcSOD1 e inhibieron casi por completo su actividad enzimática. Su aplicación redujo significativamente la germinación conidial (~65%), la biomasa fúngica (~58%) y la severidad del moho gris en tomate y manzana (~42%). Además, los análisis transcriptómicos revelaron una profunda alteración de las rutas de detoxificación fúngica y la activación simultánea de respuestas defensivas en la planta hospedadora, evidenciando un doble mecanismo de acción basado tanto en la inhibición específica del patógeno como en la potenciación de la inmunidad vegetal. Cabe destacar que este trabajo constituye la primera demostración del uso de aptámeros de ADN como estrategia de protección vegetal frente a un hongo fitopatógeno. Asimismo, se evaluó el potencial del silenciamiento génico inducido por pulverización (SIGS) mediante ARN de doble cadena (ARNdc) dirigido a los genes mitocondriales *sdhB* y *cytB*, dianas moleculares de los fungicidas SDHI y QoI, respectivamente. El silenciamiento simultáneo de ambos genes redujo significativamente el desarrollo del patógeno, alcanzando disminuciones de hasta el 55% en la severidad de la enfermedad. De manera especialmente relevante, la combinación del ARNdc dual con fungicidas comerciales produjo efectos sinérgicos de hasta el 96% de control, incluso en aislados resistentes donde los fungicidas por sí solos habían perdido eficacia. En conjunto, este trabajo demuestra el potencial de los aptámeros y el SIGS como estrategias innovadoras, específicas y sostenibles para el desarrollo de biofungicidas de nueva generación frente a *B. cinerea*.

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

OP.05: Diseño de comunidades sintéticas (SynCom) basadas en el microbioma del xilema para el manejo de enfermedades vasculares del olivo

Luis Moll, Lucía Alonso-Villar, Concepción Olivares-García, Juan Carlos Rivas-Romero, Guillermo León-Ropero, José Luis Trapero-Casas, Juan Antonio Navas-Cortés, Blanca B. Landa

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

Tipo Comunicación: PLENARIA

Palabras Clave: SynCom; *Xylella fastidiosa*; *Verticillium dahliae*; control biológico; endoterapia

Resumen: Las infecciones causadas por el hongo *Verticillium dahliae* (*Vd*) y la bacteria de cuarentena *Xylella fastidiosa* (*Xf*) suponen una grave amenaza para el olivo y otros cultivos de alto valor económico como el almendro y la vid. Su control es complejo debido a su colonización sistémica y a la ausencia de tratamientos curativos eficaces, por lo que las estrategias actuales se basan principalmente en medidas preventivas. En este contexto, y en línea con el Pacto Verde Europeo, el control biológico mediante microorganismos endófitos surge como una alternativa prometedora. En particular, las Comunidades Bacterianas Sintéticas (SynComs) formadas por bacterias del xilema del olivo representan un enfoque innovador y sostenible para el manejo de enfermedades asociadas a *Xf* y *Vd*. En este estudio se diseñaron dos SynComs, cada una compuesta por tres cepas compatibles en base a: i) la caracterización fenotípica de 18 rasgos relacionados con el potencial de biocontrol y/o la promoción del crecimiento vegetal; ii) perfiles metabólicos relacionados con la utilización de fuentes de carbono y tolerancia a estreses abióticos; iii) inhibición *in vitro* de *Xf* y *Vd*; y iv) compatibilidad y complementariedad de características entre las cepas seleccionadas. Posteriormente, la compatibilidad de los miembros de cada SynComs se evaluó frente a *Xf* y *Vd* en cámaras microfluídicas que simulan vasos de xilema. La eficacia *in planta* se evaluó en *Nicotiana benthamiana* como sistema modelo y en *Olea europaea* como cultivo de interés, caracterizando: i) la severidad de la enfermedad, ii) los niveles poblacionales de *Xf* y *Vd* mediante qPCR, y iii) promoción de la salud vegetal (crecimiento y rasgos fisiológicos foliares mediante sensores proximales). En *N. benthamiana*, ambas SynComs redujeron la severidad de la enfermedad (≈75%) y la población de *Xf* (1 – 2,5 log), además de mejorar el crecimiento y el estado fisiológico respecto a los controles no tratados, con incrementos en altura (10 –15%), peso fresco (25 – 30%) y contenido de clorofila (40 – 60%). Frente a *Vd* se observaron tendencias similares, con reducciones de severidad (≈35%) y población (1 – 1,5 log), junto a incrementos en altura (10 – 25%), peso fresco (≈50%) y contenido de clorofila (≈50%). Los ensayos en *O. europaea* están en curso y se están obteniendo resultados similares. Paralelamente, se están realizando ensayos de campo en Italia y Mallorca para evaluar su eficacia mediante aplicación por endoterapia.

Financiado por BeXyl (Grant ID 101060593, EU-Horizon Europe), MCIN/AEI/10.13039/501100011033 (PID2020-114917RB-100), MICIU/AEI/10.13039/501100011033 “European Union Next Generation EU/PRTR” (TED2021-130110BC41), JDC2024-053655-I financiado por MICIU/AEI/10.13039/501100011033 y ESF+.

OP.06: Efecto de plataformas biodegradables para la liberación lenta de antifúngicos de origen biológico sobre poblaciones de hongos fitopatógenos del suelo: Prueba de concepto

Arturo Santiago-Pajón[1], María Alonso-Ayuso[1], Rebeca Díez-Antolínez[1], Patricia García-González[1], Asier Fernández[2], Agate Meabe[2], Jerson Martín Garita Cambronero[1]

[1] *Instituto Tecnológico Agrario de Castilla y León (ITACyL), Junta de Castilla y León. Valladolid.*

[2] *Fundación Centro Tecnológico de Miranda de Ebro (CTME). Miranda de Ebro.*

Tipo Comunicación: PLENARIA

Palabras Clave: mulch film; bioplásticos; medidas de biocontrol; biocompuestos; sustancias básicas

Resumen: Actualmente, Europa tiene como objetivo proteger la biodiversidad, los ecosistemas y la salud, al tiempo que avanza hacia un futuro más verde y resiliente. En este contexto, los sistemas hortícolas se enfrentan a una creciente limitación de herramientas fitosanitarias, derivada de la reducción de materias activas disponibles y la necesidad de disminuir la dependencia de productos químicos sintéticos y de materiales de origen fósil. Una estrategia para este fin es el uso de compuestos y materiales de origen biológico, que pueden contribuir a aumentar la productividad, reducir el impacto ambiental y optimizar el uso de los recursos. En esta línea, el proyecto europeo BioBIVE busca desarrollar plataformas biodegradables para la liberación lenta de biocompuestos con actividad antifúngica en sistemas hortícolas. Entre las plataformas a desarrollar se encuentran las coberturas plásticas biodegradables tipo mulch film, elaboradas a partir de poliéster biodegradable (Bio-Flex V 252203 y V 252204), que incorporan, tanto en su matriz como mediante impresión superficial, sustancias básicas de origen vegetal (extracto de cola de caballo, ortiga, algas pardas y biochar de pino), animal (quitosano) y bacterias antagonistas del crecimiento fúngico. El objetivo de este trabajo consistió en evaluar el efecto antifúngico de los primeros prototipos en condiciones de invernadero en los cultivos de zanahoria y fresa. Para ello, se inoculó sustrato estéril con *Phytophthora cactorum* y *Fusarium oxysporum* hasta alcanzar 2000–3000 propágulos por gramo de sustrato. El sustrato inoculado se distribuyó en macetas con dos plántulas de fresa o zanahoria. Mediante un diseño de bloques completos al azar, se evaluaron distintos tratamientos, cada uno de los cuales correspondía a un prototipo colocado sobre el sustrato como un film plástico, junto con controles positivos y negativos adecuados. Los propágulos por gramo de sustrato se cuantificaron en medios semiselectivos a los 30 y 60 días postinoculación (dpi). En términos generales, se observó una reducción de los propágulos de ambos patógenos a los 30 dpi. Sin embargo, a 60 dpi, las poblaciones de ambos patógenos presentaron una reducción significativa únicamente en la plataforma basada en el extracto de cola de caballo. Por lo tanto, este trabajo confirma la prueba de concepto de la capacidad antifúngica de las plataformas biodegradables desarrolladas para el control de patógenos fúngicos del suelo en sistemas hortícolas, destacando el efecto de la basada en el extracto de cola de caballo. Futuros estudios desarrollarán este tipo de ensayos en condiciones de producción para ambos huéspedes analizados.

Financiado por *Proyecto BIOdegradable delivery systems for plant pathogens control of horticultural crops through Bio-actiVE agents* (BioBIVE) (Grant ID 101130442, EU-Horizon Europe).

OP.07: Una molécula quimérica de ARNdc aplicada por SIGS reduce el título de dos virus asociados a pérdidas de rendimiento en vid

Cristina Zamora Ballesteros, Thi Kieu Anh Nguyen, Sandra Mosquera López, Liszeth Fernanda Ojeda Báez, Jonatan Niño-Sánchez

Instituto Universitario de Investigación de Gestión Forestal Sostenible (iuFOR), Escuela Técnica Superior de Ingenierías Agrarias, Universidad de Valladolid. Palencia.

Tipo Comunicación: PLENARIA

Palabras Clave: SIGS; ARNdc quimérico; ARNi; GFLV; GFkV; productos basados en ARN; amortiguación ecológica

Resumen: La implementación de estrategias sostenibles para controlar enfermedades de plantas es esencial para reducir el uso de productos químicos perjudiciales para el medio ambiente. En este contexto, el silenciamiento génico inducido por pulverización (Spray-Induced Gene Silencing, SIGS) es una herramienta prometedora para el control de fitopatógenos. Esta tecnología, basada en la ruta de interferencia por ARN (ARNi), consiste en aplicar ARN de doble cadena (ARNdc) para silenciar genes esenciales del patógeno. Tras demostrar su eficacia en el control de plagas de insectos y enfermedades fúngicas, este estudio explora la aplicación de SIGS frente a dos virus asociados a enfermedades en vid: *Grapevine fanleaf virus* (GFLV) y *Grapevine fleck virus* (GFkV). Estos virus pueden reducir el rendimiento de un viñedo hasta un 20%, incluso en ausencia de sintomatología notable en los tejidos vegetativos. Un análisis previo en la DO Rueda reveló la presencia de ambos virus en todas las muestras analizadas mediante ELISA y qPCR. Con el fin de desarrollar esta tecnología como estrategia antiviral en vid, se diseñaron y produjeron moléculas específicas de ARNdc dirigidas contra la ARN polimerasa dependiente de ARN (RdRP), un gen esencial para la replicación de estos virus de ARN. La secuencia sintetizada consistió en un ARNdc quimérico dirigido simultáneamente contra ambos virus, diseñado a partir de regiones accesibles de las RdRP de GFLV y GFkV, y analizado para descartar posibles efectos fuera de diana en la vid. Nuestros resultados sugieren que los ARNdc aplicados fueron tomados por la planta, y procesados por la maquinaria de silenciamiento de forma eficaz, ya que el tratamiento mediante SIGS redujo la infección por GFLV y GFkV en un 70% y un 30%, respectivamente. Para optimizar los tratamientos, durante el periodo de brotación de 2026 se realizaron aplicaciones repetidas incorporando agentes penetrantes, cuyos efectos sobre el rendimiento de la producción serán evaluados en la cosecha de septiembre. En paralelo, se evaluó si las masas forestales adyacentes a los viñedos actúan como posibles reservorios o si influyen en la prevalencia y/o acumulación de GFLV y GFkV. No se detectó ninguno de los virus en las especies forestales estudiadas, mientras que los viñedos próximos al bosque mostraron un menor título viral. Estos resultados apuntan a un posible papel de los bosques como zonas de amortiguación ecológica frente a GFLV y GFkV. En conjunto, estos resultados sugieren que la combinación de estrategias sostenibles, como el diseño del paisaje y la aplicación de tratamientos SIGS, puede contribuir a mejorar el rendimiento de la cosecha mediante la reducción de la carga viral.

Financiado por Proyecto FungARNcidas (PID2023-148417OA-I00, MICIU/AEI/10.13039/501100011033 y FEDER, UE) y Bodega Javier Sanz–Fundación UVa/Diputación de Valladolid: “Pruebas de campo para eliminar virus asociados a enfermedades dañinas para la vid”.

OP.08: Nanotransportadores de quitosano con extractos vegetales contra la fusariosis vascular del banano

Carmen Gómez-Lama Cabanás[1], Eva Sánchez-Hernández[2], Antonio Valverde-Corredor[1], Carlos Casanova-Muñoz[1], Jesús Martín-Gil[2], Pablo Martín-Ramos[2]

[1] *Instituto de Agricultura Sostenible, Córdoba*

[2] *Universidad de Valladolid, Palencia*

Tipo Comunicación: PLENARIA

Palabras Clave: Oligosacáridos de quitosano; *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense*; *Musa* spp.; nanotransportadores; extractos vegetales; resistencia inducida

Resumen: La fusariosis vascular del banano, causada por *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* (*Foc*), constituye una amenaza importante para este cultivo. En este trabajo se evaluaron nanotransportadores basados en oligosacáridos de quitosano cargados con extractos de *Rubia tinctorum* y *Uncaria tomentosa* frente a las razas subtropical y tropical 4 de *Foc* y en plantas de banano Grand Nain. Los ensayos *in vitro* mostraron actividad antifúngica en ambas formulaciones, con valores de EC_{50} entre 291,7 y 620,5 µg·mL^{-1}. Además, la formulación con *R. tinctorum* suprimió casi por completo las colonias a las 24 h y las eliminó a las 48 h, mientras que la formulación con *U. tomentosa* redujo el recuento en 7 $\log_{10}$ a las 72 h. En cámara de crecimiento, el tratamiento con nanotransportadores cargados con *R. tinctorum* redujo significativamente la severidad causada por TR4, con una disminución del 34,9% del área estandarizada bajo la curva de progreso de la enfermedad (SAUDPC) respecto al control inoculado, mientras que la formulación con *U. tomentosa* no mostró efecto significativo. Las plantas tratadas con *R. tinctorum* presentaron mayores índices de clorofila en hojas jóvenes y aumentos de flavonoides y antocianinas. Ambos tratamientos mejoraron parámetros de crecimiento, y la formulación con *R. tinctorum* incrementó el peso fresco un 16,4%. Estos resultados muestran que los nanotransportadores basados en oligosacáridos de quitosano permiten vehiculizar compuestos antimicrobianos naturales hacia la raíz del banano y que la formulación con *R. tinctorum* redujo la severidad de la enfermedad en las condiciones evaluadas.

Financiado por Junta de Castilla y León (España) y el Fondo Europeo de Desarrollo Regional (ref. VA148P23), y por Ayuda extraordinaria para la incorporación de científicos titulares, OEP 2020-2021. Referencia 2024ICT246.

Sesión Plenaria III: Detección y Epidemiología: Nuevas herramientas para la detección, vigilancia y evaluación del riesgo fitosanitario

OP.09: Descubriendo lo invisible: la diversidad críptica de nematodos en el olivar mediterráneo

Rosana Salazar-García, Juan Emilio Palomares-Rius, Carolina Cantalapiedra Navarrete, Ana García-Velázquez, Víctor Lechuga Ordóñez, Inmaculada Criado-Navarro, Pablo Castillo Castillo, Antonio Archidona-Yuste

Instituto de Agricultura Sostenible, Córdoba

Tipo Comunicación: PLENARIA

Palabras Clave: diagnóstico; nematología; taxonomía integrativa; morfometría multivariante; marcadores moleculares; filogenia

Resumen: La presencia de especies crípticas continúa siendo uno de los mayores retos en la nematología, especialmente en el caso de los nematodos fitoparásitos. Desentrañar esta problemática es esencial para la fitopatología, ya que distintas especies crípticas poseen diferentes niveles de patogenicidad, respuestas contrastadas a tratamientos y, en última instancia, desempeñan diferentes roles ecológicos. La morfología, por sí sola, resulta insuficiente para delimitar especies y tiende a subestimar la biodiversidad real. Para abordar este desafío, se llevó a cabo un muestreo sistemático en las zonas olivareras más importantes de la Cuenca Mediterránea (España, Grecia, Marruecos y Portugal), incluyendo parcelas agrícolas y zonas naturales adyacentes. Un total de 264 puntos de muestreo fueron analizados, en las que se identificaron un total de 111 especies pertenecientes a 32 géneros de nematodos fitoparásitos. Los géneros más diversos fueron *Paratylenchus*, *Helicotylenchus* y *Xiphinema*; siendo *Helicotylenchus* el más prevalente, presente en casi todas las muestras. En este estudio, la identificación de especies se ha realizado mediante taxonomía integrativa. Para esto, se combinan análisis clásicos con análisis novedosos en morfología como la morfometría multivariante. Además, se incorporan junto con análisis moleculares y filogenéticos basados en secuencias ribosómicas como los segmentos de expansión D2-D3 de la región 28S ARNr, ITS1 ARNr, y, secuencias mitocondriales, como COI ADNmt. Además de ampliar el conocimiento sobre la biodiversidad de nematodos fitoparásitos asociados al cultivo del olivo, identificando un notable número de nuevos taxones, este estudio ha profundizado y aumentado nuestro conocimiento sobre la delimitación de especies en complejos crípticos de relevancia fitopatológica, *Paratylenchus* y *Xiphinema*. Los resultados obtenidos contribuyen significativamente a mejorar el conocimiento actual sobre la diversidad de nematodos fitoparásitos en las zonas olivareras de la Cuenca Mediterránea, y demuestra la necesidad de integración de diferentes abordajes para el diagnóstico rápido y preciso de los mismos. En definitiva, este estudio plantea una hoja de ruta de buenas prácticas en el diagnóstico preciso de nematodos fitoparásitos con un impacto económico y relevancia fitopatológica, lo que facilitará el desarrollo y aplicación de estrategias eficientes para su manejo integrado.

Financiado por Soil O-Live, from the European Union's Horizon Europe research and innovation programme under grant agreement No. 101091255 (Soil Deal for Europe - HORIZON-MISS-2021-SOIL-02-03.

OP.10: Genomic characterization of *Xanthomonas citri* intercepted in Spain informs plant health risk assessment

Félix Morán Villamizar[1], Guilherme Sousa-Gomes[1,2], Luis Felipe Arias Giraldo[1], Silvia Barbé Martínez[1], Ester Marco-Noales[1]

[1] *Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias (IVIA)*

[2] *Instituto Politécnico de Viana do Castelo (IPVC)*

Tipo Comunicación: PLENARIA

Palabras Clave: whole-genome sequencing; citrus canker; plasmids; copper resistance; genomic epidemiology

Resumen: International trade and the movement of plant material are among the main pathways for the introduction of quarantine pathogens into pest-free regions. In this sense, *Xanthomonas citri* subsp. *citri* (Xcc), the causal agent of citrus bacterial canker, represents a major phytosanitary concern. According to the European Union (EU) Plant Health Interceptions System (EUROPHYT), more than 155 Xcc interceptions have been reported in EU since 2021. Most of these detections were associated with citrus fruits imported from Brazil (60%), followed by China, Uruguay, and Vietnam. These data highlight the phytosanitary risk linked to international citrus trade. Intercepted Xcc strains provide a valuable opportunity to investigate introduction pathways, genetic diversity, and the epidemiology of populations with the potential to establish within the EU. In this study, whole-genome sequencing and analysis were performed on 34 Xcc strains intercepted and isolated by the Spanish National Reference Laboratory for Phytopathogenic Bacteria using third-generation sequencing technologies. High-quality genome assemblies ranged from 5.2 to 5.5 Mb with highly conserved GC contents (64.4-64.8 %). Core-genome analysis, based on 3,760 genes from a collection of 113 Xcc strains, revealed a clear geographical population structure. All strains intercepted in Spain clustered within an American clade, composed predominantly of isolates from Brazil, Argentina, and Uruguay. In contrast, most strains intercepted in the Netherlands grouped within the Asian clade, with only a few exceptions. Analysis of mobile genetic elements (MGEs) identified five types of plasmids, including three megaplasmids (> 213Kb) and two smaller plasmids (< 60Kb). Functional characterization of these MGEs revealed numerous genes associated with heavy metal resistance, particularly copper resistance, including members of the *cop* operon and several efflux systems. The presence of these determinants was further supported by phenotypic copper sensitivity assays, confirming a strong association between resistance megaplasmids and increased copper tolerance. Overall, these results demonstrate that intercepted strains constitute a valuable resource for phytosanitary surveillance, enabling the tracing of the origin and dissemination of Xcc lineages and the identification of adaptive MGEs, such as copper-resistance megaplasmids, which can pose an additional challenge for disease management. These findings underscore the importance of integrating advanced genomic tools into plant health surveillance and biosecurity programs and strengthen prevention strategies against EU quarantine organisms.

Financiado por PID2021 124145OR C21 funded by MICIU/AEI /10.13039/501100011033 and FEDER, EU; IVIA GVA 52202D from Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias (project eligible for co-financing by the European Union through the ERDF Program 2021–2027 Comunitat Valenciana).

OP.11: Secuenciación de alto rendimiento de las comunidades fúngicas y de Botryosphaeriaceae en plantas sintomáticas y asintomáticas de almendro, aguacate y arándano

Laura Romero Cuadrado, Ana Aguado Puig, Nieves Capote Maínez

IFAPA Las Torres, Alcalá del Río

Tipo Comunicación: PLENARIA

Palabras Clave: cultivos leñosos; ADS; HTS; metabarcoding; diversidad fúngica; infección latente; qPCR

Resumen: La familia Botryosphaeriaceae comprende un amplio y diverso grupo de hongos que pueden comportarse como endófitos, saprófitos o patógenos, causando enfermedades de chancros y muerte regresiva en numerosos cultivos leñosos de importancia económica. En este estudio se empleó un enfoque de *metabarcoding* basado en secuenciación de alto rendimiento (HTS) para caracterizar las poblaciones de Botryosphaeriaceae presentes en plantas sintomáticas y asintomáticas de almendro, aguacate y arándano, así como para evaluar otros hongos que podrían actuar como desencadenantes de la enfermedad, potenciadores de síntomas o posibles agentes de control biológico. Se detectaron especies de Botryosphaeriaceae en el 100%, 93% y 80% de las plantas sintomáticas de almendro, aguacate y arándano, respectivamente, y en el 60%, 73% y 66% de las plantas asintomáticas. Los géneros predominantes fueron *Neofusicoccum*, *Botryosphaeria*, *Diplodia* y *Lasiodiplodia*, observándose variaciones significativas en su abundancia relativa dependiendo del hospedador. Las infecciones múltiples por Botryosphaeriaceae predominaron sobre las infecciones simples tanto en plantas sintomáticas como asintomáticas, especialmente en aguacate. Se observó una elevada diversidad de las comunidades fúngicas totales y de Botryosphaeriaceae en todos los cultivos, con mayor riqueza y uniformidad en aguacate. Los análisis de diversidad beta revelaron diferencias altamente significativas entre los micobiomas fúngicos de los tres cultivos. También se detectaron varios hongos colonizadores de madera no pertenecientes a Botryosphaeriaceae, incluidos *Cylindrocarpon*, *Cytospora*, *Diaporthe*, *Fusarium* y *Phaeoacremonium*, en muestras sintomáticas de almendro, pero no en asintomáticas, lo que sugiere una etiología compleja compatible con el síndrome de decaimiento del almendro (Almond Decline Syndrome, ADS). Aunque se detectaron taxones potenciales agentes de control biológico (*Trichoderma* spp., *Clonostachys* spp.), su presencia no se correlacionó con la ausencia de síntomas. Este trabajo contribuye a una mejor comprensión de la etiología fúngica de las enfermedades de chancros y muerte regresiva en almendro, aguacate y arándano. Además, la elevada concordancia entre HTS y qPCR múltiple en la detección de Botryosphaeriaceae (91% y 78% en plantas sintomáticas y asintomáticas, respectivamente) respalda el uso complementario de ambas técnicas para mejorar el diagnóstico de enfermedades vegetales, especialmente en la detección preventiva temprana y en infecciones mixtas.

Financiado por Este trabajo ha sido financiado por los proyectos PID2020-115639RR-I00 y PID2024-159115OR-I00 (MICIU/AEI/10.13039/501100011033) financiados por MICIU/AEI /10.13039/501100011033 y por FEDER, UE L. Romero-Cuadrado disfrutó de un contrato de Personal Técnico de Apoyo a la Investigación (PTA2020-018192-I) financiado por MICIU/AEI /10.13039/501100011033.

OP.12: Rapid diagnostic strategies and reference materials for the detection of Huanglongbing (HLB)

Aminta Hernández Marín[1,2], Ester Marco-Noales[1], Félix Morán Villamizar[1]

[1] *Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias (IVIA), CV-315 7, 46113, Moncada, España.*

[2] *Programa de Doctorado en Recursos y Tecnologías Agrícolas. Universitat Politècnica de València, Camí de Vera s/n, 46022 València, España.*

Tipo Comunicación: PLENARIA

Palabras Clave: Detection; Diagnosis; HLB; HTS; ONT; Reference material.

Resumen: Huanglongbing (HLB), also known as citrus greening, is one of the most devastating citrus diseases and is regulated in the European Union as a priority quarantine pest due to its impact on production, fruit quality, and crop longevity. Since HLB has no cure, preventing its introduction depends on having sensitive, specific, and rapid detection tools, especially at critical points such as Border Control Posts (BCPs). In this context, a strategy is being developed for the detection and identification of *'Candidatus Liberibacter'* species in fruit using third-generation high-throughput sequencing (HTS–Oxford Nanopore Technologies). To this end, (i) a rapid library preparation method has been evaluated, (ii) three rapid DNA extraction methods (based on NaOH, magnetic beads, and a commercial kit) have been designed and compared, and (iii) a user-friendly bioinformatic analysis workflow has been developed to enable agile and reliable detection and identification of HLB-associated species. Additionally, this approach will allow assessment of the potential risk posed by infected fruit as a possible source of inoculum, an aspect that remains poorly studied. Complementarily, this work addresses another major challenge for HLB-free countries: the lack of reference material that can be used as a positive control in diagnostic analyses. To address this, a safe and standardized reference material has been developed through genetic engineering, in accordance with EPPO guidelines (PM7/147), applicable to HLB diagnosis following protocol PM7/121. This openly accessible reference material has been validated as a control for the conventional and real-time PCR-based methods included in the protocol. Overall, the tools and strategies developed in this work will strengthen phytosanitary surveillance against HLB in the European Union. The combination of rapid analytical methods, third-generation sequencing, and standardized reference materials will improve early detection and diagnostic reliability, helping reduce the risk of introduction and spread of one of the greatest threats to global citrus production.

Financiado por This work was made possible thanks to the projects: PID2021 124145OR C21 funded by MICIU/AEI /10.13039/501100011033 and FEDER, EU; IVIA GVA 52202D from Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias (project eligible for co-financing by the European Union through the ERDF Program 2021–2027 Comunitat Valenciana); EmergeNOW – Emergent detection technologies for plant health diagnostics at EU import points (HORIZON CL6–2024 FARM2FORK 02–3 two-stage, CUP: E63C24002790006). Participation of A. H M. in this research was financially supported by CIACIF/2023/164 (FSE+ Comunitat Valenciana 2021–2027).

OP.13: Multiple infections by ToLCNDV and unrelated viruses identified through NGS in field-collected melon samples

Mireia Uranga[1,2], Clara Ontañón Rojas[1], Francisco Villanueva[3], Cécile Desbiez[4], Juan José López-Moya Gómez[1]

[1] *Centre for Research in Agricultural Genomics (CRAG), CSIC-IRTA-UAB-UB, 08193 Cerdanyola del Vallès, Spain*

[2] *2 Institute for Integrative Systems Biology (I2SysBio), UV-CSIC, 46908 Paterna, Spain*

[3] *Huerta Valle Hibri2 S.L, 29700 Vélez-Málaga, Spain*

[4] *4 Institute for Agriculture, Food, and Environment (INRAE), Pathologie Végétale, 84143 Montfavet, France*

Tipo Comunicación: PLENARIA

Palabras Clave: NGS; mixed infections; tomato leaf curl New Delhi virus; viral genetic diversity; melon

Resumen: Spain is the leading producer of cucurbits in the European Union, with an important contribution of melon crops. Among other pathogens, viruses constitute a serious threat to cucurbit production, including the emergent Tomato leaf curl New Delhi virus (ToLCNDV), a bipartite begomovirus (genus *Begomovirus*, family *Geminiviridae*) persistently transmitted by the whitefly *Bemisia tabaci*. In recent decades, ToLCNDV has undergone rapid worldwide spread, also reaching the western Mediterranean Basin. The ToLCNDV isolates present in Spain infect cucurbit crops and cause huge economic losses every year. Additionally, mixed infections of ToLCNDV and other viruses often lead to synergistic interactions that can drastically increase disease severity. In the framework of the EU-funded project VIRTIGATION, we recently characterized the virome of a collection of wild and cultivated melon genotypes established in the region of Axarquía, Málaga (Spain), where ToLCNDV is frequently present. After sampling melon plants exhibiting virus-like symptoms, we constructed RNA-seq libraries and submitted them to Next Generation Sequencing (NGS), followed by characterization of viral diversity using the Genome Detective tool. Our results confirmed the presence of ToLCNDV along with various viral agents belonging to the *Potyvirus* (Moroccan watermelon mosaic virus, MWMV), *Crinivirus* (cucurbit chlorotic yellows virus, CCYV), *Cucumovirus* (cucumber mosaic virus, CMV), and *Polerovirus* (cucurbit aphid-borne yellows virus, CABYV) genera in symptomatic plants that corresponded in many cases with severe disease symptoms. The in-depth sequence analysis of the RNA-seq contigs allowed us to determine the complete DNA-A and DNA-B genomic segments of the circulating ToLCNDV isolate. Our phylogenetic analysis indicated that ToLCNDV DNA-A was closely related to French isolates, while DNA-B clustered with other Spanish isolates. This report confirms the common occurrence in Axarquía of mixed infections involving ToLCNDV and other whitefly and aphid-vectored common viruses, highlighting the need to develop control and prevention measures against ToLCNDV in Southern Spain.

Financiado por VIRTIGATION project, European Union's Horizon 2020 research and innovation programme under grant agreement No 101000570. Research grants CEX2019-000902-S funded by MICIU/AEI/ 10.13039/501100011033 and by the CERCA Programme / Generalitat de Catalunya, and PID2022-139376OB-C33 funded by MICIU/AEI/10.13039/501100011033 by "ERDF/EU". CO is recipient of fellowship PRE2020-094228 funded by MICIU/AEI /10.13039/501100011033 and by "ESF Investing in your future".

OP.14: Dinámica de *Aspergillus* spp. en higos secos españoles y riesgo de contaminación por aflatoxinas

Zakaria Janfi[1,2], Francisco Abel Guerrero-Páez[1,2], María Ángeles Romero-Martín[1], Ana Gordon[1,3], Concepción Muñoz Díez[1], María Teresa García-López[1,2], Juan Moral[1,2]

[1] Departamento de Agronomía, Universidad de Córdoba. Campus de Rabanales, 14071 Córdoba, España

[2] ENZOEM, Unidad de Investigación Competitiva en Zoonosis y Enfermedades Emergentes, Universidad de Córdoba, España

[3] Departamento de Biología Celular, Fisiología e Inmunología, Universidad de Córdoba. Campus de Rabanales, 14071 Córdoba, España

Tipo Comunicación: PLENARIA

Palabras Clave: *Aspergillus flavus*; higuera; micotoxinas; dinámica del inóculo; riesgo relativo; seguridad alimentaria

Resumen: Las aflatoxinas representan un riesgo significativo para la producción de higo seco (*Ficus carica* L.). Sin embargo, los factores que determinan la dispersión de los hongos productores, *Aspergillus* sección *Flavi*, en los campos de higuera mediterráneos están escasamente caracterizados. Durante tres campañas (2022-2024), se estudió la dinámica poblacional de la sección *Flavi* en cinco parcelas de higuera del Valle del Jerte (España; cv. 'Granito'), muestreando frutos (de copa y de suelo), hojas, suelo y aire. Se registró la incidencia de contaminación y la densidad de esporas aerotransportadas mediante trampas de esporas tipo Hirst, junto con variables meteorológicas. Se aplicó un modelo de aprendizaje automático (*Random Forest*) para predecir picos de contaminación a partir de variables climáticas, y se calculó el Riesgo Relativo (RR) para evaluar el efecto de distintas prácticas de manejo. Los frutos caídos al suelo presentaron una incidencia de colonización 3-4 veces superior a la de los frutos de copa ($P < 0,001$), confirmando el suelo como principal fuente de inóculo. La densidad de inóculo en suelo alcanzó 805 UFC/g a finales de verano, y ratios Ca/K bajos se asociaron a mayor contaminación ($r = -0,678$; $P = 0,045$). La densidad de esporas aéreas fue máxima en agosto, especialmente en condiciones de calor, sequedad y bajo viento (19,44 UFC/m^3 en 2023). El modelo *Random Forest* predijo los picos de contaminación con alta precisión (exactitud = 0,998; sensibilidad = 0,957), identificando la baja humedad relativa (<31 %) y la temperatura elevada (>28 °C) como principales factores de riesgo. La frecuencia de recolección resultó el factor de manejo más relevante: recoger los frutos caídos cada 3 días redujo la contaminación en suelo un 37 % respecto a la recolección semanal (RR = 0,629; $P < 0,001$). La cubierta vegetal incrementó el RR tanto en suelo como en frutos caídos, mientras que el riego lo redujo en suelo. Estos resultados respaldan la vigilancia dirigida y la recolección frecuente de frutos caídos como medidas esenciales para la prevención de micotoxinas en la producción mediterránea de higo.

Financiado por El proyecto EPINET (Red Epidemiológica Inteligente: Epidemiología, Modelización Matemática y Tecnologías de Precisión para la Salud del Olivo; UCO-PPTA 2026). Trabajo realizado en colaboración con la Asociación de Cooperativas del Valle del Jerte. El contrato de M.T.G.L. estuvo vinculado a la ayuda JDC2022-048362-I, financiada por MICIU/AEI/10.13039/501100011033 y la Unión Europea NextGenerationEU/PRTR.

OP.15: Riesgo global de establecimiento de *Fusarium oxysporum* bajo cambio climático: integración de teledetección, modelización ecológica y climática CMIP6

Rocío Calderón Madrid[1,2,3], Ryan P. Pavlick[4,5], Sharifa G. Crandall[6], Natalie M. Mahowald[7], Kaitlin M. Gold[2]

[1] *Instituto de Agricultura Sostenible (IAS-CSIC)*

[2] *Plant Pathology and Plant-Microbe Biology Section, School of Integrative Plant Sciences, Cornell AgriTech, Cornell University, Geneva, NY, USA*

[3] *Instituto de Agricultura Sostenible (IAS), Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), Córdoba, España*

[4] *Jet Propulsion Laboratory, California Institute of Technology, Pasadena, California, USA*

[5] *NASA Headquarters, Washington, DC, USA*

[6] *Department of Plant Pathology and Environmental Microbiology, The Pennsylvania State University, University Park, PA, USA*

[7] *Department of Earth and Atmospheric Science, Cornell University, Ithaca, NY, USA*

Tipo Comunicación: PLENARIA

Palabras Clave: *Fusarium oxysporum*; evaluación del riesgo; teledetección; modelos de distribución de especies; CMIP6; cambio climático.

Resumen: La marchitez vascular causada por el hongo del suelo *Fusarium oxysporum* (*Fo*) representa una amenaza creciente para la producción agrícola mundial. Su amplia gama de especies huéspedes y su persistencia durante décadas en el suelo dificultan su control. Comprender cómo el cambio climático modificará su distribución resulta por ello esencial para orientar la vigilancia fitosanitaria y salvaguardar la seguridad alimentaria. En este estudio se empleó el triángulo de la enfermedad como marco conceptual para evaluar la distribución actual y futura del riesgo de establecimiento de *Fo* a escala global, integrando información sobre el patógeno, el ambiente y el huésped susceptible. Para ello, se recopilaron 4524 registros georreferenciados de incidencia procedentes de más de 30 años de literatura científica y se combinaron con variables bioclimáticas, edáficas y topográficas derivadas de teledetección, junto con la fracción de superficie cultivada y la fluorescencia de clorofila inducida por el sol (SIF) como indicadores de presencia y actividad de huéspedes susceptibles. Estas variables se integraron en un modelo de distribución de especies con enfoque ensamblado para estimar la idoneidad actual para la enfermedad y realizar proyecciones futuras a partir de modelos climáticos CMIP6 bajo distintos escenarios de cambio climático. Los resultados indicaron que actualmente el 20,7 % de la superficie terrestre y el 70,8 % de las tierras de cultivo presentan condiciones favorables para el desarrollo de la marchitez por *Fo*. La temperatura media anual y la humedad del suelo fueron los principales factores explicativos, mientras que las variables de presencia y actividad fotosintética del huésped mejoraron significativamente la capacidad predictiva. Se identificaron como regiones especialmente vulnerables el Caribe, África oriental, el sudeste asiático y diversas islas del Pacífico, donde el elevado riesgo fitopatológico coincide con alta vulnerabilidad socioeconómica. Las proyecciones futuras revelaron una redistribución espacial asimétrica: expansión en latitudes medias y altas del hemisferio norte, impulsada principalmente por el aumento de temperaturas, y expansión secundaria en el norte del África subsahariana, donde convergieron temperaturas más favorables, mayor humedad del suelo y expansión de las tierras de cultivo. En los trópicos las respuestas fueron más heterogéneas, con pérdidas localizadas de idoneidad ligadas a cambios en los patrones de humedad del suelo. Estos resultados demuestran que la integración explícita de los componentes del triángulo de la enfermedad mediante teledetección, modelización ecológica y proyecciones climáticas mejora sustancialmente la evaluación del riesgo fitopatológico, proporcionando una base científica robusta para el diseño de estrategias de vigilancia, adaptación y gestión de enfermedades en cultivos frente al cambio climático.

Financiado por NASA Interdisciplinary Sciences Program (Grant ID 80NSSC20K1533).

OP.16: Epidemiologia de Flavescencia Dorada en Girona: análisis de su dispersión y reemergencia para una erradicación efectiva

Honorat Sabaté Antico[1], Jordi Mateu Pozuelo[1], Cesca Alcalá Castellblanque[2], Jordi Sabate Rabella[2]

[1] *Unitat de Sanitat Vegetal a Girona, El Cortalet*

[2] *IRTA Cabrils*

Tipo Comunicación: PLENARIA

Palabras Clave: fitoplasma; flavescencia; scaphoideus; vid; epidemiología; erradicación

Resumen: La Flavescencia Dorada (FD) de la vid representa una de las amenazas más significativas para los cultivos de vid en Europa. Esta enfermedad la causa el fitoplasma "*Candidatus* Phytoplasma vitis", ampliamente distribuido por Francia, Italia, los Balcanes, Centro-Europa y el norte de Portugal. En España está presente en las provincias de Pontevedra y en Girona con pequeños focos recurrentes erradicados desde los años noventa y actualmente sin positivos desde 2023. La aparición de la enfermedad en España coincide con la distribución de su principal vector Scaphoideus titanus (ST). Esto hace que el control del vector sea clave para la erradicación de la enfermedad juntamente con la prospección visual y el análisis por QPCR. En 2021 se declaró el último foco de FD en el Gironès, que en 2022 se amplió a 5 en unos 10 km de diámetro. En 2023 sólo se detectó un nuevo foco, disminuyendo la incidencia drásticamente en los focos anteriores y sin ninguna planta detectada como positiva desde entonces. Se capturaron insectos por aspiraron en las vides y márgenes quincenalmente de mayo a noviembre. También se analizaron por QPCR, aleatoriamente y por síntomas, plantas leñosas de los bordes de los viñedos afectados. Se detectó la presencia de fitoplasmas mediante una sonda general de Christensen y específicas para FD de Hren, y Angelini multiplexada con detección simultanea de otros fitoplasmas de vid como Bois Noir y Aster Yellows. No se capturaron adultos de ST en ninguna de las 3 parcelas estudiadas, hecho que demuestra la efectividad de los tratamientos, siendo una de las claves del éxito en la erradicación. En los márgenes se capturaron principalmente Euscelis sp. y entre los vectores de FD reportados Dyctiophara sp., y Phlogotettix cyclops. Solo se detectó FD en un individuo de Dyctiophara sp. Entre las plantas salvajes, solo se detectó FD en algunos individuos de *Clematis flammula*. En paralelo se detectaron '*Ca.* P. rhamni' (16SrX-E) y PEY phytoplasma (16SrIX-C), ambos en *Rhamnus alaternus*. El análisis MLST de secuencias (Mahlembic-Maher et al., 2020) de 10 vides y 9 *C. flammula* reveló la no coincidencia de cepas entre los dos huéspedes, siendo en vid M54 y en clematis M12. M54 es la cepa más común y virulenta, distribuida por toda Europa, mientras que M12 está ampliamente distribuida en clematis en toda europa y se ha detectado muy pocas veces en vid. Con los resultados hasta el momento, todo parece indicar que los focos en los viñedos no proceden de la vegetación salvaje circundante, hecho clave en la erradicación y contención

Financiado por Encargo de sanidad vegetal para patógenos de cuarentena. Departament d'Agricultura Pesca i Alimentació, Generalitat de Catalunya.

Sesión Plenaria V: Interacción Planta Patógeno

OP.17: Simultaneous mapping of host-pathogen genetic components via bidirectional association genomics

Victoria Widrig, David Encalada Bustamente, Javier Sánchez Martín

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

Tipo Comunicación: PLENARIA

Palabras Clave: disease resistance; landraces; powdery mildew; bidirectional association; R-Avr pairs; wheat

Resumen: The persistent "boom-and-bust" cycle of resistance genes (R-genes) in wheat breeding requires a paradigm shift toward understanding the reciprocal genetic landscapes of host resistance and pathogen virulence. Traditional approaches focus on one side (either the host or the pathogen) of the pathosystem, but the molecular dialogue between wheat and its pathogens is inherently bidirectional; that interaction shapes variation at the whole-genome and population levels in both the host and the pathogen. To move beyond the current, one-sided focus of association mapping approaches, we employed a two-way association genomics framework that accounted for the complex population structures of both organisms simultaneously. We conducted a joint association study of disease resistance in the wheat-powdery mildew pathosystem, consisting of a panel of 350 wheat tetraploid landraces and Pm tester lines genotyped with DarTSeq technology, that were challenged with 48 genetically diverse Bgts from around the world and Illumina-based sequenced. By utilizing a bidirectional association mapping approach to simultaneously map infection phenotypes to both genomes, we resolved over a hundred R-Avr interactions, identifying 10 Avr loci and 30 R loci that overlap with two known Avrs and four cloned R genes. Furthermore, we present molecular validation evidence for new Avrs recognized by the corresponding Pm2, Pm5, and Pm16 resistance genes. Finally, we present validation data for Pm16 and Pm25 resistance genes. Our bidirectional GWAS approach enables the simultaneous cloning of cognate R/Avr pairs, bypassing the resolution limits of single-species GWAS and the time constraints of biparental mapping. Furthermore, elucidating this landscape provides a framework for "precision pyramiding"—selecting R-gene combinations informed by specific Avr allele frequencies within pathogen populations. This study uncovers novel sources of resistance within Spanish landraces and establishes a scalable genomic template for deciphering co-adaptation in complex pathosystems. Our approach moves wheat breeding away from a reactive stance towards the proactive development of varieties with broad and long-term resistance to pathogens.

Financiado por Spanish Ministry of Science, Innovation and Universities (RYC2021-032699-I and PID2022-142651OA-I00).

OP.18: Nuevos mecanismos de regulación de la respuesta inmune en la defensa antiviral de las plantas

Carmen Robinson[1], Irene Guzmán Benito[1], Ana Rocío Sede[2], Laura Elvira González[2], Manfred Heinlein[2], César Llave[1]

[1] *Centro de Investigaciones Biológicas Margarita Salas. Madrid*

[2] *Institut de Biologie Moléculaire des Plantes, Strasbourg (France)*

Tipo Comunicación: PLENARIA

Palabras Clave: interacción planta-patógeno; inmunidad innata; defensa antiviral; virus de plantas

Resumen: En este trabajo presentamos los resultados más recientes obtenidos en nuestro grupo sobre el papel de la inmunidad innata en la interacción planta-virus. Aunque numerosos estudios han identificado reguladores y transductores de señal inmune como componentes clave de la defensa antiviral, los mecanismos moleculares que sustentan esta respuesta siguen siendo poco conocidos. Nuestro trabajo se ha centrado en el estudio de las proteínas de membrana BAK1-INTERACTING RECEPTOR-LIKE KINASE (BIR) y su función como reguladores negativos de la inmunidad antiviral. Estas proteínas son esenciales para la homeostasis de la respuesta inmune, ya que previenen la activación constitutiva de las defensas en ausencia de estímulos externos. Nuestros resultados muestran que la inducción de los genes *BIR* durante la infección viral es consecuencia de la acción antagonista de las hormonas de defensa ácido salicílico y ácido jasmónico, ambas acumuladas significativamente en el tejido infectado. La inducción de estos genes desempeña un papel clave en el proceso infeccioso, ya que BIR1 actúa como un factor proviral al interferir con la expresión de genes de defensa y con la acumulación de calosa en los plasmodesmos, favoreciendo así la dispersión del virus en la planta. Por el contrario, la función represora de BIR3 requiere componentes esenciales de la respuesta hipersensible, lo que sugiere que esta proteína regula una respuesta inmune dependiente de proteínas de resistencia NLR (Nucleotide-binding leucine-rich repeat receptors) capaz de restringir la proliferación viral sin desencadenar muerte celular. Recientemente, hemos identificado un conjunto de proteínas denominadas HYPERSENSITIVE INDUCED REACTION (HIR) como interactores de BIR1. Tanto BIR1 como las proteínas HIR colocalizan en la membrana plasmática y se inducen tras la infección viral. Además, mutantes *hir* de pérdida de función en *Arabidopsis* presentan una mayor resistencia a la infección viral, similar a la observada en mutantes *bir1-1*, lo que sugiere que las proteínas HIR actúan aguas abajo de BIR1 en la regulación negativa de las respuestas antivirales. En conjunto, estos resultados aportan nuevos avances en la comprensión de los mecanismos que regulan la respuesta inmune vegetal y de su contribución a las relaciones de compatibilidad planta-virus.

Financiado por CL: Proyectos RTI2018-096979-B-I00 y PID2021 127982NB-I00 financiado por MICIU/AEI/10.13039/501100011033 and, by “ERDF/EU A way of making Europe”, y iLINKA20415 por CSIC (Spain). MH: Proyectos ERA-NET SusCrop2 / ANR-21-SUSC-0003-01 and ANR-PRC / ANR-21-CE20-0020-01.

OP.19: Desarrollo del apresorio en hongos fitopatógenos: del hongo modelo *Magnaporthe oryzae* a *Colletotrichum* en olivo

María Isabel Márquez-Pérez[1], Pilar Rallo[2], Dov Prusky[3], Matthew Wengler[4], Juan Moral[1], Nick Talbot[4]

[1] *Universidad de Córdoba, Córdoba*

[2] *Universidad de Sevilla, Sevilla*

[3] *The Volcani Center, Dagan*

[4] *The Sainsbury Laboratory, Norwich*

Tipo Comunicación: PLENARIA

Palabras Clave: apresorio; antracnosis; olivo; ceras; hidrofobicidad; interacción planta-patógeno

Resumen: El apresorio es una estructura especializada esencial en numerosos hongos fitopatógenos, responsable de la penetración directa en los tejidos del huésped durante las etapas iniciales del proceso de infección. Su diferenciación a partir del tubo germinativo está regulada por señales físicas y químicas presentes en la superficie vegetal. Entre ellas, las ceras cuticulares desempeñan un papel importante, actuando no solo como barrera protectora frente a estreses bióticos y abióticos, sino también como señales capaces de inducir la diferenciación del apresorio. Asimismo, múltiples genes implicados en rutas de percepción y transducción de señales regulan este proceso. El desarrollo y regulación del apresorio han sido ampliamente estudiados en el hongo modelo *Magnaporthe oryzae*, donde se han identificado numerosos mecanismos moleculares implicados en la percepción de señales superficiales. Sin embargo, en especies de *Colletotrichum*, especialmente en el patosistema olivo-*Colletotrichum*, los factores que regulan las etapas iniciales de la infección siguen siendo poco conocidos, a pesar de que la antracnosis del olivo constituye una de las enfermedades más importantes del cultivo por su impacto en la producción y calidad del aceite. Para profundizar en los mecanismos implicados en la formación del apresorio, se abordó el estudio desde dos aproximaciones complementarias. Por un lado, se generaron mutantes de *M. oryzae* en genes candidatos relacionados con la percepción de señales y la diferenciación del apresorio (Pth11, Msb2 y Sho1). Por otro, en el patosistema olivo-*Colletotrichum* se evaluó la influencia de las ceras cuticulares de distintos cultivares de olivo sobre la germinación y la diferenciación de apresorios en *C. nymphaeae* y *C. godetiae* (especies predominantes en la cuenca mediterránea), así como el efecto del estado de maduración del fruto, la especialización tisular, la hidrofobicidad superficial y la disponibilidad de nutrientes. El análisis funcional en *M. oryzae* confirmó la implicación de Pth11, Msb2 y Sho1 en la percepción de señales superficiales y en el desarrollo del apresorio. De forma consistente, las ceras de hojas y frutos de olivo estimularon tanto la germinación de conidios como la diferenciación de apresorios, especialmente las procedentes de frutos maduros. Por el contrario, las ceras de frutos no huéspedes inhibieron significativamente estos procesos. Además, las superficies hidrofóbicas favorecieron la diferenciación de apresorios, mientras que la disponibilidad de nutrientes redujo su formación. En conjunto, estos resultados evidencian la importancia de las señales físicas y químicas del huésped en la regulación del apresorio y aportan nuevos conocimientos sobre las etapas tempranas de la interacción olivo-*Colletotrichum*.

Financiado por Este trabajo fue financiado por el Plan Andaluz de Investigación, Desarrollo e Innovación (PAIDI 2020, Ref. PREDOC_00714 a MIMP) y por el proyecto PROLIVE (PLEC2023- 010225) convocatoria TRANSMISIONES financiado por CDTI y AEI.

OP.20: A receptor-like kinase controls plasmodesmal transport of conserved 30K viral movement proteins through phosphorylation

Juan Martinez Saez[1], Angel Chavez[2], Andrea Restrepo-Escobar[3], T. Moritz Schladt[3], Wolf B. Frommer[3], Waltraud X. Schulze[2], Manuel Miras[1]

[1] *Centro de Edafologia y Biologia aplicada del Segura. Murcia*

[2] *Department of Plant Systems Biology, University of Hohenheim, Stuttgart, Germany*

[3] *Heinrich Heine University Düsseldorf, Faculty of Mathematics and Natural Sciences, Institute for Molecular Physiology, Düsseldorf, Germany*

Tipo Comunicación: PLENARIA

Palabras Clave: RDA2; movement protein; plasmodesmata; phosphorylation; kinase; proximity labeling

Resumen: Intercellular viral movement in plants is mediated by movement proteins (MPs) that modulate plasmodesmata (PD) enabling cell-to-cell and systemic trafficking. Although phosphorylation has long been implicated in the regulation of MP localization and activity, the identity of host kinases and the interface with immune signaling have remain unresolved. Here, we identified the *Arabidopsis thaliana* lectin receptor-like kinase RDA2 as a PD-associated regulatory component of viral movement. Using proximity labeling, we detected RDA2 as a proximal interactor of the tobacco mosaic virus (TMV) MP, and show that RDA2 directly phosphorylates MP at multiple sites *in vitro*. Phosphorylation at threonine 75 is required for efficient PD targeting and intercellular movement, while phospho-dead mutants failed to complement viral spread. Loss of RDA2 enhanced MP mobility and increased TMV accumulation *in planta*, indicating that RDA2 modulates PD transport during the infection. RDA2 also interacted with and phosphorylated the movement protein of cucumber mosaic virus, implicating that this regulatory mechanism extends across members of the 30K MP superfamily. Our findings demonstrate that a plasma membrane receptor-like kinase can directly modify viral movement proteins, establishing a mechanistic link between receptor-mediated immune signaling and the post-translational control of symplasmic connectivity.

Financiado por Ministerio de ciencia, innovación y universidades, poyecto: PID2023-149845OA-100.

OP.21: Impact of water stress and virus infection on sugar beet traits and aphid feeding behavior

Jaime Jiménez Ruiz[1,2], Miluska López-Juncay[2], Aranzazu Moreno[2], Alberto Fereres[2]

[1] *Instituto de ciencias Agrarias, Consejo Superior de Investigaciones Científicas*

[2] *Instituto de Ciencias Agrarias (ICA-CSIC), Madrid*

Tipo Comunicación: PLENARIA

Palabras Clave: climate change; drought; electrical penetration graphs; beet yellows virus; *Myzus persicae*.

Resumen: Drought periods derived from current climate change conditions have led crops to undergo severe water stress that directly impact plant development and indirectly affect insect pests dynamics and therefore their transmitted pathogens. In this work, we aimed to elucidate the relationship between water stress and virus infection by the semipersistently transmitted beet yellows virus (BYV, *Closterovirus*) on sugar beet (*Beta vulgaris* L.). We first investigated the impact of BYV on sugar beet agronomic traits under severe water stress and under greenhouse conditions. Secondly, we used the electrical penetration graph (EPG) technique to study the effect of either water-stressed or well-watered sugar beets on the feeding behaviour and further BYV transmission by viruliferous *Myzus pesicae* (Sulzer). Results from greenhouse experiments revealed that the interplay between drought and virus infection had a significant and negative impact on sugar beet growing parameters such as leaf greenness, number of leaves, leaf area and temperature, and fresh and dry weight, in comparison to healthy droughted plants. Although non-significant, BYV-infected and droughted plants also presented lower stomata density and stomata pore area as well as lower water use efficiency (WUE) in comparison to those only water-stressed. More importantly, interplay of drought and BYV-infection led to a significant reduction of sugar yield (10.4 *vs* 9.5% sucrose) when compared to droughted non-infected plants. Additionally, EPG experiments showed an impact of drought on aphid feeding behaviour. Viruliferous aphids took longer to produce the phloem-pd (stylet activity associated to BYV inoculation) when fed on droughted plants than those fed on well-watered plants. Remarkably, among viruliferous aphids able to inoculate BYV to the receptor plant during the EPG recording, aphids fed on droughted plants produced a significant 3-fold decrease of phloem-pds produced (12 *vs* 3.6) than those fed on well-watered plants. However, that behaviour did not alter BYV transmission (70.7% for well-watered *vs* 76.7% for water-stressed). In conclusion, the interplay of drought and virus infection negatively impacted sugar beet growing in comparison to the only-drought scenario, emphasizing the negative effects when both biotic and abiotic stresses converge. Also, droughted plants modified aphid behaviour in a way that would reduce BYV transmission (eg. longer time to produce the first phloem-pd and less number of phloem-pds) although such changes did not change transmission rate. This study again remarks the importance of efficient pest control strategies to disrupt virus spread and further transmission to crops under the often drought scenario on agriculture.

Financiado por Research funded by the project 'Multitrophic interactions between viruses, aphids, and natural enemies in a changing climate' funded by Ministerio de Ciencia e Innovación (Grant: PID2020-117074RB-I00). Authors also thank 'Programa Atracción de Talento César Nombela, Comunidad de Madrid' (Grant: 2025-T1/BIO-36326).

OP.22: Comparación de perfiles de expresión de lncRNA relacionados con la defensa de *Pinus* spp. con diferente susceptibilidad a *Fusarium circinatum* mediante RNA-seq dual

Cristina Zamora Ballesteros[1,2,3], Julio Javier Diez Casero[1,2], Gloria Pinto[4], Arthur Alves[4], Katrin Heer[3], Jorge Martín-García[1,2]

[1] *Sustainable Forest Management Research Institute, University of Valladolid—INIA, 34004 Palencia, Spain*

[2] *Department of Vegetal Production and Forest Resources, University of Valladolid, 34004 Palencia, Spain*

[3] *Eva Mayr-Stihl Professorship for Forest Genetics, Faculty of Environment and Natural Resources, Albert-Ludwigs-Universität Freiburg, Bertoldstraße 17, 79098, Freiburg i. Br., Germany*

[4] *Centro de Estudios Ambientales y Marinos, CESAM, Departamento de Biología, Universidad de Aveiro, 3810-193 Aveiro, Portugal*

Tipo Comunicación: PLENARIA

Palabras Clave: RNA-seq dual; inmunidad de coníferas; *Pinus pinea*; *Pinus radiata*; *Fusarium circinatum*; lncRNA; redes de co-expresión.

Resumen: Los ARN largos no codificantes (lncRNAs, por sus siglas en inglés) son reguladores emergentes de la inmunidad vegetal, pero su papel en las interacciones conífera-patógeno permanece en gran medida inexplorado. Aplicamos un marco de RNA-seq dual en *Pinus pinea* resistente y *P. radiata* susceptible inoculados con *Fusarium circinatum* a los 4 días post-inoculación (dpi), y simultáneamente de los lncRNAs fúngicos. Mediante un pipeline conservador de múltiples herramientas, identificamos 8.783 lncRNAs en *P. radiata*, 5.255 en *P. pinea* y 1.020 en *F. circinatum*. Los lncRNAs de pino mostraron características canónicas (menor longitud, menor número de exones y más cortos, predominio intergénico) y una conservación limitada de la secuencia primaria. El análisis de expresión diferencial reveló 37 (en *P. radiata*) y 34 (en *P. pinea*) lncRNAs con respuesta a la infección. Los genes diana *cis* predichos en *P. radiata* estaban enriquecidos en funciones relacionadas con la energía/redox y las giberelinas, mientras que los de *P. pinea* apuntaban al control del ciclo de Krebs (TCA)/redox y de la traducción. El análisis de co-expresión génica ponderada situó los lncRNAs de *P. radiata* en módulos de tipo defensivo sin asociación significativa con la infección, mientras que los de *P. pinea* se agruparon en dos módulos con asociaciones opuestas a la infección: uno que aumentó y estaba enriquecido en inmunidad, biosíntesis de flavonoides y procesos de pared celular, y otro que disminuyó y se relacionó con la fotosíntesis y funciones del cloroplasto. En el lado del patógeno, la infección del hospedador resistente activó lncRNAs específicos de *F. circinatum* vinculados al control transcripcional y a la posible activación *cis* de genes degradadores de pared celular y de biosíntesis de toxinas, junto con la regulación a la baja en regiones cercanas a loci de biosíntesis de ergosterol. En cambio, durante la infección del hospedador susceptible, los módulos asociados a la especie estuvieron dominados por funciones relacionadas con la traducción. En conjunto, estos resultados definen una capa reguladora no codificante que diferencia las estrategias de resistencia y susceptibilidad en el patosistema *Pinus–F. circinatum*, proporcionan los primeros catálogos de lncRNAs para *P. pinea* y *F. circinatum*, y ofrecen candidatos verificables para la validación funcional y el desarrollo de biomarcadores en la gestión de enfermedades forestales.

Financiado por This work was supported by project PID2019-110459RB-I00 funded by MICINN (Spain).

OP.23: Virus evolution in tolerant plants: When host and pathogen interest align

Ismail Kirrout[1], Cristina Sáez Sánchez[1], Viji Vijayan[1], Nuria Montes[2], Jesús Israel Pagán Muñoz[1]

[1] *Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas (CBGP) UPM-INIA, 28223 Madrid, Spain*

[2] *Instituto de Investigación Sanitaria Princesa (IIS-Princesa), Hospital Universitario de la Princesa, 28006 Madrid, Spain*

Tipo Comunicación: PLENARIA

Palabras Clave: Plant tolerance; Virus evolution; Host-pathogen interactions; *Turnip mosaic virus*; *Arabidopsis thaliana*; Transcriptomic analysis

Resumen: Plant genetic resistance is the preferred strategy to control virus epidemics. However, it is short-lived as it imposes a strong selection pressure on the pathogen, resulting in rapid evolution of resistance-breaking strains. Thus, there is increasing need of developing alternative, more durable, methods. One of the most promising ones is the use of plant tolerance to virus infection. Because tolerance does not limit virus multiplication, but rather reduces the effect of infection on plant growth/yield, selection pressures towards evolution of tolerance-breaking strains is weak, which enlarges durability. Balancing this benefit, it has been proposed that the lack of control of the virus population in tolerant plants may promote virus evolution towards increasing virulence, which in turn would render tolerance ineffective. Despite being central to understand the costs of deploying tolerance in the field, this hypothesis has not been experimentally tested to date. To address this subject, we performed 10 serial passages of *Turnip mosaic virus* (TuMV) horizontal transmission in two different host populations of its natural host *Arabidopsis thaliana* consisting of: (i) only tolerant plants (Col-0 genotype), and (ii) only non-tolerant plants (Ll-0 genotype). We then quantified the level of multiplication and seed transmission rate of the evolved viruses, and plant tolerance as the TuMV multiplication to plant fitness relationship. Results indicated that TuMV evolution in tolerant (but not in non-tolerant) plants led to an apparent increase in tolerance, and enhanced virus multiplication and seed transmission rate. Accordingly, virus evolution altered the host transcriptome, particularly in genes related to response to stress and regulation of the developmental schedule. These changes were associated with the accumulation of 44 fixed mutations in the viral genome, 20 of them being non-synonymous. The Protease 1 (P1) and the RNA-dependent RNA polymerase (NIb) genes showed a larger proportion of mutations than expected by chance, some located in functional protein regions. Notably, among *A. thaliana* genes encoding proteins known to interact with TuMV proteins, most that were differentially expressed after TuMV evolution in tolerant plants interact with the NIb. In sum, we provide novel information on the molecular basis of virus adaptation to plant tolerance. Moreover, we show that tolerance does not induce evolution towards higher virulence, but rather the opposite, while increasing virus vertical transmission. This results in the alignment of both the virus and the plant interests, which should reduce the chances for the emergence of tolerance-breaking strains.

Financiado por This work was funded by the *Plan Estatal de I+D+i*, Agencia Estatal de Investigación, Spain (grant PID2022-141836OB-I00 to IP), and by a predoctoral contract granted by the Universidad Politécnica de Madrid, within the framework of the *Programa Propio de I+D+i 2025 "Ayudas para contratos predoctorales para la realización del doctorado con mención internacional en sus escuelas, facultades, centros e institutos de I+D+i"*, under the resolution of the 8th of April 2026.

OP.24: Adaptación al huésped y determinantes funcionales de sweet potato leaf curl deltasatellite 1

Elvira Fiallo-Olivé, José N. Jaén-Sanjur, Ismael Trujillo-Artero, Jesús Navas-Castillo

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

Tipo Comunicación: PLENARIA

Palabras Clave: deltasatélites; sweet potato leaf curl deltasatellite 1; evolución experimental; clones infectivos; mutantes

Resumen: Los deltasatélites (*Tolecusatellitidae: Deltasatellite*) son agentes subvirales de ADN monocatenario circular asociados a begomovirus (*Geminiviridae: Begomovirus*) que dependen de sus virus ayudantes para la replicación, el movimiento dentro de la planta, la encapsidación y la transmisión por la mosca blanca *Bemisia tabaci*. Sus genomas, de aproximadamente 700 nucleótidos, no codifican proteínas y contienen una región rica en adeninas, una región conservada en betasatélites y dos estructuras en horquilla. Los deltasatélites se han descrito asociados tanto a begomovirus monopartitos como bipartitos en diversas familias de plantas y pueden ser transreplicados experimentalmente por distintos geminivirus. Generalmente no alteran la sintomatología y su efecto sobre la acumulación del ADN viral depende de la combinación virus ayudante–planta huésped. En este trabajo investigamos la adaptación al huésped y los determinantes funcionales de sweet potato leaf curl deltasatellite 1 (SPLCD1). Se realizaron experimentos de evolución mediante pases seriados en múltiples sistemas huésped–virus: con su virus ayudante natural, sweet potato leaf curl virus (SPLCV), en *Nicotiana benthamiana* e *Ipomoea setosa*; con tomato yellow leaf curl virus en *N. benthamiana* y tomate; y con tomato leaf curl New Delhi virus en *N. benthamiana* y calabacín. Las plantas fueron agroinoculadas con clones infectivos y sometidas a cinco pases sucesivos mediante injerto de chapa. En cada pase se recolectaron hojas jóvenes para la extracción de ADN, amplificación por círculo rodante, clonación, secuenciación y análisis bioinformático. La evolución experimental de SPLCD1 en presencia de SPLCV reveló cambios dinámicos de secuencia sin que las sustituciones nucleotídicas llegaran a fijarse. Este patrón sugiere una adaptación óptima preexistente y una coevolución estabilizada. Los análisis preliminares de las demás combinaciones huésped–virus indican que la dinámica de SPLCD1 difiere entre sistemas, mostrando algunas combinaciones una mayor variación de secuencia. Por otra parte, para explorar los determinantes funcionales de SPLCD1, se generaron diez mutantes con modificaciones dirigidas en la secuencia y/o en la estructura secundaria predicha. Los ensayos de infección en *N. benthamiana* revelaron que todas las regiones analizadas contribuyen, en mayor o menor grado, a la acumulación del deltasatélite y que algunas progenies mostraron reversiones nucleotídicas, poniendo de manifiesto la existencia de restricciones selectivas. En conjunto, estos resultados aportan nuevo conocimiento sobre la dinámica evolutiva y la arquitectura funcional de los deltasatélites, así como sobre la forma en que la secuencia, la estructura y el entorno del huésped condicionan su persistencia y su interacción con los virus ayudantes.

Financiado por Ministerio de Ciencia e Innovación (y Universidades) (PID2021-128445OA-I00, PID2024-162765OB-I00), Fondo Social Europeo + y el programa de investigación e innovación Horizon 2020 de la Unión Europea (grant agreement No. 101000570, project VIRTIGATION).

OP.25: Plant pectate lyases as modulators of virus seed transmission

Lucía García Ordóñez, Cristina Sáez Sánchez, Helena Martín Rivilla, Daniel Conde Rodríguez, Jesús Israel Pagán Muñoz

Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas. Madrid

Tipo Comunicación: PLENARIA

Palabras Clave: Seed transmission; CMV; TuMV; *Arabidopsis thaliana*; cell wall; pectate lyases

Resumen: Vertical transmission from-the-parent-to-the-offspring is a main dispersal mode for at least 25% of all known plant viruses, playing a central role in disease emergence. This is because seed infection allows virus survival under unfavorable conditions, long-distance spread and is a source of primary inoculum. Despite the importance of seed transmission, the host genetic determinants of this process remain largely unknown. We addressed this subject using cucumber mosaic virus (CMV) and turnip mosaic virus (TuMV), and their natural host *Arabidopsis thaliana* as model systems. We performed Genome-Wide Association Studies (GWAS) using 160 plant genotypes, which identified 79 genes potentially involved in virus seed transmission. Notably, this set of genes was enriched in those involved in cell wall biogenesis and modification. Experimental validation of this set of genes using *A. thaliana* knock-out mutants led to identify two genes belonging to the pectate lyase family, *PLL18* and *PLL13*, as modulators of vertical transmission. Interestingly, silencing these genes led to contrasting effects: seed transmission was enhanced in *pll18* plants, whereas the opposite was observed in *pll13* individuals. Significant correlations between gene expression and virus seed transmission across a set of 10 wild *A. thaliana* genotypes further supported this conclusion. In line with changes in seed transmission rates, in the *pll18* mutant the virus accumulated to higher levels in the inflorescence leaves and ovules, and the *pll13* mutant showed lower virus accumulation. These alterations were not associated with changes in the expression of maker genes of major plant defence routes. Rather, histological analysis indicated that the *pll18* mutant has more vascular bundles in the inflorescence than the wild type and accumulated less callose in plasmodesmata. This supports that the lack of PLL18, which modulates the flexibility of the cell wall and is involved in the development of the plant vasculature, leads to alterations in phloem/xylem formation and cell wall capacity to regulate plasmodesmata exclusion size. Such modifications favour the virus invasion of reproductive organs, promoting seed transmission. Conversely, absence of PLL13 is associated with an increase in the pectin content of the cell wall which could reduce its flexibility and therefore interfere with virus entry in reproductive tissues. This is the first report supporting the role of cell wall proteins as modulators of virus seed transmission.

Financiado por Proyecto de Generación de Conocimiento: PID2022-141836OB-I00 del ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades.

OP.26: Ángeles y demonios en *Fusarium oxysporum*: las fronteras entre la patogenicidad y el endofitismo

Virginia Casado del Castillo[1], Riccardo Baroncelli[2], Ernesto Pérez Benito[1], José María Díaz Mínguez[1]

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

[2] *Dipartimento di Scienze e Tecnologie Agro-Alimentari, Facoltà di Agraria, Università di Bologna. Bolonia (Italia)*

Tipo Comunicación: PLENARIA

Palabras Clave: *Fusarium oxysporum*; patogenicidad; endófito; fusariosis vascular; genoma adaptativo; biocontrol

Resumen: El genoma de las estirpes pertenecientes al complejo de especies *Fusarium oxysporum* (FOSC) se compone de un genoma central que incluye el conjunto de genes esenciales para el desarrollo normal del hongo, y un genoma adaptativo, accesorio o específico de linaje (LS). Se considera a este último como el responsable de dos aspectos clave en la biología de este hongo: por un lado, su habilidad para desencadenar fusariosis en diversos hospedadores, tanto plantas como animales, y por otro, la especialización de las estirpes individuales de FOSC que ha permitido clasificarlas en formas especiales. Algunas de las categorías destacadas a las que pertenecen los elementos genéticos incluidos en el genoma LS son factores de transcripción, efectores, transposones, y factores de patogenicidad y/o virulencia. En este trabajo hemos obtenido mutantes derivados de una estirpe muy virulenta de *F. oxysporum* f. sp. *phaseoli* con una deleción parcial (aproximadamente 890 Kb) del genoma LS que incluye, entre otros elementos, a todos los parálogos *FTF1*, *SIX1*, *SIX6*, *ORX1*, y las copias del transposón *Marsu*. El cariotipo electroforético de los mutantes es similar al de estirpes endofíticas de FOSC. En plantas de judía los mutantes se comportan como estas últimas habiendo perdido absolutamente su patogenicidad, pero conservando su capacidad para colonizar los tejidos vegetales con un patrón de colonización que recuerda al de los endófitos en el mismo hospedador. Los ensayos de co-inoculación con las estirpes mutantes y estirpes virulentas de FOSC en judía y tomate demuestran que las primeras limitan significativamente el desarrollo de la enfermedad en ambos pato-sistemas. El efecto protector de los mutantes no parece estar relacionado con una inducción de la respuesta defensiva de la planta ya que la expresión de genes marcadores de rutas mediadas por hormonas no se induce significativamente. Debe, por tanto, existir otro/s mecanismo/s por el/los que los mutantes actúan como agentes de biocontrol y que quedan aún por dilucidar. Las similitudes en aspectos genéticos y fisiológicos observadas entre estos mutantes y estirpes endofíticas nos permiten proponer que los elementos incluidos en la región delecionada son los imprescindibles, al menos parte de ellos, para el carácter patogénico de las estirpes de FOSC y marcan la frontera entre patogenicidad y endofitismo en este complejo de especies.

Financiado por Este trabajo ha sido financiado por los proyectos AGL2012-39876-C02-01, AGL2015-66161-C2-1-R, PID2019-110605RB-100 y PID2022-139876NB-I00 (MCIN/AEI/ 10.13039/501100011033).

Comunicaciones orales

70 comunicaciones orales - O.01–O.71

Sesión Simultánea 1A: Gestión de Enfermedades: Hongos y Oomicetos

O.01: Resistencia a fungicidas QoI en *Nigrospora* spp. y *Pyricularia oryzae* del Delta del Ebro

Sina Mesri-Ghahramanloo[1], Vikas Nehra[1], Hamza Bin Sajid[1], Gemma Galimany[2], Àlvaro Tomás[2], Josep Armengol Fortí[1], Maela León[1], Mónica Berbegal[1]

[1] *Instituto Agroforestal Mediterráneo. Universitat Politècnica de València. Valencia*

[2] *Servei de Sanitat Vegetal de la Direcció General d'Agricultura del Departament d'Agricultura, Ramaderia i Pesca de la Generalitat de Catalunya. Tarragona.*

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: Arroz; fungicidas QoI; *Nigrospora oryzae*; *Nigrospora* osmanthi; *Pyricularia oryzae*; resistencia a fungicidas

Resumen: El Delta del Ebro es una de las principales zonas productoras de arroz en España. En 2024, se llevó a cabo un estudio para monitorizar las enfermedades fúngicas aéreas que afectan a este cultivo y evaluar la posible aparición de resistencia a fungicidas inhibidores externos de quinona (QoI), uno de los grupos más utilizados en su control. Se recolectaron 92 aislados de *Nigrospora* spp. y 69 aislados de *Pyricularia oryzae* (agente causal de la piriculariosis del arroz) a partir de plantas con lesiones necróticas en la base de las espigas y granos, así como manchas foliares. La identificación molecular de las especies se realizó mediante análisis multilocus. En *P. oryzae* se confirmó mediante la secuenciación de la región ITS y fragmentos de los genes de la actina (ACT) y calmodulina (CAL), mientras que para *Nigrospora* spp., se secuenciaron la región ITS, y fragmentos de la β-tubulina (BT) y el factor de elongación 1-α (EF-1α). La mayoría de aislados correspondieron a la especie *N. oryzae* (88 de 92), mientras que cuatro aislados se identificaron como *N. osmanthi*. El análisis del gen del citocromo *b* mostró una alta frecuencia de mutaciones asociadas a la resistencia a QoI. Todos los aislados de *P. oryzae* presentaron mutaciones: 40 con la mutación G143A y 29 con F129L. En *Nigrospora* spp., todos los aislados de *N. oryzae* presentaron la mutación G143A, mientras que *N. osmanthi* no presentó mutaciones asociadas a la resistencia. A partir de estos resultados, se seleccionaron aislados representativos de *N. oryzae* y *P. oryzae* con diferentes mutaciones para evaluar su sensibilidad (CE_{50}) frente a azoxistrobin y piraclostrobin. Este análisis permitió establecer los niveles basales de sensibilidad a estos fungicidas, lo que permitirá monitorizar la evolución de la resistencia en las poblaciones de *N. oryzae* y *P. oryzae*.

Financiado por Parte de estos trabajos fueron financiados por la Generalitat de Catalunya, Departament d'Acció Climàtica, Alimentació i Agenda Rural. Funded by European Union: Views and opinions expressed are however those of the author(s) only and do not necessarily reflect those of the European Union or the European Education and Culture Executive Agency (EACEA). Neither the European Union nor EACEA can be held responsible for them.

O.02: Susceptibilidad varietal y fenológica del almendro a *Monilinia laxa* durante la floración

Erick Zúñiga[1], Rosario Torres Sanchis[1], Lidia Aparicio-Duran[2], Laura Torguet[2], Xavier Miarnau[2], Neus Teixidó[1], Carla Casals[1]

[1] *IRTA, Programa Postcosecha, Fruitcentre, 25194, Lleida.*

[2] *IRTA, Programa Fruticultura, Fruitcentre, 25194, Lleida.*

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: Moniliosis; *Prunus dulcis*; variedades; sensibilidad floral

Resumen: La moniliosis causada por *Monilinia* spp. es una de las principales enfermedades que afectan la producción de almendro en el sur de Europa. Sin embargo, la variación en la susceptibilidad floral entre variedades y estadios fenológicos sigue siendo poco conocida, lo que limita la optimización en la aplicación de las estrategias de control durante la floración. El objetivo de este trabajo fue evaluar la susceptibilidad varietal y fenológica de flores de almendro a *Monilinia laxa*. La susceptibilidad floral se evaluó inicialmente mediante prospecciones de campos, realizadas durante seis años, en 21 variedades de almendro. Además, se obtuvieron 5 aislados de *M. laxa* obtenidos a partir de tejidos de almendro sintomáticos, como chancros y flores afectadas, procedentes de distintas zonas productoras de España. La patogenicidad de los aislados se evaluó en laboratorio en flores de dos variedades en el estadio BBCH 60/Felipe F1. El aislado que presentó mayor virulencia fue seleccionado para evaluar la susceptibilidad varietal en condiciones de laboratorio en 15 variedades de almendro en plena floración durante dos años consecutivos. Asimismo, se evaluó la susceptibilidad fenológica en floración en tres variedades, desde BBCH 58/Felipe D hasta BBCH 65/Felipe F2, durante dos años consecutivos. Los resultados mostraron patrones consistentes de susceptibilidad dependientes de la variedad, tanto en condiciones de campo como en ensayos de laboratorio. Las variedades 'Mardia', 'Penta', 'Vairo', 'Tardona', 'Marinada', 'Constantí' y 'Lauranne' presentaron baja incidencia de enfermedad, mientras que 'Soleta', 'Marta', 'Guara', 'Tuono', 'Marcona', 'Francolí' y 'Tarraco' se encontraron entre las más afectadas. La susceptibilidad floral también varió marcadamente a lo largo de la floración. La infección fue mayor en preantesis, BBCH 58/Felipe D, y antesis temprana, BBCH 60/Felipe F1, disminuyendo hacia la antesis tardía, BBCH 65/Felipe F2. Estos resultados refinan el marco epidemiológico de la moniliosis del almendro al identificar perfiles de riesgo varietal y ventanas críticas de susceptibilidad floral. La elevada susceptibilidad observada antes y durante la antesis temprana sugiere que el riesgo de infección puede iniciarse antes de lo comúnmente considerado. La integración de la susceptibilidad varietal y del estadio fenológico en la evaluación del riesgo podría mejorar el posicionamiento de los tratamientos fungicidas y favorecer estrategias de manejo integrado más precisas.

Financiado por Generalitat de Catalunya (Programa CERCA y ayuda 2021 SGR-01477); Desarrollo de un sistema de alertas para mejorar el control sostenible de *Monilinia laxa* en almendro (AlertFlors)" (Proyecto financiado a través de la Operación 16.01.01 del Programa de Desarrollo Rural de Cataluña 2014-2020); Crisol De Frutos Secos SAT, Borges Agrícola & Industrial Nuts S.A., Ocean Almond S.L., Fruits Secs Les Garrigues SCCL, y Ametlles Vicens S.L., por su apoyo técnico.

O.03: Diversidad y patogenicidad de oomicetos en áreas recreativas y de control de Parques Nacionales españoles

Carmen Romeralo Tapia[1], Laura Hernández Escribano[1], Patricia Toledo[1], Jorge Aldea[1], Matías García[1], Marta Pardos[1], Lorena Gómez-Aparicio[2], Pedro Javier Solera-Álvarez[2], Maria Caballol[3,4], Jonàs Oliva[4,5]

[1] *Instituto de Ciencias Forestales, INIA-CSIC, Madrid*

[2] *Instituto de Recursos Naturales y Agrobiología de Sevilla (IRNAS), CSIC, Sevilla*

[3] *Unidad Mixta de Investigación CTFC-AGROTECNIO-CERCA, Lleida*

[4] *Centro de Ciencia y Tecnología Forestal de Cataluña (CTFC), Solsona*

[5] *Departamento de Ciencias e Ingeniería Agrarias y Forestales, Universitat de Lleida, Lleida*

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: bioseguridad; oomicetos; *Phytophthora*; patógenos exóticos invasores; enfermedades forestales; áreas recreativas

Resumen: Las enfermedades forestales, especialmente aquellas causadas por patógenos exóticos invasores, representan una amenaza creciente para la estabilidad de los ecosistemas forestales, con importantes consecuencias ecológicas y económicas a escala global. Entre los patógenos más relevantes destacan las especies del género *Phytophthora* capaces de infectar los sistemas radiculares de numerosas especies arbóreas, comprometiendo la regeneración forestal y la biodiversidad. El incremento de visitantes en espacios naturales protegidos ha intensificado las preocupaciones relacionadas con la bioseguridad, ya que las actividades recreativas pueden favorecer la dispersión de patógenos a través de vectores humanos, como senderistas y ciclistas. Los suelos de estas áreas son especialmente vulnerables, dado su papel clave en la regeneración de plántulas y en la resiliencia de los ecosistemas forestales. El objetivo de este estudio fue evaluar la influencia de la actividad recreativa en la introducción de oomicetos fitopatógenos y determinar la potencial patogenicidad de los aislamientos obtenidos sobre especies forestales. Para ello, se recogieron 144 muestras de suelo en áreas recreativas y áreas de control de seis Parques Nacionales españoles, en once especies forestales. El aislamiento de los patógenos se realizó mediante técnicas de *baiting* para detectar especies de *Phytophthora* spp. y otros oomicetos presentes en el suelo. Posteriormente, se llevaron a cabo ensayos de patogenicidad con el fin de evaluar el riesgo potencial que estos organismos representan para las especies forestales de los parques estudiados. A partir de las muestras analizadas se obtuvieron 102 aislamientos pertenecientes a los géneros *Phytophthora*, *Pythium y Phytopythium*. La presencia de aislamientos mostró diferencias significativas entre especies vegetales, siendo *Fraxinus excelsior*, *Quercus robur* y *Betula pendula* las que presentaron una mayor frecuencia de aislamiento. Asimismo, la localización tuvo un efecto importante, destacando algunos Parques Nacionales, como Picos de Europa, por su elevada frecuencia de detección de patógenos. Aunque las áreas recreativas presentaron una mayor frecuencia de aislamientos que las áreas de control, estas diferencias no resultaron estadísticamente significativas. Los ensayos de patogenicidad revelaron que todos los aislamientos de *Phytophthora* produjeron niveles de necrosis superiores a los controles, aunque la respuesta varió en función de la especie vegetal evaluada. En conjunto, nuestros resultados sugieren que la actividad recreativa puede contribuir al aumento del riesgo de introducción y dispersión de determinados patógenos forestales, si bien su establecimiento puede depender de factores ambientales y bióticos. Estos hallazgos subrayan la necesidad de implementar medidas de bioseguridad y estrategias de manejo preventivo para reducir la propagación de patógenos en los Parques Nacionales españoles.

Financiado por el Organismo Autónomo de Parques Nacionales, numero de proyecto 3014/2023 (BIOPARQUE).

O.04: Hibridación interespecífica de *Quercus*: nuevas fuentes de resistencia frente a *Phytophthora cinnamomi*

Rosa López García, Inmaculada Martos García, Álvaro Cofrade Mora, María Socorro Serrano Moral

Universidad de Córdoba

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: podredumbre radical; polinización cruzada controlada; resistencia genética; *Quercus ilex*; *Quercus faginea*

Resumen: La hibridación interespecífica ha sido ampliamente utilizada como fuente de genes de resistencia frente a diferentes patógenos. En este trabajo se estudia la hibridación entre la encina, especie muy susceptible a la podredumbre radical causada por *Phytophthora cinnamomi*, pero con alta productividad de bellota, y otras especies de *Quercus* con mayor resistencia a la enfermedad, como medio para la obtención de híbridos resistentes al patógeno. Para ello, se seleccionaron en campo 10 individuos de encina y quejigo, ambas especies actuando como progenitor materno y paterno, con el fin de determinar la heredabilidad de la resistencia. Brevemente para la polinización cruzada controlada, se recogió el polen maduro de cada uno de los pies y al inicio de la floración femenina, se cubrieron 30 ramas/árbol con bolsas de papel Tyvek tras eliminar las flores masculinas para evitar la autopolinización y contaminación por polen externo. Al alcanzar la plena floración, en el interior de cada bolsa se pulverizó una mezcla de polen:talco (1:4) creando una nube de polinización. Los cruces realizados fueron: encina × encina, quejigo × quejigo, encina × quejigo y quejigo × encina. Dos semanas después se retiraron las bolsas y los frutos se colectaron en otoño. La descendencia obtenida (líneas puras e híbridas) se caracterizó morfológicamente (longitud, anchura, y peso fresco), confirmando la heredabilidad materna de la morfología de la bellota. Además, se evaluó la agresividad de *P. cinnamomi* sobre la descendencia. Para ello, las radículas de 10 bellotas germinadas de cada tipo de cruce se inocularon con discos de micelio de *P. cinnamomi*, se incubaron en cámaras húmedas a 23°C en oscuridad durante 21 días y pasado este tiempo, se evaluó la capacidad del patógeno para colonizar la raíz y causar lesión mediante la siembra en medio NARH de fragmentos de raíz tomados cada cm desde el punto de inoculación hasta el ápice. Con los datos de aislamiento se calculó el porcentaje de raíz infectada (PRI). El experimento se repitió a dos tiempos diferentes. Se obtuvieron PRI significativamente mayores para las raíces procedentes de cruces en los que la encina actuaba como progenitor femenino, que cuando lo hacía el quejigo independientemente de la especie donante de polen. Estos resultados confirman la mayor tolerancia a la enfermedad del quejigo y de su descendencia híbrida, demostrando, además, la heredabilidad materna de la resistencia frente a *P. cinnamomi*. Este trabajo abre nuevas vías de control sostenibles frente a la enfermedad radical.

Financiado por Proyecto PID2022-141289OA-100 del MICN.

O.05: Mejora genética del limonero frente al mal seco de los cítricos

Paola Caruso, Maria Patrizia Russo, Martina Cortese, Carmen Arlotta, Riccardo Russo, Margherita Amenta, Nicolina Timpanaro, Silvia Di Silvestro, Giuseppina Las Casas, Marco Caruso

Centro di ricerca Olivicoltura, Frutticoltura e Agrumicoltura, 95024 Acireale (Catania) Italia

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: *Plenodomus tracheiphilus*; resistencia genética; tolerancia; selección clonal; híbridos de limón; interacción planta-patógeno

Resumen: El mal seco, causado por *Plenodomus tracheiphilus*, es la enfermedad más importante del limonero en la cuenca mediterránea y una de las principales limitaciones para su cultivo. Debido a la ausencia de métodos curativos eficaces y al riesgo asociado a la circulación de material vegetal infectado, representa una amenaza potencial para numerosas áreas citrícolas actualmente libres del patógeno. En el marco de un proyecto multidisciplinar (AGRIVITA) orientado a mejorar el conocimiento y las herramientas disponibles para la gestión sostenible del mal seco, el CREA di Acireale està desarrollando actividades dirigidas a la identificación de fuentes de resistencia genética y a la obtención de nuevos genotipos tolerantes, además de un programa de mejora genética basado en dos estrategias complementarias: la hibridación y la selección clonal. Con este objetivo, se evaluaron en condiciones de infección natural diferentes selecciones clonales, variedades tradicionales e híbridos de limón obtenidos a partir de cruzamientos entre genotipos tolerantes y limones de elevada calidad agronómica. En el marco de la estrategia de hibridación, se evaluaron poblaciones diploides y triploides obtenidas a partir de diferentes cruzamientos, entre ellos *Citrus latipes* × Femminello Siracusano, Interdonato × Doppio Lentini, Akragas × Doppio Lentini e Interdonato × cidro Vozza Vozza. Los híbridos fueron evaluados desde 2020 mediante observaciones fenotípicas periódicas y detección molecular del patógeno mediante PCR en tiempo real. Las evaluaciones se realizaron durante seis años consecutivos en campos experimentales sometidos a elevada presión natural de inóculo. Los resultados mostraron una clara segregación entre genotipos susceptibles y tolerantes, permitiendo identificar híbridos prometedores que serán utilizados como material de premejora genética. Paralelamente, se evaluaron 170 selecciones nucelares derivadas de antiguas líneas tolerantes, establecidas en dos fincas experimentales del CREA localizadas en Sicilia y Calabria junto con variedades comerciales utilizadas como referencia. Tras seis años de observaciones en campo, diez selecciones en Calabria y cinco en Sicilia mostraron ausencia de síntomas o una sintomatología muy leve, confirmando así su potencial interés agronómico. Los resultados obtenidos indican que la evaluación fenotípica en condiciones de elevada presión del patógeno constituye una herramienta eficaz para estimar la susceptibilidad de híbridos y selecciones clonales e identificar nuevas fuentes de resistencia. Los genotipos más prometedores están siendo multiplicados para validar su comportamiento en diferentes zonas citrícolas afectadas por la enfermedad. Paralelamente, se están realizando evaluaciones de calidad del fruto con el fin de combinar tolerancia al mal seco y elevado valor comercial.

Financiado por Este trabajo se desarrolla en el marco de del proyecto de investigación Difesa degli Agrumeti Italiani dal Malsecco (AGRIVITA - MASAF - DISR 04 - Prot. N.0689142 del 15/12/2023).

O.06: Detectada la resistencia a las estrobilurinas (QoI) en *Pyricularia oryzae* en Valencia

Ana María Pérez Sierra[1], Carlos Salas Sierra[1], Miguel Ángel Cañaveras Gómez[1], Antonio Vicent Civera[1], Belén Ortiz Cubells[1,2], David Conesa Armero[2], José Vicente Bolinches[1,3], Vicente Dalmau[3]

[1] *Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias (IVIA), Valencia*

[2] *Universitat Politècnica de València (UPV), Valencia*

[3] *Servicio Sanidad Vegetal, Valencia*

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: piriculariosis; arroz; fungicidas; citocromo b; PCR; control

Resumen: La piriculariosis del arroz (*Pyricularia oryzae*), es la principal enfermedad fúngica que afecta al cultivo del arroz en las áreas arroceras del Parque Natural de la Albufera. Este patógeno presenta un amplio espectro de infección, afectando a órganos vegetativos y reproductivos, incluyendo hojas, tallos y el cuello de la panícula. En hojas, los síntomas se manifiestan como lesiones necróticas, mientras que la infección del tallo y del cuello de la panícula, puede provocar el colapso de esta y la consiguiente reducción del rendimiento en grano. En la campaña 2025 la incidencia y severidad de la enfermedad fue elevada causando importantes pérdidas económicas. Esto fue debido a una combinación de factores como las condiciones ambientales favorables para el patógeno, la elevada susceptibilidad de las variedades cultivadas, la limitada disponibilidad de materias activas fungicidas eficaces y la resistencia a fungicidas. El objetivo del presente estudio fue caracterizar molecularmente aislados de *P. oryzae* de la Comunidad Valenciana y evaluar su posible resistencia a fungicidas inhibidores de la quinona externa (QoI, estrobilurinas). Se realizaron prospecciones en distintas variedades de arroz en parcelas afectadas de la Albufera de Valencia, procediéndose a la recogida de muestras sintomáticas. Se realizaron aislamientos en medio PDA suplementado con sulfato de estreptomicina. Se extrajo el ADN de los cultivos puros obtenidos y se amplificó el gen del citocromo b mediante PCR, utilizando los cebadores específicos PgCytb_F1 y PgCytb_R1. Las secuencias obtenidas se analizaron para la detección de mutaciones puntuales asociadas a resistencia a QoI, concretamente G143A y F129L. Los resultados mostraron que la totalidad de los aislados correspondientes a la variedad Bomba, recolectados en 2023, presentaban alguna de las mutaciones asociadas a resistencia a estrobilurinas. No obstante, en ningún caso se detectó la coexistencia de ambas mutaciones, ni en un mismo aislado ni entre aislados procedentes de una misma parcela. En contraste, los aislados obtenidos en 2025 de las variedades J Sendra y Albufera mostraron una distribución heterogénea respecto a la resistencia, detectándose tanto aislados portadores de mutaciones como aislados sensibles. En algunos casos, ambos tipos coexistían dentro de una misma parcela. Estos resultados ponen de manifiesto la presencia de *P. oryzae* resistente a QoI en la Comunidad Valenciana. En este contexto, la adopción de estrategias de manejo integrado resulta esencial, incluyendo la optimización de prácticas agronómicas, la implantación de variedades más tolerantes y la diversificación de los grupos químicos de fungicidas disponibles para el control de la enfermedad.

Financiado por Proyecto de colaboración entre el Servicio de Sanidad Vegetal de la Generalitat Valenciana (GVA) y el IVIA, “Control de Plagas”, subvención nº X8801000, programa 714.80".

Sesión Simultánea 1B: Detección y Diagnóstico: Hongos y Virus

O.07: Estudio de la comunidad fúngica asociada al síndrome del decaimiento del kiwi en Valencia

Diego Reig López[1,2], Carlos Salas Sierra[1], Miguel Ángel Cañaveras Gómez[1], Ana María Pérez Sierra[1], Luis Felipe Arias Giraldo[1], Félix Morán Villamizar[1]

[1] *Instituto valenciano de investigaciones agrarias (IVIA). Moncada*

[2] *Universidad politécnica de Valencia. Valencia*

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: KVDS; metabarcoding; Illumina; ITS; Nectriaceae; Ceratobasidiaceae

Resumen: El síndrome del decaimiento del kiwi (KVDS), también conocido como moria del kiwi, es una enfermedad de etiología desconocida que ha causado graves pérdidas en la producción de kiwi en Italia. Síntomas similares a los descritos para este síndrome han sido observados recientemente en la Comunidad Valenciana (CV), amenazando la productividad de este cultivo. El objetivo de este estudio fue estudiar la comunidad fúngica asociada al KVDS en la CV. Se realizaron muestreos de suelo y raíces en siete parcelas de kiwi que mostraban sintomatología consistente con KVDS en Valencia. Se realizaron los aislamientos en medio PDA suplementado con estreptomicina. Se obtuvieron cultivos puros, se clasificaron inicialmente por morfotipos y se seleccionaron cultivos representativos para su posterior identificación molecular, amplificando y secuenciando la región ITS con los cebadores ITS1-ITS4. Las secuencias obtenidas se compararon por homología con las depositadas en GenBank. Para la identificación a nivel de especie de los hongos de las familias Nectriaceae, Ceratobasidiaceae y Plectosphaerellaceae fue necesaria la secuenciación de genes adicionales como *ATP6*, *his*, LSU, *rpb2*, *tef1* o *tub2*. Para el estudio de la comunidad fúngica del suelo con la secuenciación de alto rendimiento, se extrajo el ADN de las muestras, se amplificó la región ITS3-ITS4 mediante una PCR anidada, utilizando los cebadores ITS1catta-ITS4ngs y ITS3mix-ITS4ngs. Los amplicones fueron secuenciados mediante la tecnología de secuenciación de nueva generación de Illumina y las lecturas resultantes se analizaron para evaluar la biodiversidad y la composición taxonómica de las comunidades fúngicas presentes en los suelos de las zonas afectadas. Los resultados de los aislamientos revelan una notable similitud entre las comunidades fúngicas detectadas en Valencia e Italia, lo que sugiere que la problemática observada en los cultivos de kiwi en Valencia corresponde al síndrome de decaimiento del kiwi (KVDS).

Financiado por Proyecto MORIAkiwi (PID2023-147748OR-I00) financiado por el Ministerio de Ciencia e Innovación de España y la Agencia Estatal de Investigación.

O.08: Hongos asociados a la seca de rama del aguacate en la Comunidad Valenciana

Belén Ortiz Cubells[1,2], David Conesa Armero[2], Miguel Ángel Cañaveras Gómez[1], Carlos Salas Sierra[1], Antonio Vicent Civera[1], Ana María Pérez Sierra[1]

[1] *Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias (IVIA), Moncada*

[2] *Universitat Politècnica de València, València*

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: muerte regresiva; hongos fitopatógenos; Botryosphaeriaceae; *Colletotrichum*; identificación molecular; región ITS.

Resumen: En los últimos años, el cultivo de aguacate (*Persea americana*) ha aumentado de forma significativa en la Comunidad Valenciana (CV). Los principales patrones utilizados son Dusa y Duke-7 y, respecto a las principales variedades, las más cultivadas son Hass y Lamb-Hass. En la actualidad, se está evaluando el comportamiento de otros patrones y variedades que se adapten favorablemente a las condiciones semiáridas de la CV. Uno de los principales problemas en el cultivo del aguacate es la seca de rama causada por hongos de la familia Botryosphaeriaceae. El objetivo principal de este estudio fue determinar los hongos asociados a la seca de ramas en tres parcelas experimentales de aguacate situadas en las provincias de Alicante, Castellón y Valencia, evaluando su prevalencia en las diferentes combinaciones patrón/variedad. Se realizaron muestreos y se tomaron muestras de ramas afectadas, posteriormente, se llevaron a cabo aislamientos en medio de cultivo PDA+S y se obtuvieron cultivos puros de los hongos aislados, que fueron agrupados según sus características morfológicas. Se seleccionaron cultivos representativos de cada morfotipo para la extracción de ADN, amplificación y secuenciación de la región ITS utilizando los cebadores ITS1 e ITS4, comparando posteriormente las secuencias obtenidas con las disponibles en la base de datos GenBank. Para la identificación a nivel de especie de los hongos de la familia Botryosphaeriaceae se secuenciaron los genes *tub2*, *tef-1α* y *rpb2*. Las especies de *Colletotrichum* se identificaron a nivel de especie mediante la secuenciación de los genes *gapdh*, *chs-1*, *act*, *tub2* y *cal*. En total, se detectaron síntomas de seca de rama en las tres parcelas experimentales, con el 59,7 % de plantas sintomáticas en Alicante, el 43,7 % en Castellón y el 21 % en Valencia. Los resultados mostraron la presencia de distintos géneros fúngicos, entre los que destacaron *Botryosphaeria*, *Diplodia*, *Lasiodiplodia* y *Neofusicoccum*, pertenecientes a la familia Botryosphaeriaceae, y especies de los géneros *Colletotrichum*, *Diaporthe* y *Eutypella*. Los resultados obtenidos amplían el conocimiento sobre la comunidad fúngica aérea asociada a la seca de rama del aguacate en ambientes semiáridos de la CV y proporcionan información de interés para el diseño de medidas de manejo y la selección de material vegetal con mayor tolerancia a esta problemática.

Financiado por Agradecimientos: Fondos FEDER 21-27 (UE, código DGFFEE FD211A1010), personal de la finca experimental Sinyent de AVA-ASAJA, la EEA de Villarreal y la Cooperativa Agrícola de Callosa d'en Sarrià.

O.09: Physiological and molecular responses of *Monilinia* spp. to simulated heat wave scenarios

Mercy Elizabeth Quizhpe Romero[1], Núria Vall-llaura Espinosa[1], Sonia Marín Sillué[2,3], Montserrat Prim Latorre[2,3], Rosario Torres Sanchis[1]

[1] *IRTA, Postharvest, Fruitcentre, 25194 Lleida, Catalonia, Spain*

[2] *Applied Mycology Unit, Department of Food Technology, Engineering and Science, University of Lleida, Av. Rovira Roure 191, 25198, Lleida, Spain*

[3] *AGROTECNIO-CERCA Centre, Av. Rovira Roure 191, 25198, Lleida, Spain.*

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: Ergosterol biosynthesis; Fungal adaptation; Gene expression; Growth; Phytopathogen; Thermal stress.

Resumen: Brown rot, caused by fungi of the genus *Monilinia*, is one of the main diseases affecting stone fruit and is responsible for significant economic losses both pre- and postharvest. The increasing frequency and intensity of heat waves associated with climate change are generating more extreme and variable thermal conditions that may alter the biology and adaptation capacity of these pathogens. However, the physiological and molecular responses of *Monilinia* spp. to thermal stress remain poorly understood. The aim of this study is to evaluate the effect of different heat wave scenarios on two strains of *M. laxa* and two strains of *M. fructicola*. Fungal strains were grown on two culture media (Potato Dextrose Agar amended with 25% tomato pulp (PDA-T) and a semi-synthetic medium based on peach juice) and exposed to four thermal regimes, representing two moderate and two extreme heat wave scenarios defined from recent meteorological records from the Ebro Valley (Spain). At the physiological level, mycelial growth, colony morphological characteristics, and sporulation capacity were evaluated. In addition, ergosterol content was determined by HPLC as a marker associated with the physiological adaptation of *Monilinia* spp. to thermal stress. At the molecular level, the expression of some genes involved in ergosterol biosynthesis, and fungal growth and development – including *ERG1*, *ERG3*, *ERG11*, *RGS2*, *RGS3*, *STE12* – was analysed by qPCR. The results showed that thermal stress significantly affected growth and development, with responses varying depending on species, isolate, and culture medium. *M. laxa* strains displayed similar patterns, remaining stable under moderate scenarios, but exhibiting significant growth reductions under extreme scenarios in both media. In contrast, *M. fructicola* showed greater intraspecific variability: one strain was completely inhibited under extreme scenarios in both media, whereas the other maintained stable growth or showed reduced growth depending on the culture medium. Sporulation showed lower sensitivity to thermal stress than mycelial growth, although variations depending on strain and culture medium were also observed. Likewise, ergosterol content and gene expression profiles were altered under thermal stress conditions, suggesting a potential involvement of membrane-related adaptive mechanisms. Overall, the results demonstrate that heat waves significantly influence the physiological and molecular responses of *Monilinia* spp., revealing differential patterns of adaptation among species and isolates under thermal stress scenarios.

Financiado por This work was funded by the project PID2023-147681OB-C21MICIU/AEI/10.13039/501100011033 (MINECO) and the CERCA Programme. Mercy Quizhpe-Romero is supported by the Spanish Government predoctoral fellowship PREP2023-001835.

O.10: Detección de citrus yellow vein clearing virus mediante RT-qPCR: validación y estrategias de muestreo

María Martínez Solsona[1,2], Félix Morán Villamizar[1], Vicente Dalmau Sorlí[3], Antonio Olmos Castelló[1], Ana Belén Ruiz García[1]

[1] *Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias (IVIA). Valencia.*

[2] *Programa de Doctorado en Biotecnología, Universitat Politècnica de València (UPV). Valencia.*

[3] *Servicio de Sanidad Vegetal de la Generalitat Valenciana. Silla*

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: clorosis nervial amarilla; citrus yellow vein clearing virus; *Potexvirus citriflavivenae*; CYVCV; RT-qPCR; validación EPPO

Resumen: *Citrus* yellow vein clearing virus (CYVCV), es el agente causal de la clorosis nervial amarilla, una enfermedad emergente que afecta al cultivo de los cítricos. A pesar de haber permanecido fuera de Europa durante décadas, CYVCV ha sido detectado en 2024 y 2025 en dos importantes productores europeos de cítricos, Italia y, más recientemente, España. La presencia de este virus en la región EPPO, y en particular en nuestro territorio, representa una amenaza con consecuencias impredecibles y potencialmente devastadoras para la citricultura europea y española. Por lo tanto, es necesario tomar medidas de protección urgentes para prevenir la propagación del virus y minimizar su impacto. El diagnóstico es una herramienta clave en el control de enfermedades virales y se basa en la existencia de métodos armonizados y validados que permitan una detección eficaz y reproducible. En este estudio, se ha desarrollado una RT-qPCR en tiempo real para la detección específica de toda la diversidad actualmente conocida de CYVCV con una elevada sensibilidad, tanto en material vegetal como en vectores de transmisión. La técnica ha sido validada siguiendo los estándares de la EPPO para su incorporación a protocolos oficiales y su transferencia a los laboratorios de sanidad vegetal y al sector. Además, el método validado se ha adaptado con éxito a plataformas digitales de PCR, que permiten la detección cuantitativa absoluta de alta sensibilidad, esencial en el diagnóstico a bajas concentraciones virales; y también a equipos de PCR de inducción magnética portátiles, que pueden aplicarse en un contexto diagnóstico real para la detección *in situ* del virus, en campo, viveros y puestos de control de fronteras. Esta versatilidad combina un rendimiento validado estándar, una cuantificación de alta sensibilidad y una detección real *in situ*. El estudio también ha abordado estrategias de muestreo para respaldar un diagnóstico molecular fiable. Nuestros resultados representan un avance en la detección de CYVCV, aplicable a estudios epidemiológicos y a diferentes contextos diagnósticos reales, para la contención y control de este importante patógeno de los cítricos.

Financiado por Generalitat Valenciana, SOSTENIBLE 52202 La contratación de María Martínez Solsona ha sido financiada por el programa Marisa Badenes del IVIA, susceptible de ser cofinanciado por la Unión Europea a través del programa “Fondo Social Europeo Plus (FSE+) Comunitat Valenciana 2021-2027".

O.11: Diversidad filogenética y molecular de las especies de *Alternaria* asociadas a lesiones en hojas y frutos de manzano en el noreste de España. Bases para el desarrollo de herramientas de detección

Marc Vila De Vargas[1], Maria Pla[2], Anna Nadal[2], Isidre Llorente[1], Concepció Moragrega[1]

[1] *Patología Vegetal-Centre d'innovació i desenvolupament en Sanitat vegetal (CIDSAV), Institut de Tecnologia Agroalimentària (INTEA), Universitat de Girona*

[2] *Tecnologia dels Aliments, Institut de Tecnologia Agroalimentària (INTEA), Universitat de Girona*

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: *Alternaria alternata*; *Alternaria arborescens*; manzano; marcador molecular; alternariosis

Resumen: En los últimos años se ha descrito una enfermedad emergente del manzano, caracterizada por lesiones o manchas en hojas y frutos. Se trata de una enfermedad fúngica de gran importancia a nivel mundial (Australia) y europeo (Italia, Francia y España), que ha sido atribuida a un complejo de especies del género *Alternaria*. En 2013 se detectó esta sintomatología en plantaciones de manzano de Girona en Catalunya. En dos años, la enfermedad llegó a afectar al 20% de las plantaciones de variedades Golden y Gala, y desde entonces afecta el cultivo con severidad variable. Debido a la reciente aparición y escasa información sobre su etiología y epidemiología, se dispone de pocos métodos de detección y manejo de la enfermedad por lo que esta enfermedad podría convertirse en una amenaza para las principales regiones productoras de manzano en Europa. Actualmente las principales especies de *Alternaria* relacionadas con las lesiones en frutos y hojas de manzano corresponden a un complejo de especies de la sección *Alternaria*, sin embargo, todavía se desconocen las especies implicadas en la enfermedad en Catalunya. Con el objetivo de desarrollar una herramienta basada en qPCR para la detección de especies patógenas de *Alternaria* que afectan al manzano, se llevó a cabo un análisis de la diversidad de especies asociadas a la enfermedad en Cataluña. Dicho análisis se basó en tres nuevos marcadores moleculares, los cuales permiten diferenciar linajes filogenéticos dentro de *Alternaria* sect. *Alternaria*. Para ello, se seleccionaron sesenta aislados de *Alternaria* spp. procedentes de la colección INTEA-UdG, obtenidos a partir de lesiones en hojas y frutos de diferentes cultivares de manzano en plantaciones comerciales de Girona. Los aislados incluían distintos morfotipos y presentaban diferentes niveles de patogenicidad/virulencia. Adicionalmente, se realizaron análisis de haplotipos basados en las secuencias obtenidas a partir de los marcadores moleculares, lo que permitió evaluar la diversidad genética tanto intra- como interpoblacional entre los aislados. Los resultados obtenidos aportan información sobre la estructura genética de las poblaciones de *Alternaria* presentes en las plantaciones de manzano. y son la base para el desarrollo de herramientas moleculares destinadas a la detección y monitorización del patógeno. Esta herramienta se podrá integrar en los programas de manejo de la enfermedad para determinar el potencial de inóculo.

Financiado por Investigación financiada por el Proyecto PID2021-126505OB-I00, MCIN/AEI/10.13039/501100011033 y por FEDER Una manera de hacer Europa; y por la ayuda predoctoral con referencia PRE2022-104041, financiada por MICIU/AEI/10.13039/501100011033 y por el FSE+.

O.12: Respuesta de *Quercus faginea* a *Phytophthora cinnamomi*: análisis de signos para un diagnóstico precoz

Belén Mendoza-Chamizo, Zahira Gómez-Almirón, Enrique Cardillo Amo

CICYTEX. Mérida

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: *Phytophthora cinnamomi*; *Quercus suber*; *Quercus faginea*; pudrición radical; detección temprana.

Resumen: El decaimiento asociado a la pudrición radical causada por el oomiceto *Phytophthora cinnamomi* constituye una de las principales amenazas fitosanitarias para los ecosistemas mediterráneos dominados por encina (*Quercus ilex*) y alcornoque (*Quercus suber*). Cuando los árboles manifiestan síntomas aéreos, la infección radicular se encuentra ampliamente establecida, dificultando las actuaciones de control y favoreciendo la expansión del patógeno a árboles adyacentes. Dado que actualmente no existe un tratamiento plenamente eficaz, la detección temprana mediante indicadores asociados a la infección podría mejorar las estrategias de gestión de la enfermedad. Además, el estudio de los mecanismos que confieren una mayor tolerancia del quejigo (*Quercus faginea*) a Fitóftora podría aportar claves para incrementar la resiliencia de *Q. suber* frente al patógeno. El objetivo de este trabajo es caracterizar las alteraciones fisiológicas y biométricas asociadas a las fases iniciales de la infección por *P. cinnamomi* en plantones de *Q. suber* y *Q. faginea* previas a la aparición de síntomas visuales. Se cultivaron en cámara climática (25 °C, 60 % humedad relativa, fotoperiodo 13 h) plantones de *Q. suber* y *Q. faginea*. Los plantones se cultivaron durante 100 días en alveolos de 200 cc y posteriormente fueron inoculados con dos aislados de *P. cinnamomi* obtenidos previamente de focos de decaimiento en encinares de Extremadura. Durante 21 días tras la inoculación se evaluaron la presencia del patógeno en raíces, la temperatura de los plantones, la evapotranspiración y la aparición de síntomas visuales asociados a la infección. A partir del día 14 se detectó infección en la mayoría de las plantas inoculadas mediante aislamiento en raíces (muestreos positivos ~ 80 %). Se detectaron diferencias significativas en la temperatura foliar en función de la especie, siendo 2 °C menor en *Q. faginea* que en *Q. suber*. La tasa de evapotranspiración fue significativamente menor en *Q. faginea* que en *Q. suber*, y también se detectaron diferencias a la baja en cada especie entre infectadas y controles en esta variable. Aunque las plantas de *Q. faginea* fueron más propensas durante el ensayo a mostrar síntomas foliares compatibles con infección fúngica, no se apreciaron diferencias significativas de las inoculadas con respecto a sus controles. No se registró mortalidad en ninguna de las especies estudiadas. Los signos generales registrados coinciden con los descritos en la bibliografía en plantones de *Q. suber*. Nuestros resultados sugieren que en los primeros estadíos de infección por *P. cinnamomi*, *Q. faginea* rápidamente presentaría respuestas frente a la interacción con el patógeno, mientras que *Q. suber* tardaría más tiempo en presentar signos similares. La resistencia observada en *Q. faginea* en campo podría comenzar con la manifestación de estos signos en las fases iniciales de la infección y concluir con una planta más resistente al patógeno.

Financiado por Este trabajo ha sido financiado por el proyecto PID2022-141973OR-C33.

Sesión Simultánea 1C: Interacción Planta-Patógeno: Hongos y Oomicetos

O.13: Resistencia varietal del olivo a *Spilocaea oleagina*: diversidad genética y estabilidad de respuesta

Cristina Estudillo Cazorla[1,2], Isabel Muñoz Castillo[2], José V Die[3], Luis Miguel López Doncel[4], Antonio Trapero[5], Concepción Muñoz Díez[2], Juan Moral[2]

[1] *Universidad de Córdoba*

[2] *AGR 157 Recursos Genéticos y Mejora del Olivo, Departamento de Agronomía, Universidad de Córdoba, Campus de Rabanales, Edif. C4, 14071 Córdoba, España.*

[3] *AGR 114 Mejora Genética Vegetal, Departamento de Genética, Universidad de Córdoba, Campus de Rabanales, Edif. C5, 14071 Córdoba, España.*

[4] *Instituto de Educación Secundaria Luis de Góngora, Departamento de Biología, 14002 Córdoba, España.*

[5] *AGR 256 Patología Agroforestal, Departamento de Agronomía, Universidad de Córdoba, Campus de Rabanales, Edif. C4, 14071 Córdoba, España.*

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: Antracnosis; epidemiología; marcadores SSR; *Venturia oleaginea*

Resumen: El repilo, causado por *Spilocaea oleagina*, es la enfermedad fúngica foliar más importante del olivo. La enfermedad se caracteriza por causar lesiones circulares oscuras en el haz de la hoja y, en última instancia, por una fuerte defoliación. La dependencia ambiental del patógeno y la irregularidad climática propia del clima mediterráneo dificultan la caracterización de la resistencia fenotípica y limitan el conocimiento de la susceptibilidad de los miles de cultivares existentes. El objetivo de este trabajo fue evaluar la resistencia al repilo en 317 cultivares del Banco Mundial de Germoplasma de Olivo de Córdoba (colecciones UCO e IFAPA) y analizar su relación con la diversidad genética del olivo. Para ello, se integraron inoculaciones artificiales y evaluaciones de infección natural mediante plantas trampa en 14 cultivares. Además, se estimó la incidencia de la enfermedad a lo largo de tres décadas en estas variedades mediante una escala predeterminada (0-10). Los cultivares se clasificaron mediante un análisis *K-means* (basado en la media y el coeficiente de variación) en cinco categorías de reacción y se estudió la estabilidad de la respuesta genotipo-ambiente mediante análisis paramétricos y no paramétricos. Los resultados permitieron clasificar los cultivares en 34 altamente resistentes (AR), 58 resistentes (R), 61 moderadamente susceptibles (MS), 90 susceptibles (S) y 74 altamente susceptibles (AS), existiendo una excelente correlación entre las evaluaciones mediante inoculación y las realizadas en condiciones de campo. El análisis de estabilidad en 12 ambientes identificó cultivares AR con respuestas altamente estables frente al patógeno, destacando 'Dokkar', 'Grappolo' y 'Mavreya'. Además, la respuesta frente a *S. oleagina* mostró una asociación con los principales grupos genéticos definidos mediante marcadores SSR. Los cultivares pertenecientes al grupo genético occidental (Q1), constituido mayoritariamente por variedades españolas, presentaron mayor susceptibilidad, mientras que los asociados al grupo genético mediterráneo central (Q2), integrado principalmente por variedades italianas, mostraron mayor resistencia. Interesantemente, este grupo también presentó un mayor porcentaje de individuos resistentes a la antracnosis, causada por *Colletotrichum* spp. Estos resultados evidencian que la resistencia al repilo parece estar parcialmente asociada a la diversidad genética y a la historia evolutiva del olivo, y ponen de manifiesto el valor del BMGO como fuente de recursos genéticos para programas de mejora dirigidos al desarrollo de cultivares resistentes y a la reducción del uso de fungicidas cúpricos en el olivar.

Financiado por Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades/Agencia Estatal de Investigación (FPI – Ref. PRE2022-104619); Agencia Estatal de Investigación/Centro para el Desarrollo Tecnológico y la Innovación (PROLIVE – Ref. PLEC2023-010225).

O.14: Efecto de los tejidos verdes y lignificados, y las co-inoculaciones con *Botryosphaeria dothidea* y *Neofusicoccum parvum* en el desarrollo de chancros en almendro

Carmen Luque Cruz[1], Begoña Isabel Antón Domínguez[1], Laura Romero Cuadrado[2], Nieves Capote Maínez[2], Carlos Agustí-Brisach[1]

[1] *Departamento de Agronomía, Universidad de Córdoba*

[2] *IFAPA Las Torres, Sevilla*

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: Botryosphaeriaceae; co-infección; competencia; madera; *Prunus dulcis*; qPCR multiplex.

Resumen: *Botryosphaeria dothidea* y *Neofusicoccum parvum* son las dos especies de Botryosphaeriaceae asociadas con mayor frecuencia y virulencia con el decaimiento del almendro en España. Estos hongos se han aislado independiente o conjuntamente de un mismo árbol afectado, particularmente en árboles jóvenes. Por lo que se plantea la hipótesis de que la severidad de la enfermedad puede verse influenciada por la co-infección de dichas especies fúngicas y el grado de lignificación de los tejidos vegetales del hospedador. En este sentido, el objetivo de este trabajo fue evaluar el efecto de los tejidos verdes y lignificados, y las co-inoculaciones, simultáneas o secuenciales, de *B. dothidea* y *N. parvum* en el desarrollo de chancros en almendro. Para ello, tejidos verdes (1 año) o lignificados (2–3 años), empleando ramas cortadas y plantones de almendro cv. Avijor injertados sobre GF-677, se inocularon con los siguientes cinco tratamientos: 1-2) inoculaciones individuales de *B. dothidea* o *N. parvum*; 3) co-inoculación simultánea de ambos patógenos; y 4-5) co-inoculación secuencial de ambas especies con 4 días de intervalo. Las inoculaciones se realizaron con suspensiones de conidios individuales o mixtas de ambos hongos. Las lesiones desarrolladas en madera lignificada fueron significativamente menores que las observadas en tejidos verdes, independientemente del tratamiento de inoculación. En los tejidos lignificados no se observaron diferencias significativas de agresividad entre tratamientos. Sin embargo, en tejidos verdes, tanto *B. dothidea* como *N. parvum* produjeron chancros de mayor tamaño cuando fueron inoculados individualmente o cuando la inoculación de *N. parvum* precedió a la de *B. dothidea*. Debido a la mayor agresividad observada en tejidos verdes, se cuantificó la biomasa de cada hongo mediante qPCR multiplex en el margen de la lesión y a 2 cm más allá del tejido necrótico. Las mayores cantidades relativas de ADN se detectaron en las inoculaciones simples de *B. dothidea*, en las co-inoculaciones simultáneas, y cuando *B. dothidea* fue inoculado antes que *N. parvum*. A pesar de la menor densidad de inóculo en tejidos distantes, ambos hongos fueron detectados de forma consistente más allá del límite de la lesión. Los resultados obtenidos ponen de manifiesto que la agresividad de *B. dothidea* y *N. parvum* depende tanto de la secuencia de infección como del grado de lignificación del tejido hospedador, observándose una mayor susceptibilidad en tejidos jóvenes y poco lignificados, mientras que los tejidos más lignificados mostraron una mayor resistencia al desarrollo de chancros del almendro.

Financiado por Estos trabajos han sido financiados por los proyectos DECALMOND ProyExcel_00327 (Junta de Andalucía) y PID2020-115639RR-I00 (MICIU/AEI/10.13039/501100011033). B.I. Antón-Domínguez disfrutó de una beca FPI financiada por el MICINN (Ref. PRE2020-096038). L. Romero-Cuadrado disfrutó de un contrato de Personal Técnico de Apoyo a la Investigación (PTA2020-018192-I) financiado por MICIU/AEI /10.13039/501100011033. Los autores agradecen el soporte financiero de la Agencia Estatal de Investigación a través de la Unidad de Excelencia María de Maeztu 2020-24; Departamento de Agronomía de la Universidad de Córdoba (DAUCO) (Ref. CEX2019-000968-M). Los autores agradecen a F. Luque, C. Saigner, F. González y J.A. Toro por su apoyo técnico en el laboratorio y campo.

O.15: Efecto de la densidad de inóculo de *Fusarium oxysporum* f. sp. *lactucae* raza 1 sobre el desarrollo de la fusariosis vascular de la lechuga

Moisés de León Ramos, Daniel Palmero, Laura Gálvez Patón

Universidad Politécnica de Madrid, Madrid

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: *Lactuca sativa*; clamidosporas; inóculo primario; colonización vascular; progresión de la enfermedad

Resumen: La fusariosis vascular de la lechuga, causada por *Fusarium oxysporum* f. sp. *lactucae* (FOLac), constituye una de las enfermedades de suelo más limitantes para este cultivo debido a las pérdidas productivas que ocasiona y a la persistencia del patógeno mediante clamidosporas. La densidad de estas estructuras de resistencia en el suelo puede condicionar el establecimiento y desarrollo de la enfermedad, aunque su influencia sobre la expresión de la fusariosis vascular no está completamente caracterizada. El objetivo de este trabajo fue evaluar el efecto de diferentes concentraciones de clamidosporas y de la agresividad de distintos aislados de FOLac raza 1 sobre el desarrollo de la enfermedad en lechuga. El ensayo se realizó en invernadero con plántulas del cultivar 'Patriot' (susceptible a la raza 1) cultivadas en sustrato artificialmente infestado con clamidosporas de tres aislados de FOLac (1305, 1237 y 1320). Se evaluaron cinco concentraciones crecientes de inóculo, distribuidas en escala logarítmica de 10^0 a 10^4. La evolución de la enfermedad se registró periódicamente mediante una escala visual de severidad, a partir de la cual se calculó el área bajo la curva de progreso de la enfermedad (ABCPE). Asimismo, se determinó el peso fresco de las plantas al final del ensayo. Los resultados evidenciaron una relación clara entre la densidad inicial de inóculo y la rapidez con que se desarrolló la enfermedad. A mayores concentraciones de clamidosporas en el sustrato, los síntomas aparecieron antes y la progresión fue más acelerada, lo que sugiere una mayor capacidad de colonización y daño sobre las plantas. Este comportamiento fue más evidente en los aislados 1237 y 1305, que mostraron una respuesta más agresiva frente al incremento del inóculo. En contraste, el aislado 1320 presentó una evolución más lenta y una menor capacidad para causar mortalidad durante el periodo evaluado. Los resultados obtenidos ponen de manifiesto que tanto la densidad de inóculo como la agresividad del aislado influyen en la expresión de la fusariosis vascular. En este contexto, la determinación de umbrales de riesgo asociados a diferentes niveles de inóculo, junto con la caracterización de las poblaciones de FOLac presentes en el suelo, podría constituir una herramienta de gran utilidad para la evaluación del riesgo y la toma de decisiones en programas de manejo integrado de la enfermedad.

Financiado por Plan Estatal de Investigación Científica, Técnica y de Innovación 2021–2023, a través de la convocatoria Proyectos de Generación de Conocimiento 2021, proyecto PID2021-125545OR-C22.

O.16: Nuevos inductores de resistencia para la prevención de la enfermedad radical causada por *Phytophthora cinnamomi* en encina

Rosa López García, Inmaculada Martos García, María Socorro Serrano Moral

Córdoba

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: Compuestos fenólicos; rutina; oleuropeína; hidroxitirosol; pirogalol; protodioscina

Resumen: La imposibilidad de erradicar a *Phytophthora cinnamomi* de los suelos infestados requiere de la búsqueda de alternativas que aumenten la resiliencia de las especies y ecosistemas afectados. El objetivo de este trabajo fue determinar la actividad como inductores de resistencia de distintos compuestos fenólicos puros para prevenir la podredumbre radical causada por *P. cinnamomi* en *Quercus ilex*. Para ello, plantones de encina de 1 año se trataron mediante pulverización foliar con uno de los cinco compuestos fenólicos puros ensayados (rutina, oleuropeína, hidroxitirosol, pirogalol y protodioscina) a cuatro dosis diferentes (0,001, 0,002, 0,004, 0,008%). Se prepararon 10 plantas por tratamiento y dosis, más otras 10 plantas sin tratar que se usaron como testigo. Todas las plantas se incubaron en umbráculo durante 24 h. Pasado este tiempo, la mitad fueron inoculadas con una suspensión de clamidosporas aplicada alrededor del cepellón de la planta, mientras la otra mitad se trataron con agua y se usaron como testigos. Todas las plantas se incubaron en umbráculo con riego por encharcamiento del sustrato durante 2 días/semana para favorecer la infectividad del patógeno. Semanalmente se evaluó la severidad de síntomas foliares, fitotoxicidad y síntomas causados por el patógeno (amarillez, marchitez desecación y/o defoliación) utilizando una escala de 0 a 4 (0 = 0% síntomas y 4 = planta muerta). Al final del experimento, 12 semanas después de la inoculación, se recogieron muestras foliares para análisis transcriptómicos y se evaluó la severidad de síntomas radicales siguiendo una escala similar a la anterior según el porcentaje de necrosis radical y/o ausencia de raíz. Por último, se trató de reaislar a *P. cinnamomi* de la raíz. A lo largo de todo el experimento no se observó fitotoxicidad en ningún tratamiento. En cuanto al efecto sobre la enfermedad radical, este varió con la dosis aplicada, así las plantas tratadas con rutina al 0,002%, oleuropeína a dosis ≤0,002%, hidroxitirosol al 0,008% y pirogalol a dosis ≤ 0,004% mostraron una severidad de síntomas radicales significativamente menor que las plantas inoculadas y no tratadas, no difiriendo además de las no tratadas y no inoculadas. Aunque *P. cinnamomi* fue capaz de infectar todas las plantas inoculadas y tratadas, cabe destacar el papel de la rutina, hidroxitirosol y, sobre todo, oleuropeína y pirogalol como inductores de la resistencia capaces de reducir eficazmente la severidad de la enfermedad radical causada por *P. cinnamomi*. Durante el congreso se ampliará la información sobre la respuesta molecular en las plantas.

Financiado por Programa Emergia de la Junta de Andalucía (Conv. 2021) y por el proyecto CNS2022-135668 (MICINN).

O.17: Podredumbre ácida en fruta de hueso: patógenos asociados, su interacción y actividad enzimática

Júlia Borràs-Bisa, Carla Casals, Núria Vall-llaura Espinosa, Neus Teixidó

IRTA, Postcosecha, Fruitcentre, 25194 Lleida

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: *Geotrichum candidum*; *Pichia kluyveri*; poligalacturonasas; patogénesis; melocotones y nectarinas; consorcio microbiano

Resumen: La podredumbre ácida (PA) es una enfermedad emergente que afecta a melocotones y nectarinas y que, bajo condiciones climáticas favorables, puede ocasionar pérdidas significativas en postcosecha. Los síntomas característicos incluyen ablandamiento acuoso de la fruta, presencia de micelio y conidios blancos y olor agrio. Aunque *Geotrichum candidum* se considera el principal agente causante de la PA, otras levaduras también se han asociado con su desarrollo. Actualmente, no existen herramientas eficaces para el control de esta enfermedad. Los objetivos de este trabajo fueron identificar los microorganismos implicados en la PA y estudiar su interacción y contribución al desarrollo de la enfermedad. Los principales microorganismos aislados de fruta afectada fueron *G. candidum* y *Pichia kluyveri*. Ambos microorganismos, procedentes de cultivos *in vitro* o de fruta con podredumbre, se inocularon individualmente o en combinación en fruta sana a una concentración de 10^7 UFC/mL. Asimismo, se evaluó el efecto de extractos filtrados (0.22 µm) obtenidos a partir de tejido podrido, que podrían contener enzimas producidas durante la infección. Los resultados mostraron que el inóculo de *G. candidum* procedente de fruta podrida indujo los mayores niveles de enfermedad. Sin embargo, la coinoculación de *G. candidum* y *P. kluyveri* no aumentó la severidad de los síntomas respecto a la observada con los microorganismos inoculados por separado. Para profundizar en la interacción entre ambos microorganismos, se realizaron ensayos de co-cultivo en medio PDB incubados a 4, 25 y 30 °C. El crecimiento de *G. candidum* no se vio afectado por la presencia de *P. kluyveri*, mientras que esta mostró una reducción significativa de su crecimiento en co-cultivo en todas las temperaturas evaluadas. Con el fin de explicar la mayor agresividad observada en los inóculos procedentes de tejido podrido, se evaluó la capacidad de infección y desarrollo de *G. candidum* tras distintos periodos de incubación (3-14 días). Un mayor tiempo a 30 °C incrementó la capacidad infectiva del patógeno, pasando de una incidencia de podridos de 0-10 % con inóculos de 3 días a un 100 % con inóculos de 14 días. Finalmente, se analizó la actividad poligalacturonasa de *G. candidum in vitro* en función del pH y la temperatura, alcanzándose la máxima producción entre las 12 y 24 h. Estos resultados aportan nuevos conocimientos sobre los patógenos implicados en la PA, su interacción y el posible papel de la actividad poligalacturonasa en el desarrollo de la enfermedad. Todo ello contribuirá a la comprensión de los mecanismos implicados en la PA y favorecerá el desarrollo de futuras estrategias de control.

Financiado por Programa CERCA, 2021 SGR-01477 y 16.01.01.PDR2014-2022 (‘Generalitat de Catalunya’); FPU22/03902 (Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades), y PID2023-147681OB-C21 (MICIU/AEI/10.13039/501100011033 y FEDER, UE).

O.18: Bases fisiológicas y moleculares de la reactivación de conidios de *Penicillium rubens* PO212 como agente de control biológico

Almudena Escobar-Niño[1], Belén Guijarro Díaz-Otero[2], María Inmaculada Larena Nistal[2], Francisco Javier Fernández-Acero[1]

[1] *Laboratorio de Microbiologia y Proteomica. Instituto de Investigaciones Vitivinícolas y Agroalimentarias (IVAGRO). Fac. de CC del Mar y Ambientales. Universidad de Cadiz*

[2] *Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria, Consejo Superior de Investigaciones Científicas (INA-CSIC), 28040, Madrid, Spain, Spain*

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: proteómica; reactivación metabólica; conidios; germinación; control biológico; *Penicillium rubens*

Resumen: La eficacia de *Penicillium rubens* PO212 como agente de control biológico depende de la capacidad de sus conidios deshidratados para reactivarse tras su aplicación en el suelo. Este proceso implica la transición desde un estado latente a una fase metabólicamente activa previa a la germinación. En este trabajo se caracterizó la dinámica temporal de esta transición mediante un enfoque integrado que combina análisis fisiológicos, expresión génica y proteómica comparativa. Los ensayos de germinación mostraron que los conidios alcanzan su diámetro máximo tras 3 h de rehidratación, estableciendo un umbral crítico previo a la emisión del tubo germinativo, mientras que la germinación máxima (70–90%) se alcanza a las 18 h. Esta cinética depende de la fuente de carbono, siendo más rápida en presencia de glucosa y más retardada en medios con xilano. El análisis de expresión génica (BenA, HistB y GPDH) confirmó que las 18 h constituyen un punto clave de activación metabólica, con una marcada sobreexpresión respecto a fases tempranas. El análisis proteómico en 0, 3, 18 y 36 h evidenció una reprogramación dinámica del proteoma. En fases tempranas (0-3 h) se detectaron proteínas asociadas a metabolismo primario y respuesta al estrés, mientras que en fases posteriores (18–36 h) se identificaron enzimas relacionadas con metabolismo secundario, detoxificación y remodelación celular. El análisis de enriquecimiento funcional reveló una reprogramación temporal claramente estructurada. En las primeras 0–3 horas se observa una clara reducción de procesos asociados a biogénesis ribosomal, unión a RNA y metabolismo de macromoléculas, lo que sugiere una reconfiguración inicial del aparato traduccional tras la hidratación. Entre 18–36 horas destaca la activación de rutas metabólicas relacionadas con la generación de energía y precursores biosintéticos, indicando el establecimiento de un estado metabólicamente activo. Finalmente, a las 36 horas se observa una regulación diferencial caracterizada por la inducción de procesos de plegamiento y maduración proteica, junto con funciones asociadas a secreción y remodelado celular, coherente con una transición hacia crecimiento activo y reorganización celular post-germinativa. En conjunto, los resultados demuestran que la reactivación de los conidios implica una reorganización funcional del proteoma altamente regulada en el tiempo. La identificación de 3 h y 18 h como puntos críticos establece una base experimental sólida para optimizar tanto el diseño de estudios proteómicos como las estrategias de formulación y aplicación de PO212 como agente de control biológico.

Financiado por Proyecto PID2021-123594OR-C21 financiado por MCIN/AEI/10.13039/501100011033/FEDER, UE; y por el proyecto PID2024-158958OR-C31 financiado por MICIU/AEI/10.13039/501100011033/FEDER, UE. Además, los proyectos PID2024-158958OR-C33 financiado por MICIU/AEI/10.13039/501100011033/FEDER, UE, y FEDER-UCA-2024-A2-14 financiado por FEDER-UCA-2024–2024-A2–14 FEDER Andalucía 2021–2027 de la Consejería de Universidad, Investigación e Innovación, Junta de Andalucía.

Sesión Simultánea 2A: Gestión de Enfermedades

O.19: Bacteriófagos específicos y polivalentes frente a las subespecies fastidiosa y multiplex de *Xylella fastidiosa*

Carlos Sellés-Ribera[1,2], Pilar Domingo-Calap[2], Ester Marco-Noales[1]

[1] *Centro de Protección Vegetal, Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias (IVIA). Valencia, España*

[2] *Instituto de Biología Integrativa de Sistemas, I2SysBio, Universitat de València-CSIC. Valencia, España*

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: *Xylella fastidiosa*; bacteriófagos; biocontrol; vid; almendro

Resumen: *Xylella fastidiosa* (*Xf*) es una bacteria responsable de enfermedades que amenazan cultivos estratégicos para los países mediterráneos, como la vid y el almendro. La presencia de brotes activos en Europa de diferentes subespecies de *Xf*, principalmente *fastidiosa* y *multiplex*, pone de manifiesto la necesidad de desarrollar estrategias de control eficaces y sostenibles, especialmente debido a las limitaciones de los métodos actuales para erradicar la infección una vez establecida en el cultivo. La exploración de la diversidad de bacteriófagos asociados a *Xf* representa una aproximación prometedora para identificar fagos capaces de infectar diferentes subespecies y ampliar así su potencial aplicación como herramientas de biocontrol. En este estudio, se han aislado y caracterizado 42 nuevos fagos capaces de infectar cepas europeas de *Xf* pertenecientes a las subespecies *fastidiosa* y/o *multiplex*. La diversidad genética revelada en los análisis filogenéticos y genómicos fue notable, lo que respalda la propuesta de nuevos géneros y especies virales. Los grupos taxonómicos más representados correspondieron a las familias *Autographiviridae*, *Mesyanzhinoviridae*, *Casjensviridae* y *Tectiviridae*, y la subfamilia *Queuovirinae*. Estos fagos carecen de genes relacionados con lisogenia, virulencia o resistencia a antibióticos, lo que sugiere un ciclo estrictamente lítico y refuerza su potencial como agentes de biocontrol. Se aislaron fagos altamente específicos y fagos polivalentes, dependiendo el rango de hospedador de la estrategia de aislamiento y de la cepa bacteriana utilizada. Los más específicos se obtuvieron mediante aislamiento directo en cepas de *Xf* subsp. *multiplex* ST6 y *Xf* subsp. *fastidiosa* ST1 de brotes activos en España, lo que sugiere preferencia por hospedadores del género *Xylella* frente a otros miembros de la familia *Lysobacteriaceae*. Además, algunos de estos fagos fueron capaces de infectar cepas pertenecientes a otros tipos genéticos (ST, *sequence types*) asociadas a brotes europeos y/o americanos. En conjunto, estos resultados evidencian una diversidad de fagos asociados a *Xf* en Europa hasta ahora poco explorada, y su eficacia *in vitro* respalda su potencial como herramientas de biocontrol. Actualmente se están llevando a cabo ensayos en invernadero y campo para evaluar su aplicación preventiva y terapéutica en vid y almendro.

Financiado por HORIZON-CL6-2021-FARM2FORK-01 project BeXyl (Beyond *Xylella*, Integrated Management Strategies for Mitigating *Xylella fastidiosa* impact in Europe; Grant ID No 16 101060593); TED2021-130110B-C42, financiado por MICIU/AEI/10.13039/501100011033 y por la Unión Europea NextGenerationEU/PRTR; proyecto IVIA-GVA 52202D del Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias (proyecto susceptible de ser cofinanciado por la Unión Europea a través del Programa FEDER 2021-2027 Comunitat Valenciana). C. Selles-Ribera recibió financiación mediante la ayuda ACIF/2022/127 (FSE+ Comunitat Valenciana 2021-2027).

O.20: Consorcio microbiano obtenido del microbioma de la manzana eficaz frente a enfermedades de postcosecha y adaptado a distintas condiciones climáticas

Ana María Sánchez Ruiz[1], Jonàs Oliva[2], Carla Casals[1], Cristina Solsona[1], Neus Teixidó[1]

[1] *IRTA Fruitcentre, Lleida*

[2] *Universidad de Lleida, Lleida*

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: Biocontrol; Lecho fluido atomizador; formulación; enfermedades fúngicas; control patógenos; microorganismos antagonistas

Resumen: Las enfermedades de postcosecha causadas por hongos filamentosos, como *Penicillium expansum* y *Botrytis cinerea*, son responsables de pérdidas considerables en el almacenaje y la comercialización de manzanas. Un método de control alternativo y sostenible frente al uso de pesticidas químicos es el control biológico. El presente trabajo estudia si un consorcio microbiano de dos cepas aisladas de condiciones ambientales diferentes es más efectivo y estable que las mismas cepas individuales. La selección de los microorganismos que componen el consorcio se realizó por su adaptabilidad a diferentes nichos ecológicos y su eficacia frente a los principales patógenos de postcosecha. Los microorganismos estudiados son la bacteria *Pantoea agglomerans* cepa B296 aislada de manzanas del Valle del Ebro y la levadura *Vishniacozyma carnescens* cepa L157 aislada de manzanas del Pirineo. Los objetivos de este estudio son: i) estudiar las dinámicas poblacionales de los candidatos seleccionados, aplicados de manera individual y en consorcio en la superficie de manzanas, bajo diferentes condiciones de postcosecha que incluyen el almacenamiento en temperatura ambiente y en frío, ii) determinar la dosis efectiva mínima para el control biológico de enfermedades de postcosecha, iii) producir los candidatos mediante biorreactores de 2 litros y formularlos mediante lecho fluido atomizador, de manera individual y en consorcio, y iv) evaluar la actividad de control *in vivo* de los candidatos en fresco y en formulado aplicados individualmente y en combinación contra *P. expansum* y *B. cinerea* en dos cultivares de manzana (‘Golden Reinders’ y ‘Mandy’) bajo diferentes condiciones de conservación de la manzana. Los resultados mostraron cómo los candidatos sobrevivieron sobre la superficie de la manzana con una concentración superior a 10^3 CFU cm^{-2} en todos los regímenes en postcosecha estudiados. Cuando los microorganismos fueron aplicados juntos, su supervivencia mejoró. La dosis efectiva mínima en ambos agentes de biocontrol es de 10^7 UFC mL^{-1}. Se obtuvo una formulación adecuada en forma de gránulos dispersables en agua (WG) de los microorganismos mediante lecho fluido. Cuando el consorcio fue formulado, la supervivencia de las cepas aumentó respecto a la formulación individual, con una concentración final de 2.38×10^9 UFC g^{-1}. Por último, la eficacia de los consorcios, tanto en fresco como en formulado, controló mejor la incidencia y severidad de las enfermedades, aunque su eficacia varió según las condiciones de postcosecha estudiadas. Por tanto, nuestros resultados muestran un avance en la gestión de enfermedades de postcosecha y ofrecen una alternativa prometedora a los fungicidas químicos.

Financiado por Agencia Estatal de Investigación (AEI) a través del proyecto nacional PID2020-117607RR-I00 (ENVIRONAPPLE); programa CERCA y el SGR: 2021 SGR 01477 de la Generalitat de Catalunya; y una beca predoctoral UdL-IRTA 2021.

O.21: Potencial antifúngico de extractos de cáscara de nuez contra la podredumbre verde en naranjas

Yesfrin Castellanos[1,2], Ricardo Lima de Souza[1], Zannatul Anika[1,3], Michelle Pannarale[1,4], María Bernardita Pérez-Gago[1], Lluís Palou Vall[1]

[1] *Institut Valencià d'Investigacions Agràries (IVIA), Valencia*

[2] *Universitat Politècnica de València (UPV), Valencia*

[3] *PlantHealth Erasmus Mundus Joint Master Degree, UPV, Valencia*

[4] *University of Bari (UNIBA), Bari, Italia*

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: Economía circular; valorización de subproductos; síntesis verde de extractos; cítricos; enfermedades de poscosecha; *Penicillium digitatum*

Resumen: La podredumbre verde causada por *Penicillium digitatum* (PD) provoca importantes pérdidas en poscosecha de cítricos y refuerza la necesidad de alternativas sostenibles ante la reducción de fungicidas químicos de poscosecha autorizados en la UE. En este contexto, los subproductos de la industria agroalimentaria son una fuente importante de compuestos bioactivos con actividad antifúngica potencial, cuyo uso favorecería la bioeconomía circular. Se trata de compuestos naturales de baja toxicidad general y susceptibles de ser reconocidos como compuestos seguros (GRAS) o como aditivos alimentarios. En ensayos *in vitro* se evaluó la actividad antifúngica frente a PD de extractos de cáscara de nuez liofilizada obtenidos mediante extracción asistida por ultrasonidos (UAE) y microondas (MAE). La extracción se realizó con etanol al 70% como disolvente, empleando dos concentraciones de muestra (20 y 40 g/L) y la evaluación en medio patata dextrosa agar (PDA) a diferentes concentraciones (2, 4, 6 y 8% v/v) de extracto. Tanto los extractos obtenidos por UAE como MAE inhibieron el crecimiento de PD en placa tras inocular 3 µL de una suspensión de 10^5 esporas/mL del hongo. Se observó la supresión completa del crecimiento radial del patógeno a una concentración del 6% de todos los extractos a los 14 días de incubación a 20 °C. La actividad curativa de extractos de UAE y MAE (extractos sin diluir y diluidos al 10%) se determinó en ensayos in *vivo* con naranjas navel cv. 'Barnfield' inoculadas 24 h antes en una herida de la piel con una suspensión de 10^5 esporas/mL de PD. Las naranjas inoculadas fueron tratadas con 30 µL de extracto (o agua estéril como control) sobre la herida y se incubaron a 20 °C durante 11 días. El mejor tratamiento (extracto UAE 20 g/L sin diluir) redujo la incidencia de la podredumbre verde al 5% a los 7 y 11 días de incubación, mientras que fue del 85 y 100% en la fruta control, respectivamente, mostrando la eficacia y persistencia del tratamiento. Estos resultados preliminares apoyan el uso de extractos de cáscara de nuez obtenidos mediante UAE como agentes curativos sostenibles para el control de la podredumbre verde en cítricos y subrayan el interés de evaluar su eficacia en otros patosistemas.

Financiado por Proyecto IVIA 52201I, cofinanciado por el programa de la UE FEDER Comunitat Valenciana 2021-2027. La contratación de Y. Castellanos ha sido financiada por el programa Marisa Badenes del IVIA, cofinanciado por el programa de la UE FSE+ Comunitat Valenciana 2021-2027.

O.22: Búsqueda y selección de agentes de control biológico frente a la tuberculosis del olivo

Luiza Sánchez-Pereira, Patricia Díaz-Rodríguez, María Carmen Saigner Cruz, Ana López-Moral, Carlos Agustí-Brisach

Universidad de Córdoba. Córdoba

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: *Bacillus velezensis*; biocontrol; microorganismos beneficiosos; *Pseudomonas savastanoi* pv. *savastanoi*; *Olea europaea*; *Trichoderma atroviride*

Resumen: La tuberculosis del olivo (TO), causada por *Pseudomonas savastanoi* pv. *savastanoi* (Pss), es una bacteriosis ampliamente distribuida en zonas olivareras. Su control se basa en la aplicación de fungicidas cúpricos, aunque la aparición de cepas de Pss resistentes al cobre limita su eficacia. En este contexto, el uso de microorganismos antagonistas como agentes de control biológico (ACBs) representa una alternativa prometedora. El objetivo de este trabajo fue aislar, seleccionar y evaluar bacterias y hongos antagonistas obtenidos de ramas y tumores de olivo cv. Arbequina, tanto sintomáticos como asintomáticos, frente a dos cepas de Pss (PV-1591 y PV-1592). La actividad antagonista se evaluó mediante cultivo dual *in vitro*, determinando la inhibición del crecimiento bacteriano (ICB, %). Como control positivo se empleó oxicloruro de cobre 50% p/p (Cuprosan Azul WG®; dosis = 3,33 g/L). Se obtuvo una colección de 36 aislados, pertenecientes a los géneros *Aureobasidium*, *Bacillus*, *Cosmospora*, *Cladosporium*, *Fusarium*, *Phoma* y *Trichoderma*. Entre los ACBs bacterianos, *Bacillus velezensis* resultó el más efectivo, alcanzando valores de ICB del 55,3% frente a PV-1591 y 46,0% frente a PV-1592. Entre los ACBs fúngicos, *Trichoderma atroviride* PV-1634 inhibió en un 100% el crecimiento de ambas cepas de Pss, igualando al control positivo. Aislados de *Fusarium proliferatum* y *Phoma glomerata* alcanzaron valores de ICB entre 42,3 y 64,3%; mientras que *Aureobasidium pullulans*, *Cladosporium* spp. y *Cosmospora* sp. mostraron un efecto limitado (ICB < 20,0%). Los ACBs más eficaces *in vitro*, *B. velezensis* PV-1611 y *T. atroviride* PV-1634, se evaluaron en plantones de olivo cv. Arbequina en invernadero para determinar su capacidad de protección de heridas frente a Pss. Los tratamientos se aplicaron preventivamente y las plantas se inocularon con Pss inmediatamente o 24 h tras la aplicación del ACB. Como controles, se emplearon plantas inoculadas únicamente con Pss (negativo), plantas heridas no inoculadas (blanco) y, plantas tratadas con oxicloruro de cobre e inoculadas con Pss (positivo). Se evaluó la incidencia y la severidad durante tres meses. La aplicación de los ACBs 24 h antes de la inoculación con Pss fue la más eficaz. *B. velezensis* PV-1611 y *T. atroviride* PV-1634 redujeron la severidad final un 41,2% y un 31,8%, y la incidencia un 30,5% y un 22,2%, respectivamente, sin diferir significativamente del oxicloruro de cobre. Los resultados identifican a *B. velezensis* PV-1611 y *T. atroviride* PV-1634 como ACBs candidatos para el biocontrol de la TO, constituyendo una base para futuros estudios sobre sus mecanismos de acción.

Financiado por Esta investigación ha sido financiada por el Ministerio de Ciencia e Innovación y la Agencia Estatal de Investigación (AEI) (proyecto PID2021-123645OA-I00 'BIOLIVE'), cofinanciado por los Fondos FEDER de la Unión Europea. Los autores agradecen el apoyo financiero de la AEI a través del Programa Severo Ochoa y María de Maeztu para Centros y Unidades de Excelencia en I+D (Ref. CEX2019-000968-M). L. Sánchez-Pereira es beneficiaria de una ayuda para la Formación de Personal Investigador financiada por la AEI (FPI; contrato n.° PRE2022-101542). Ana López-Moral disfruta de un contrato postdoctoral del programa EIDIA financiado por la Junta de Andalucía (n° de contrato DGP_POST_2024_00431). Los autores agradecen a F. Luque y L. Rodríguez por su asistencia técnica en el laboratorio e invernadero.

O.23: Caracterización e identificación de bacterias nativas de cítricos para biocontrol de *Xanthomonas citri*

Mary Selva Cuiñas Díaz[1], Silvia Barbé Martínez[2], Maria Herranz[3], Irene Lozano Alfonso[2], Luis Felipe Arias Giraldo[3], Ester Marco-Noales[2]

[1] *Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias (IVIA) & Universidad Politécnica de Valencia (UPV).*

[2] *Laboratorio Nacional de Referencia de Bacterias Fitopatógenas, Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias (IVIA)*

[3] *Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias (IVIA)*

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: Antagonistas; biocontrol; cancrosis de cítricos; *Xanthomonas citri*; manejo sostenible; enfermedades bacterianas.

Resumen: La cancrosis bacteriana de los cítricos causada por *Xanthomonas citri* subsp. *citri* (Xcc) es una de las enfermedades más graves de este cultivo, afectando potencialmente a todas las variedades comerciales. En este contexto, la búsqueda de alternativas sostenibles para el control de enfermedades y la mejora de la productividad agrícola han impulsado el estudio del microbioma vegetal como fuente de microorganismos que pueden contribuir de manera significativa a la buena salud de las plantas. En este trabajo se llevó a cabo un programa de selección y caracterización de potenciales agentes de biocontrol frente a Xcc a partir de una colección de bacterias aisladas de la filosfera de cítricos sanos. Inicialmente, se realizó un cribado de las cepas mediante ensayos de antagonismo *in vitro* utilizando el método de doble capa frente a una cepa de referencia de la bacteria patógena. Las cepas que mostraron actividad antagonista fueron posteriormente caracterizadas en función de su velocidad de crecimiento. En una segunda fase, se seleccionaron aquellas cepas que generaron los mayores halos de inhibición, obteniéndose un total de siete aislados candidatos. El análisis taxonómico preliminar reveló que seis de ellos pertenecían al género *Staphylococcus* y uno al género *Frigoribacterium*. Estas cepas fueron evaluadas a distintos niveles funcionales y fisiológicos, incluyendo su capacidad para inducir respuesta hipersensible en hojas de tabaco y la presencia de actividades relacionadas con la promoción del crecimiento vegetal. Posteriormente, tanto las cepas seleccionadas como sus sobrenadantes libres de células fueron ensayados frente a una colección de aislados de Xcc del IVIA, con el objetivo de determinar el espectro y la naturaleza de su actividad antimicrobiana. Finalmente, las cepas candidatas fueron secuenciadas para su identificación a nivel de especie, y se realizó un análisis *in silico* de sus genomas para identificar genes y rasgos potencialmente implicados en la actividad antagonista y en la promoción del crecimiento vegetal, permitiendo corroborar y complementar los resultados observados experimentalmente *in vitro*. Este trabajo ha sido posible gracias a los proyectos: PID2021-124145OR-C21 financiado por MICIU/AEI /10.13039/501100011033 y FEDER, UE; IVIA-GVA 52202D del Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias (proyecto susceptible de ser co-financiado por la Unión Europea a través del programa ERDF 2021-2027 Comunitat Valenciana). La contratación de Mary Selva Cuiñas Díaz ha sido financiada por el programa Marisa Badenes del IVIA, susceptible de ser cofinanciado por la Unión Europea a través del programa “Fondo Social Europeo Plus (FSE+) Comunitat Valenciana 2021-2027.

Financiado por Este trabajo ha sido posible gracias a los proyectos: PID2021-124145OR-C21 financiado por MICIU/AEI /10.13039/501100011033 y FEDER, UE; IVIA-GVA 52202D del Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias (proyecto susceptible de ser co-financiado por la Unión Europea a través del programa ERDF 2021-2027 Comunitat Valenciana). La contratación de Mary Selva Cuiñas Díaz ha sido financiada por el programa Marisa Badenes del IVIA, susceptible de ser cofinanciado por la Unión Europea a través del programa “Fondo Social Europeo Plus (FSE+) Comunitat Valenciana 2021-2027.

O.24: *Debaryomyces hansenii* como agente de biocontrol frente a hongos postcosecha

Francisco Javier Ruiz Castilla[1], Carlos Lucena León[2], María José Cañasvera[1], Alma Velasco[1], Helena Chacón Navarrete[1], José Ramos Ruiz[1]

[1] *Departamento de Química Agrícola, Edafología y Microbiología, Edificio Severo Ochoa (C-6), Campus de Excelencia Internacional Agroalimentario de Rabanales (ceiA3), Universidad de Córdoba, 14071 Córdoba, España*

[2] *Departamento de Botánica, Ecología y Fisiología Vegetal, Edificio Celestino Mutis (C-4), Campus de Excelencia Internacional Agroalimentario de Rabanales (ceiA3), Universidad de Córdoba, 14071 Córdoba, España.*

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: *Debaryomyces hansenii*; biocontrol; postcosecha; hongos fitopatógenos; conservación.

Resumen: La búsqueda de alternativas sostenibles a los fungicidas químicos ha impulsado el desarrollo de microorganismos como agentes de control biológico para la protección de productos hortofrutícolas durante el almacenamiento. En este contexto, *Debaryomyces hansenii* ha emergido como una levadura con elevado potencial biotecnológico debido a su tolerancia a condiciones de estrés y a su capacidad para inhibir el crecimiento de diversos hongos alterantes y fitopatógenos. El objetivo de este trabajo fue evaluar la eficacia de cuatro cepas de *D. hansenii* (CBS767, LR2, SRF1 y CB1) como agentes de biocontrol frente a hongos fitopatógenos de postcosecha mediante ensayos realizados en condiciones *in vitro* e *in vivo*. Para ello, se emplearon diferentes medios de cultivo convencionales y medios de cultivo que simulan las condiciones reales en frutos, complementados con ensayos de validación *in vivo* en productos hortofrutícolas almacenados. Los resultados mostraron una elevada capacidad antagonista de las distintas cepas de *D. hansenii* frente a los hongos fitopatógenos estudiados, reduciendo significativamente su crecimiento mediante mecanismos asociados a la competencia por nutrientes y espacio, así como a la producción de compuestos antifúngicos. Asimismo, se observó que la eficacia de biocontrol dependió del medio empleado para su evaluación, poniendo de manifiesto que los medios sintéticos convencionales no reflejan completamente las interacciones que tienen lugar en el fruto y que, por tanto, es necesario emplear matrices más representativas de las condiciones reales de aplicación. Paralelamente, los ensayos *in vivo* confirmaron la eficacia observada en laboratorio, mostrando una reducción significativa de la incidencia y severidad de las infecciones fúngicas en diferentes frutos durante su almacenamiento. En numerosas condiciones se observó una fuerte inhibición del desarrollo de los patógenos evaluados, limitando el deterioro de los productos y prolongando su conservación. En conjunto, los resultados destacan a *D. hansenii* como una herramienta útil para el control biológico de enfermedades postcosecha y ponen de manifiesto la importancia de emplear sistemas de evaluación que reproduzcan fielmente las condiciones reales de aplicación para una mejor selección de agentes de biocontrol.

Financiado por Plan Propio de la Universidad de Córdoba.

Sesión Simultánea 2B: Detección y Diagnóstico + Gestión de Enfermedades

O.25: Diseño y ejecución de un programa interno de certificación fitosanitaria en propagación de fresa y *Rubus*: aciertos y desafíos

Douglas Rodríguez Martínez, Yamila Martínez-Zubiaur, Ricardo A. Toledo-Hernández

Departamento de Sanidad Vegetal, Planasa.

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: certificación; diagnóstico; monitoreo; plagas

Resumen: Durante los últimos 20 años se ha incrementado considerablemente la demanda de frutos rojos en el mercado internacional, lo que ha llevado a un incremento importante en superficies dedicadas a estos cultivos y la optimización de su rendimiento. El incremento en la producción está directamente relacionado con la disponibilidad de plantas desde los viveros, que han elevado y potencializado sus producciones con la responsabilidad de ofrecer material libre de plagas y patógenos, así como garantizar la fidelidad genética. El objetivo del trabajo ha sido diseñar y ejecutar un Programa interno de certificación fitosanitaria (PICF) de material de propagación, que permita: 1) elevar el número de muestras a analizar, 2) ejecutar técnicas de detección confiables y específicas a plagas y patógenos de interés y 3) abarcar todo el proceso el obtención y comercialización de variedades, armonizado con las normas establecidas por la EPPO y el MAP España. De tal forma se han estandarizado los protocolos de diagnóstico serológico, molecular y microbiológico para ocho patógenos fúngicos y oomicetos, cuatro virales, cuatro bacterianos y especies de fitoplasmas. Se documentan y actualizan los protocolos y procesos. Se ha logrado la caracterización molecular de aislados de patógenos presentes en las áreas de mejoramiento genético, planta madre y diferentes etapas de propagación en viveros. Se realiza el monitoreo e identificación taxonómica y molecular de insectos vectores de enfermedades y plagas emergentes como *Phytonemus pallidus*, *Scirtothrips dorsalis*, *Polyphagotarsonemus latus*. A pesar de los desafíos que impone el cambio climático, la globalización del mercado y la emergencia de plagas y enfermedades, los resultados han permitido el intercambio de material libre de patógenos y plagas, con una mayor seguridad fitosanitaria, trazabilidad del material vegetal, uniformidad en los controles, bajos costos en los análisis y una base sólida para futuras actualizaciones o contingencias sanitarias, todo lo cual, contribuye a minimizar el riesgo de dispersión e introducción de enfermedades y plagas a través de nuestros productos.

Financiado por Planasa Viveros S.L.U.

O.26: Detección de mutaciones asociadas a la resistencia a fungicidas en aislados de *Plasmopara viticola*, oomiceto causante del mildiu de la vid

Helene Sanchez Zelaia[1], Mónica Hernández[1], Alejandro Aguilar-Diaz[2], Tawanda P. Makopa[3], David Peris[2,4], Ana M. Diez-Navajas[1]

[1] *Departamento de producción y protección vegetal, NEIKER – Instituto Vasco de Investigaciones Agrarias, Basque Research and Technology Alliance (BRTA), Campus Agroalimentario de Arkaute, 01192, Arkaute, España*

[2] *FunGIALab (SBYBI Group) Department of Food Biotechnology, Institute of Agrochemistry and Food Technology, IATA-CSIC, Paterna, Valencia, Spain.*

[3] *rsity of Science and Technology, Private Bag 16, Palapye, Botswana*

[4] *FunGIALab (OMG Group), Department of Biosciences, University of Oslo, Oslo, Norway*

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: Resistencia; fungicidas; *Plasmopara viticola*; secuenciación de genoma completo; SNPs.

Resumen: El mildiu de la vid (*Vitis vinifera* L.), causado por el oomiceto *Plasmopara viticola* (Berk. y Curtis) Berl. y de Toni, constituye una de las enfermedades de mayor impacto económico en viticultura. Tiene capacidad de ocasionar pérdidas de cosecha de hasta el 100% bajo condiciones ambientales óptimas para su desarrollo, caracterizadas por elevada humedad relativa y temperaturas moderadas. Para preservar el estado sanitario del viñedo es habitual el uso de fungicidas de sitio-específico. La aplicación repetida de estos productos fitosanitarios conlleva el riesgo de generar resistencias en el patógeno. Con el fin de identificar las mutaciones asociadas a la resistencia a fungicidas, se recolectaron 13 aislados de *P. viticola* procedentes de diversas zonas vitivinícolas de España. Se realizó la secuenciación de genoma completo de estos aislados mediante tecnología Illumina, con el objetivo de analizar los genes que codifican las proteínas diana de los principales fungicidas de sitio-específico empleados en el control de la enfermedad e identificar polimorfismos nucleotídicos (SNPs) asociados a resistencia, que fueron: *OSBP*, *β-tubulin*, *V-ATPase* y *CesA3*. El análisis reveló una amplia presencia de mutaciones no sinónimas, afectando a la secuencia de aminoácidos de las proteínas. La comparación con la bibliografía disponible permitió identificar varias mutaciones de interés: C239S (asociada a la resistencia a zoxamida), G1105S/V (asociada a la resistencia a amidas del ácido carboxílico), G770V y N837I (asociada a la resistencia a oxatiapiprolina) y G759S (posiblemente relacionada con la resistencia a fluopicolida). Estos resultados ponen de manifiesto la existencia de resistencias adquiridas frente a múltiples familias de fungicidas en aislados de *P. viticola*, lo que subraya la necesidad de implementar estrategias de gestión de resistencia en las zonas donde la presión del patógeno es alta.

Financiado por Contrato predoctoral financiado por el Gobierno Vasco (Programa de becas IKERTALENT).

O.27: Fusariosis en cultivo de *Limonium*: diagnóstico y búsqueda de alternativas de control

David Ruano Rosa[1], Ana M.ª Trujillo Ferrusola[1], M.ª Dolores Vela-Delgado[2]

[1] *Instituto Andaluz de Investigación y Formación Agraria, Pesquera, Alimentaria y de la Producción Ecológica (IFAPA) Las Torres. Sevilla*

[2] *Instituto Andaluz de Investigación y Formación Agraria, Pesquera, Alimentaria y de la Producción Ecológica (IFAPA) Chipiona. Cádiz*

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: *Fusarium oxysporum*; *Fusarium falciforme*; *Trichoderma harzianum*; traqueomicosis; control biológico; Statice

Resumen: Andalucía lidera la producción nacional de flor cortada, donde destacan el Bajo Guadalquivir y la Costa Noroeste de Cádiz, con Chipiona a la cabeza. Este sector, con alta tecnificación y calidad, es un motor económico clave que genera miles de empleos directos, lo que permite fijar población. En 2023, tras prospecciones demandadas por el sector de cultivo de *Limonium*, se detectaron invernaderos con una alta incidencia de plantas secas. La exploración *in situ*, con necrosis y rojeces vasculares, seca de escapos florales y muerte de plantas, apuntaba a una traqueomicosis. Los estudios en laboratorio e invernadero (postulados de Koch), confirmaron: i) la presencia y patogenicidad de dos especies de *Fusarium* (*F. oxysporum* y *F. falciforme*); y ii) diferencias entre los cultivares, destacando por su alta sensibilidad el cultivar Yellow Sun Birds. Adicionalmente, se aislaron e identificaron durante los muestreos de campo tres potenciales agentes de control biológico nativos (*Trichoderma harzianum*). Se determinó en laboratorio el rango de temperatura óptima de crecimiento de todos los aislados, siendo este 25-30 ºC, con excepción de *F. oxysporum* que se restringía a 25 ºC. Los estudios *in vitro* (cultivos duales, celofán y volátiles), mostraron capacidad moderada de control de los patógenos. Durante los estudios de control biológico realizados en condiciones de invernadero se pudo confirmar la sintomatología a evaluar (amarilleo y/o enrojecimiento, seca parcial o completa de escapos y seca total de la planta). Se confirmó la patogenicidad de ambos aislados, siendo *F. falciforme* el más patogénico, con casi el 100% de plantas no tratadas muertas. Los aislados de *Trichoderma* no mostraron capacidad para controlar la fusariosis, si bien para el aislado CH_LT_127 sí se apreció un retraso en la aparición de los primeros escapos florales sintomáticos. El presente trabajo constata la necesidad de abordar nuevos estudios encaminados a controlar la fusariosis de este cultivo mediante estrategias convencionales o alternativas que ayuden a reducir las pérdidas ocasionadas en el sector.

Financiado por el proyecto PP.TRA23.TRA2023.012, cofinanciado al 85 % del Fondo Europeo de Desarrollo Regional, dentro del Programa Operativo FEDER de Andalucía 2021-2027.

O.28: Consorcio de cepas de *Penicillium rubens* como bioestimulantes del crecimiento de plantas de tomate

Sol De Mergelina Sánchez, Marco Vinicio Cacarín Piñán, Laura Guerra Fernández de Velasco, María Inmaculada Larena Nistal

Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria-CSIC, Madrid

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: Consorcios microbianos; Bioestimulantes microbianos; Tomate; *Penicillium rubens*

Resumen: El cultivo del tomate (*Solanum lycopersicum*) es uno de los sistemas hortícolas de mayor importancia económica en el mediterráneo. Su producción depende en gran medida de fertilizantes químicos cuyos efectos negativos sobre la salud del suelo y el medio ambiente impulsan la búsqueda de alternativas sostenibles. Los bioestimulantes microbianos, especialmente los hongos del género *Penicillium*, son una opción prometedora. Su eficacia puede aumentar cuando se combinan en consorcios, ya que pueden generar efectos sinérgicos superiores a los de cepas individuales. Por ello, este trabajo tiene como objetivo diseñar consorcios de cepas de *Penicillium rubens* que estimulen el crecimiento de plantas de tomate mejorando su producción. Para ello inicialmente evaluamos 78 cepas de *P. rubens* de la micoteca del INIA-CSIC en placa con medio Hoagland sólido sobre semillas de tomate cv Marmande. Las cepas se aplicaron individualmente en 3 momentos: 1) antes de la germinación mediante inmersión de las semillas, 2) en las fases de cotiledón y 3) de primera hoja verdadera mediante riego. Ello nos permitió seleccionar varias cepas con efectos positivos y reproducibles sobre parámetros de crecimiento radicular y aéreo. Posteriormente, se evaluó la compatibilidad de crecimiento de las cepas mediante confrontación en PDA, para el diseño de consorcios compatibles, cuya capacidad para promocionar el crecimiento de plantas de tomate fue probada en placa. Los consorcios seleccionados fueron ensayados en cámaras de crecimiento con condiciones controladas. En todos los casos se evaluaron los consorcios y las cepas individuales que los forman, empleando agua destilada estéril (ADE) como control negativo. Se evaluó la longitud de epicótilo, número de hojas, peso fresco aéreo y peso seco de raíz a los 7, 14, 21 y 28 días post-inoculación. La inmersión de semillas no dio ningún consorcio estimulante del crecimiento vegetal. La aplicación en fase de cotiledón permitió seleccionar el consorcio C2 (13-8-10). Y el consorcio C3 (13-8-132) junto con la cepa 392 fueron seleccionados cuando se aplicaron en fase de primera hoja verdadera. Actualmente, la cepa 392 y los consorcios C2 y C3 están siendo evaluados en invernadero. Los resultados nos permitirán seleccionar algún consorcio eficaz para llevar a condiciones reales en campo.

Financiado por Investigación subvencionada por el Proyecto PID2024-158958OR-C31 financiado por MICIU/AEI/10.13039/501100011033/FEDER, UE. S. De Mergelina recibió una beca JAE INTRO ICU 2025 (JAEICU_25_01958) del CSIC (MICIU, España). M.V. Cacarín estudiante de TFM. L. Guerra recibió un contrato predoctoral (PRE2024-002522) asociado al Proyecto PID2024-158958OR-C31 financiado por MICIU/AEI/10.13039/501100011033/FEDER, UE.

O.29: Phylogenomic characterisation and genome-based risk assessment of a *Penicillium* consortium for soil-borne pathogen control

Valèrian Lupo[1], María Villarino Pérez[2], María Inmaculada Larena Nistal[2], Antonieta de Cal y Cortina[2], Stephan Declerck[1], Belén Guijarro Díaz-Otero[2]

[1] *Université catholique de Louvain (UCLouvain), Earth and Life Institute, Mycology, Louvain, Belgium*

[2] *Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria, Consejo Superior de Investigaciones Científicas (INA-CSIC), 28040, Madrid, Spain*

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: phylogenomics; strain discrimination; microbial consortium; secondary metabolites; mycotoxins; *Penicillium*

Resumen: The development of microbial consortia as biological control agents requires the strain identification and the assessment of metabolite related risks. In this study, three *Penicillium* isolates intended for soilborne pathogen control were characterised using a whole genome sequencing based framework integrating phylogenomics, taxonomy, and biosynthetic potential analysis. Strain discrimination was performed through genome wide comparisons, including average nucleotide identity (ANI), digital DNA–DNA hybridization (dDDH), and phylogenetic reconstruction based on single-copy orthologs. ANI and dDDH values were consistent with accepted species delineation thresholds (ANI ≥95–96% and dDDH ≥70%), allowing the assignment of two isolates to *Penicillium rubens* and one to *P. chrysogenum*. Core-genome phylogeny based on approximately 2,500 single-copy orthologs provided high-resolution clustering within the *P. chrysogenum* species complex, confirming taxonomic placement and resolving intraspecific relationships. Genome mining using antiSMASH identified a diverse repertoire of biosynthetic gene clusters (BGCs), including conserved clusters associated with β-lactam antibiotic biosynthesis (penicillin pathway: pcbAB–pcbC–penDE), as well as additional NRPS, PKS, terpene, and siderophore clusters potentially involved in antimicrobial activity. No complete biosynthetic pathways corresponding to major regulated mycotoxins, such as aflatoxins, ochratoxin A, or fumonisins, were detected. However, the presence of partial or orphan PKS/NRPS loci highlights the need for further functional validation in the context of hazard assessment. Functional annotation based on CAZy classification revealed a broad repertoire of carbohydrate-active enzymes, including glycoside hydrolases, glycosyltransferases, carbohydrate esterases, and auxiliary activities. Genes encoding xylanases (GH10, GH11), cellulases (GH5, GH7), and chitinases (GH18) were consistently identified, supporting roles in substrate competition and antagonistic interactions. No genes associated with fungal pathogenicity toward plants or humans were identified, while genes related to stress response and nutrient acquisition were conserved, indicating environmental fitness without invasive traits. Overall, the integration of phylogenomics, biosynthetic gene cluster profiling, and CAZyme annotation demonstrates that the consortium combines taxonomically resolved strains with antimicrobial capacity and low mycotoxin risk. This genome-based framework provides the basis for environmental risk assessment and supports the regulatory evaluation of *Penicillium* spp based microbial consortia for sustainable soilborne disease control.

Financiado por EU's Horizon Europe Research and Innovation Program under Grant Agreement No. 101084163intheframeofRiskAssessmenTInnOvatioNforlow-riskpesticides(RATION,www.ration-lrp.eu).

O.30: Evaluación de una colección de germoplasma de guisante (*Pisum sativum*) para la resistencia frente a nematodos noduladores de las raíces (*Meloidogyne hapla*)

María Córdoba Sánchez, Diego Rubiales, Jorge Martín-Barbarroja, Carlos Casanova-Muñoz, Pablo Castillo Castillo, Juan Emilio Palomares-Rius

Instituto de Agricultura Sostenible. Córdoba.

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: *Pisum sativum*; *Meloidogyne* spp.; nematodos fitoparásitos; resistencia; GWAS; germoplasma

Resumen: El guisante (*Pisum sativum*) es una leguminosa de grano ampliamente cultivada en todo el mundo debido a su valor nutricional en la alimentación humana y animal, y a la mejora de la fertilidad del suelo mediante fijación de nitrógeno. Sin embargo, la productividad del cultivo puede verse afectada por diversos patógenos, entre ellos los nematodos fitoparásitos. Por ello, la identificación de material vegetal resistente se considera una herramienta clave para una gestión sostenible de enfermedades. Entre los nematodos de mayor importancia destacan los nematodos noduladores de las raíces (*Meloidogyne* spp.), capaces de infectar las raíces y reducir el crecimiento y el rendimiento de las plantas. En este estudio se evalúa la resistencia a *Meloidogyne hapla* en una colección de germoplasma de guisante. La colección de germoplasma incluye 322 accesiones de guisante previamente genotipadas. La evaluación de la resistencia consistió en la inoculación de 10000 huevos de *M. hapla* por planta, y la multiplicación del nematodo se evaluó a los 45 días tras la inoculación. Los niveles de resistencia se determinan mediante la producción total de huevos, los huevos por gramos de raíz y el factor de reproducción del nematodo (Rf = población final de huevos por planta/huevos inoculados por planta). Como control susceptible se emplea el cultivar Messire. Posteriormente, la información fenotípica obtenida se combinó con datos genotípicos para identificar polimorfismos de un solo nucleótido (SNPs) asociados a la resistencia mediante un estudio de asociación del genoma completo (GWAS).

Financiado por Junta de Andalucía, Proyecto Qualifica [QUAL21_023 IAS] y Proyecto PID2023-1462150B-100, financiado por MCIN/AEI.

Sesión Simultánea 2C: Interacción Planta-Patógeno: Virus

O.31: Competition among co-infecting potyviral chimera variants with adaptive, single nucleotide differences in HCPro, is influenced by environment factors

Mongia Makki, María Fernández-Avilés, Francisco Tenllado, Tomás Canto

Centro de Investigaciones Biológicas Margarita Salas. Madrid

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: Potyviral HCPro; virus adaptation; plant RNA virus co-infections; single nucleotide variants in viral populations; effect of environment parameters on viral populations; the influence of the environment on viral adaptation

Resumen: Adaptive mutants that increase fitness are selected among the variability generated in populations of plant RNA viruses. In this regard, in a previous study, we showed that two natural single-nucleotide mutations affecting distinct amino acids in the HCPro of a potyviral chimera separately increased virulence by enhancing either its silencing-suppression or proteolytic functions. To investigate how beneficial variants generated during infection compete with non-mutant forms, or among each other, we have co-expressed them in pairs, in *Nicotiana benthamiana* plants. We assessed how variants coexist and influence each other in the cell, and whether altered abiotic (elevated temperature) or biotic (a silencing-impaired plant) environment factors, affected local and systemic infection outcomes. In local tissues, our results are consistent with a model in which variants replicate and accumulate independently in co-infected cells: observed variant titers and ratios correlated with those that could be deduced from single infections. No evidence of trans-acting effects between variants was detected. By contrast, environment parameters influenced not only local variant titers but also ratios, likely because of their differential effects on functions affected by the specific mutation of each variant. In systemic infections, additional mutations in HCPro appeared separately, in some specific plants. Thus, further viral adaptation could proceed through separate paths in different plants, via the incorporation of distinct, novel mutations in the HCPro sequence.

Financiado por The research was funded by grants PID2022-137691OB-I00 from the Spanish Ministry of Science and Innovation (MCIN/AEI/10.13039/501100011033), and by “ERDF A way of making Europe”.

O.32: Viral determinants of host adaptation to tomato and cucurbits in Tomato leaf curl New Delhi virus strains

Romanos Zois[1], Luuk D. H. Veenendaal[1], Svenning R. Möller[2], M. N. Maruthi[2], Mireille van Damme[1], Yuling Bai[1], Anne-marie Wolters[1]

[1] *Wageningen University and Research*

[2] *University of Greenwich, Natural Resources Institute (NRI)*

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: *Begomovirus*; Cucurbits; Geminivirus; Host Adaptation; *Solanum lycopersicum*; Viral Co-infections; Viral Factors

Resumen: Tomato leaf curl New Delhi virus (ToLCNDV) is a bipartite begomovirus causing severe diseases in cucurbit and solanaceous crops. Host range is strain-dependent, with some ToLCNDV strains inducing epidemics in both tomato and cucurbits, while others remain largely restricted to cucurbit hosts. In Europe, the prevalent strain is ToLCNDV-Spain (ES), which causes major epidemics in cucurbits but is poorly adapted to tomato. However, the viral determinants underlying these differences in host range remain unclear. To identify the genomic components controlling tomato infectivity, we compared agroinfectious clones of two biologically distinct ToLCNDV strains: the cucurbit-restricted CB strain and the Jessore (Jes) strain, which infects both tomato and cucurbits. Co-inoculations with the monopartite begomoviruses Tomato yellow leaf curl virus (TYLCV) and Tomato yellow leaf curl Sardinia virus (TYLCSV) were also performed to evaluate whether these viruses could facilitate CB infection in tomato. Exchange of genomic components between strains showed that the CB strain acquired the ability to infect tomato only when combined with the DNA-B component of the Jes strain, demonstrating that DNA-B is the major determinant of host specificity. Furthermore, transient expression of the Jes DNA-B–encoded Nuclear Shuttle Protein (NSP) enabled systemic infection of tomato by the complete CB genome, identifying NSP as a key determinant of tomato infectivity and host range. Moreover, co-inoculation experiments showed that CB DNA-A could be systemically detected in tomato in the presence of TYLCSV, but not TYLCV, suggesting that compatible interactions with other begomoviruses may facilitate host adaptation. Previous studies with ToLCNDV-ES implicated the coat protein (CP) in tomato adaptation. Together with our findings, these results support a model in which coordinated interactions between CP and NSP contribute to host expansion and adaptation to tomato, indicating that host range is not controlled by a single viral factor. Given the high evolutionary potential of begomoviruses and the frequent occurrence of recombination and pseudo-recombination events in nature, host expansion of European ToLCNDV strains to tomato represents a plausible risk for agriculture in Spain and across Europe. The molecular insights provided in this study may contribute to improved monitoring and early prediction of emergent ToLCNDV strains capable of infecting tomato, supporting strategies to mitigate their potential impact on tomato production. In addition, identifying the viral determinants associated with host adaptation may facilitate the characterization of the host factors involved in susceptibility and provide potential targets for resistance breeding strategies.

Financiado por VIRTIGATION project, European Union’s Horizon 2020 research and innovation program under grant agreement No 101000570.

O.33: Detección polivalente y simultánea de todas las especies de *Tobamovirus* mediante sondas de género ("genus probes")

Irene Máñez Castelló[1], Esmeralda Sanahuja Edo[2], Ana Alfaro Fernández[2], María Isabel Font San Ambrosio[2], Vicente Pallás Benet[1], Jesús Ángel Sánchez Navarro[1]

[1] *Instituto de Biología Molecular y Celular de Plantas, Universitat Politècnica de València-Consejo Superior de Investigaciones Científicas. València.*

[2] *Instituto Agroforestal Mediterráneo, Universitat Politècnica de València. València.*

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: Detección polivalente; virus de plantas; hibridación molecular no radioactiva; *Tobamovirus*; polisondas.

Resumen: La hibridación molecular no radiactiva, basada en "polisondas" (secuencias complementarias de 200-300 nucleótidos (nt) de distintos virus y/o viroides fusionadas en tándem), constituye una herramienta eficaz para la detección simultánea de múltiples patógenos. Estudios previos demostraron que polisondas dirigidas a secuencias conservadas de aproximadamente 500 nt del género *Potyvirus* permiten detectar secuencias con una identidad ≥68% utilizando condiciones de hibridación menos restrictivas (50–55 ºC frente a los 68 ºC convencionales). El diseño de una polisonda de género (*genus-probe*), que contiene la región conservada de siete potyvirus, permite detectar todas las especies conocidas del género *Potyvirus* (183 especies), con la ventaja adicional de poder detectar también secuencias de potyvirus aún no caracterizados (Sánchez-Navarro et al., 2018. Phytopathology https://doi.org/10.1094/PHYTO-04-18-0146-R). En el presente trabajo, abordamos el diseño de una *genus-probe* para detectar todas las especies del género *Tobamovirus* depositadas en bases de datos. Inicialmente, se evaluaron tres polisondas con regiones de 100 nt de los genes de la replicasa (RP), proteína de movimiento (MP) y proteína de la cápside (CP), respectivamente, usando como criterio un porcentaje de identidad >70%. Sin embargo, ninguna de las tres polisondas, individualmente o en conjunto, permitió la detección cruzada de ARN extraído de muestras infectadas, lo que indica que fragmentos de 100 nt son insuficientes para una hibridación eficiente entre especies. Posteriormente, se diseñó una polisonda con una región de 250 nt del gen de la RP, aunque los resultados obtenidos tampoco fueron satisfactorios. Como alternativa, se seleccionaron fragmentos de 250 nt del gen de la CP de cada una de las 35 especies descritas por el ICTV para *Tobamovirus*, distribuyéndolos en cuatro polisondas (CP1, CP2, CP3 y CP4). Este diseño permitió detectar muestras infectadas con 9 especies de tobamovirus. Los resultados se compararon con los obtenidos con sondas individuales para esas nueve especies y con la mezcla de todas ellas en una sola hibridación, observándose que las polisondas detectan las muestras infectadas con alta sensibilidad y especificidad. El límite de detección con las polisondas fue de 0,26 pg/µL - 0,05 pg/µL de transcrito complementario, valor superior al obtenido previamente con otras sondas (Sánchez-Navarro et al., 2019. Eur. J. Plant Pathol. https://doi.org/10.1007/s10658-019-01763-6). Dado que el género *Tobamovirus* es el tercero más numeroso entre los virus de plantas, estos resultados sugieren que es posible diseñar una *genus-probe* para cualquier género viral abriendo nuevas posibilidades para el diagnóstico de amplio espectro y la detección de especies emergentes o aún no caracterizadas.

Financiado por Este Proyecto ha sido financiado con la ayuda PROMETEO/CIPROM/ 2022/031 de la Generalitat Valenciana.

O.34: Pattern-triggered immunity induced by dsRNA targets different stages of virus infection

Khouloud Necira, Ifigeneia Triantafyllou, Celia González, Tomás Canto, Francisco Tenllado

Centro de Investigaciones Biológicas Margarita Salas. Madrid

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: pattern-triggered immunity; double-stranded RNA; virus replication; virus movement; *Agrobacterium*-mediated transient expression; hairpin RNA

Resumen: Plant innate immunity is composed of two interconnected defense layers: pattern-triggered immunity (PTI) and effector-triggered immunity. PTI constitutes the first line of defense and is activated through the recognition of conserved pathogen-associated molecular patterns (PAMPs). During viral infection, double-stranded RNA (dsRNA), generated either as replication intermediates or from hairpin RNA structures, has been proposed to function as a viral PAMP in plants. Previous studies showed that nonspecific dsRNA-induced resistance against tobamoviruses primarily restricts viral cell-to-cell movement without significantly affecting replication. In contrast, experiments conducted in our laboratory using a movement-deficient *Potato virus X* (PVX)-GFP mutant suggested that nonspecific dsRNA-mediated antiviral responses may operate at the single-cell level. In this study, we show that *Agrobacterium*-mediated transient expression of nonspecific hairpin RNA induces distinct PTI responses against virus infection. While dsRNA treatment did not significantly alter the number or size of GFP foci produced by PVX-GFP, resistance against *Tobacco mosaic virus* (TMV)-GFP was associated with reduced virus movement, reflected by smaller GFP foci and lower viral accumulation relative to single-stranded RNA-treated controls. Furthermore, co-expression of PVX movement protein mutants impaired in RNA silencing suppression reversed dsRNA-induced PTI against TMV-GFP, likely by interfering with callose deposition at plasmodesmata and thereby enhancing viral spread. In the case of *Tobacco rattle virus* (TRV)-GFP, dsRNA-triggered PTI appeared to target viral replication rather than movement, as evidenced by reduced GFP fluorescence intensity in leaf patches co-infiltrated with *Agrobacterium* cultures expressing TRV-GFP. Conversely, the antiviral response against *Turnip mosaic virus* (TuMV)-GFP involved inhibition of both virus replication and cell-to-cell movement, resulting in markedly decreased virus accumulation. Additionally, preliminary data indicated that transgenic plants silenced for the jasmonic acid (JA) receptor COI1, and therefore partially compromised in JA signaling, failed to mount dsRNA-induced PTI against TMV-GFP. Collectively, these findings indicate that the PTI response triggered by non-sequence-specific dsRNA may exert antiviral activity through multiple mechanisms—i.e., by affecting pathogen replication and/or cell-to-cell movement—while also suggesting that JA signaling contributes to dsRNA-mediated antiviral immunity.

Financiado por The research was funded by grants PID2022-137691OB-I00 from the Spanish Ministry of Science and Innovation (MCIN/AEI/10.13039/501100011033), and by “ERDF A way of making Europe”.

O.35: Niemann-Pick C1 protein: a hub for plant viral infections

Irene Villar, Weina Hou, Ana Montserrat Martín-Hernández

Centre de Recerca en Agrigenòmica, Barcelona

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: NPC1; virus infection; virus movement; CRISPR

Resumen: Plant viruses are obligate parasites that exploit host cellular mechanisms to complete their infection cycle. Among these, host proteins play a particularly critical role. Identifying proteins targeted by viruses and understanding their contribution to infection are crucial steps toward developing effective antiviral strategies. In our laboratory, we identified a specific domain of a Niemann-Pick C1 protein (NPC1) in melon as an interactor of the *Cucumber mosaic virus* (CMV) movement protein (MP). NPC1 is a transmembrane sterol transporter protein that in mammals, is involved in cholesterol transport and is also associated with the infection of viruses such as SARS-CoV-2, Ebola, and Zika. However, its function in plants remains largely uncharacterized and has never been related to plant virus infections. Using Virus-Induced Gene Silencing (VIGS) we have determined that *CmNPC1* contributes to the movement of viruses of several families. Moreover, NPC1 plays the same role in tomato and in *Arabidopsis*, indicating that it is a central hub for viral infections, exploited by viruses of different families and across multiple plant families. Our results also suggest that NPC1 affects virus movement by regulating callose deposition at plasmodesmata. Given its role in viral infection, NPC1 represents an attractive target for genome editing aimed at generating virus-resistant plants. Melon encodes two NPC1 genes, both involved in viral infection. We are currently editing *CmNPC1* from chromosome 11, which has a major role in viral infection. For that, we have developed a new CRISPR vector optimized for cucurbits, incorporating melon promoters to drive sgRNA expression.

Financiado por Ministerio de Ciencia e Innovación, grant PID2022-139376OB-C33.

O.36: Decoding viral translation: The multifunctional roles of *Tobamovirus fructirugosum* UTRs

J. Daniel Guillén-Martínez, Miguel A. Aranda, Verónica Truniger

Centro de Edafología y Biología Aplicada del Segura (CEBAS). Espinardo.

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: ToBRFV; UTRs; translation; cap-independent; RNA stability.

Resumen: Viral mRNAs have evolved numerous mechanisms to recruit the host protein translational machinery, allowing them to compete with host mRNAs for translation and avoid defense mechanisms that act at the level of translation. Thus, while most plant-encoded mRNAs contain a m7GTP (5'-cap) at their 5'-end and a poly(A)-tail at their 3'-end that act synergistically to stimulate translation, ~80% of known positive-strand RNA plant viruses lack one or both of these features in their genomic and subgenomic RNAs. This is also the case for the tobamovirus genomes that contain a 5'-cap but no 3'-poly(A)-tail. We have studied the role of the 5'- and 3'-untranslated regions (UTRs) of tomato brown rugose fruit virus (ToBRFV) (*Tobamovirus fructirugosum*, family *Virgaviridae*) genome on protein translation. Our results show that, while the 5'-UTR is important for efficient cap-independent translation, both UTRs are important for efficient cap-dependent translation. The 3'-UTR contains two structural RNA elements, a region including three pseudoknots (PK) followed by a tRNA-like structure. Both RNA structures are involved in efficient cap-dependent translation, the tRNA-like structure by increasing RNA stability. A detailed deletion analysis of the three PKs in cap-dependent translation indicates that PK3 is the most important one, followed by PK2, while deletion of PK1 does not affect translation. In relation to the role of the ToBRFV 5'-UTR on translation, we have found that this RNA element allows cap-independent translation to increase 3-fold under heat stress, suggesting that under stress (viral infection) the 5'-UTR may play an important role in viral protein synthesis. This result is in line with our finding that uncapped ToBRFV genomic RNA is able to replicate in protoplasts, although with lower efficiency than capped ToBRFV genomic RNA. We have also studied the effect of partial deletions of the 5'-UTR on cap-dependent or -independent translation (with and without stress). The results will be presented.

Financiado por By grants PID2021-125010OB-100 and PRE2022-102506 (Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades).

Sesión Simultánea 3A: Detección, Diagnóstico y Epidemiología de *Xylella fastidiosa*

O.37: Detección de síntomas inducidos por la enfermedad de Pierce en vid mediante imágenes aéreas hiperespectrales y térmicas de alta resolución

Rocío Calderón Madrid[1,2], Juan Antonio Navas-Cortés[2], Miguel Román-Écija[2], Guillermo León-Ropero[2], José Luis Trapero-Casas[2], Diego Olmo García[3], Blanca B. Landa[2], Pablo J. Zarco-Tejada[2]

[1] *Instituto de Agricultura Sostenible (IAS-CSIC)*

[2] *Instituto de Agricultura Sostenible, Consejo Superior de Investigaciones Científicas (IAS-CSIC), 14004 Córdoba, España.*

[3] *Institut de Recerca i Formació Agroalimentària i Pesquera de les Illes Baleares (IRFAP), Govern Balear, 07009 Palma de Mallorca, España.*

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: *Xylella fastidiosa*; enfermedad de Pierce; vid; teledetección; hiperespectral; térmico

Resumen: La enfermedad de Pierce de la vid (PD), causada por *Xylella fastidiosa* (*Xf*), representa una de las amenazas más graves para la viticultura mundial. Su detección en Mallorca en 2017 evidenció el riesgo que supone para la viticultura europea. La detección temprana de las infecciones causadas por *Xf* es esencial para la prevención y gestión eficaz de PD. La teledetección ha demostrado un gran potencial para la identificación precoz de síntomas inducidos por *Xf* mediante rasgos espectrales característicos asociados a la infección por *Xf* en olivo y almendro. Este estudio tiene como objetivo identificar rasgos espectrales análogos en vides infectadas por *Xf*, contribuyendo al desarrollo de un marco generalizado de detección basado en teledetección y facilitando la vigilancia temprana de la enfermedad a gran escala. Para ello, se investigaron diversos rasgos de la vegetación obtenidos mediante teledetección, incluyendo el contenido de pigmentos fotosintéticos, la estructura de cubierta, la fluorescencia clorofílica inducida por el sol (SIF), el índice de estrés hídrico del cultivo a partir de la temperatura (CWSI) e índices hiperespectrales de banda estrecha derivados de imágenes de alta resolución, con el fin de determinar su sensibilidad a la infección por *Xf* y al daño fisiológico asociado en la vid. Se realizaron dos campañas de campo en viñedos afectados por PD en Mallorca (Islas Baleares, España) durante 2023 y 2024, abarcando 13571 y 7477 plantas, respectivamente. Se evaluó la severidad de PD mediante inspección visual de síntomas, complementada con análisis qPCR en al menos el 10 % de las plantas, incluyendo individuos asintomáticos. Paralelamente, se adquirieron imágenes térmicas e hiperespectrales aéreas de alta resolución en las regiones del visible e infrarrojo cercano (400–850 nm) y del infrarrojo de onda corta (950–1700 nm). Se aplicó un enfoque de aprendizaje automático (AA) en múltiples etapas para detectar y discriminar los cambios espectrales inducidos por *Xf*, identificando aquellos rasgos específicos a PD. Los resultados indicaron que el índice NPQI, el indicador de xantofilas PRIn, SIF y el CWSI se encuentran entre los indicadores más sensibles a los cambios fisiológicos inducidos por la infección de *Xf* en la vid. El modelo AA que integra estos rasgos alcanzó una precisión global superior al 70 %. En este trabajo, se discuten los indicadores espectrales más sensibles para la detección de *Xf* en vid, destacando sus diferencias con los descritos en olivo y almendro, y su potencial para la vigilancia operativa a gran escala en regiones con riesgo de infección por *Xf*.

Financiado por Proyecto BeXyl (Grant ID 101060593, EU-Horizon Europe), PTI-SolXyl-CSIC, Programa Momentum del CSIC e iniciativa Generación D de Red.es (fondos Next Generation de la Unión Europea).

O.38: Caracterización genómica del brote de *Xylella fastidiosa* subsp. *fastidiosa* en Extremadura

Ester Marco-Noales, Félix Morán Villamizar, Silvia Barbé Martínez, Carlos Sellés-Ribera, Miriam Simó-Esquivel, Adela Monterde

Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias (IVIA). Moncada (Valencia)

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: *Xylella fastidiosa*; brote de Extremadura; epidemiología genómica; fagotipado; MLST; plásmidos

Resumen: *Xylella fastidiosa* es una bacteria de cuarentena que representa una grave amenaza para la agricultura europea. En 2024 se detectó un nuevo brote de *X. fastidiosa* subsp. *fastidiosa* (Xff) en España, concretamente en Extremadura, próximo a la frontera con Portugal. Con el objetivo de esclarecer el origen y el contexto epidemiológico de este brote, se llevó a cabo una caracterización molecular, genómica y fenotípica de cepas de Xff aisladas en la zona afectada. Se prospectaron tanto muestras de material vegetal como potenciales insectos vectores. La detección molecular mediante PCR en tiempo real confirmó la presencia de Xff en diversas especies arbustivas mediterráneas (*Lavandula*, *Cistus*, *Cytisus*, *Calicotome*, *Spartium* y *Pterospartum*), así como en *Vitis vinifera*. Además, la bacteria fue detectada en un ejemplar de *Philaenus spumarius*, principal vector de Xf en Europa. El análisis mediante MLST mostró que todas las muestras positivas correspondían al tipo genético ST1. La secuenciación genómica de seis aislados permitió reconstruir genomas de aproximadamente 2,53 Mb. Los análisis comparativos evidenciaron una estrecha relación genómica y filogenética con cepas de Xff ST1 aisladas en Portugal e Italia, así como con la cepa norteamericana Stag´s Leap, lo que sugiere un origen común. Asimismo, se observó un *core genome* altamente conservado y repertorios de profagos muy similares entre las distintas cepas analizadas. Todos los aislados de Extremadura presentaron, además, integración cromosómica del plásmido pXFSL21, al igual que las cepas Xff-ST1 de Portugal e Italia, siendo el primer registro de integración de este plásmido en esta subespecie. La tipificación mediante bacteriófagos reveló un perfil lítico distintivo en los aislados de Extremadura, diferenciándolos de cepas previamente caracterizadas de Mallorca y de la cepa americana Temecula 1. Los ensayos de patogenicidad confirmaron la colonización sistémica y el desarrollo de síntomas en *V. vinifera*, cumpliéndose así los postulados de Koch. En conjunto, estos resultados constituyen la primera caracterización genómica del brote de Xff en Extremadura. Además, ponen de manifiesto el potencial de la integración de la epidemiología genómica y la tipificación por bacteriófagos como herramienta para rastrear el origen de los brotes y optimizar las estrategias de vigilancia y control de esta importante bacteria fitopatógena.

Financiado por BEXYL (Beyond *Xylella*, Integrated Management Strategies for Mitigating *Xylella fastidiosa* Impact in Europe; grant number 101060593), financiado por el programa de la Unión Europea Horizon Europe research programme; y el Proyecto PID2021-124145OR-C21 financiado por MICIU/AEI /10.13039/501100011033 and FEDER, UE.

O.39: Filogeografía y origen de las introducciones de *Xylella fastidiosa* subsp. *pauca* (ST80 y ST53) en las Islas Baleares

Eduardo Moralejo[1,2], Antonio Jesús Magaña Guzmán[1], Andreu Juan[3], Alicia Nieto López[4], Ana Pedrosa Gálvez[4], Diego Olmo García[5], Blanca B. Landa[5]

[1] *Tragsa, Empresa de Transformación Agraria, Delegación de Baleares, 07005 Palma de Mallorca, Spain*

[2] *Institute for Cross-Disciplinary Physics and Complex Systems, (IFISC-UIB-CSIC), Campus UIB, 07122, Palma de Mallorca, Spain*

[3] *Servicio de Agricultura, Conselleria d' Agricultura, Pesca i Medi Natural, 07004 Palma de Mallorca, Spain*

[4] *Institut de Recerca i Formació Agroalimentària i Pesquera de les Illes Baleares (IRFAP), Govern Balear, 07009 Palma de Mallorca, Spain*

[5] *Instituto de Agricultura Sostenible, Consejo Superior de Investigaciones Científicas (IAS-CSIC), 14004 Córdoba, Spain*

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: patógenos invasivos; filogénesis; recombinación genética; olivos; bioseguridad

Resumen: Las Islas Baleares constituyen uno de los principales focos de diversidad genética de *Xylella fastidiosa* en Europa. El objetivo de este trabajo es analizar los posibles orígenes, temporalidad y rutas de dispersión de los dos linajes de la subespecie *pauca* presentes en el archipiélago: el ST80 y el ST53. Para ello, se revisaron los datos de epidemiología del paisaje, tipificación secuencial multilocular (MLST) y secuenciación genómica comparativa de aislados obtenidos en zonas de demarcación (Ibiza y Mallorca), contrastándolos con bases de datos globales. Los resultados demuestran que la presencia de la subespecie *pauca* en las islas responde a dos eventos de introducción completamente independientes, asincrónicos y genéticamente dispares. El linaje ST80, exclusivo de Ibiza, presenta una estrecha relación filogenética con cepas originarias del continente americano. Los modelos evolutivos sugieren que esta introducción es de carácter críptico y antiguo, estimándose tan o más longeva que la del propio ST53 en Apulia (Italia), y presumiblemente vinculada a la importación histórica de plantas hospedantes asintomáticas desde regiones americanas. Por el contrario, el linaje ST53, detectado recientemente en Mallorca, responde a una introducción relativamente reciente (estimada en menos de 10 años). Aunque este genotipo es casi idéntico al que causa el colapso del olivar en el sur de Italia, la hipótesis de introducción en Mallorca no se asocia necesariamente a la importación de olivos, sino que podría estar relacionada con la circulación y comercio de otras plantas huéspedes asintomáticas ya infectadas con ST53 dentro del territorio europeo. En conclusión, estos hallazgos evidencian escenarios de invasión radicalmente opuestos: un foco histórico y aislado en Ibiza frente a una incursión reciente y comercial en Mallorca. La coexistencia de estos linajes con otras subespecies ya establecidas en el archipiélago eleva el riesgo de recombinación genética natural, lo que obliga a extremar la vigilancia epidemiológica y replantear las medidas de bioseguridad en el comercio de material vegetal intracomunitario.

Financiado por BeXyl (Grant ID 101060593, EU-Horizon Europe) y M.A.P.A: IVIA Laboratorio Nacional de Referencia de Bacterias Fitopatógenas y Encomienda de Gestión al IAS-CSIC para la determinación de la subespecie y el ST de *Xylella fastidiosa*.

O.40: Efecto de escenarios simulados de cambio climático sobre la infección por *Xylella fastidiosa* y el desarrollo de la enfermedad de Pierce en vid

Miguel Román-Écija, José Luis Trapero-Casas, Guillermo León-Ropero, Fatima Zohra Benhalima, Juan Carlos Rivas-Romero, Concepción Olivares-García, Juan Antonio Navas-Cortés, Blanca B. Landa

Instituto de Agricultura Sostenible (IAS), Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC),14004 Córdoba, Spain

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: cambio climático; estrés hídrico; colonización bacteriana; desarrollo de la enfermedad

Resumen: La respuesta de las plantas a la infección por *Xylella fastidiosa* (*Xf*) bajo escenarios de cambio climático es clave para comprender la posible evolución futura de las enfermedades asociadas a esta bacteria y su posible expansión. Aunque diversos modelos predicen un aumento del riesgo bajo condiciones climáticas futuras, la validación experimental de estas predicciones sigue siendo limitada. En este estudio se evaluó el efecto de diferentes escenarios climáticos sobre la infección y el desarrollo de la enfermedad en vid. Para ello, se inoculó la cepa IVIA5770 (*Xf* subsp. *fastidiosa*, ST1) en tres cultivares de vid: Sauvignon Blanc, Syrah y Chardonnay. Las plantas se cultivaron bajo dos regímenes de riego: capacidad de campo (CC) del suelo y un déficit hídrico moderado (50 % de CC). Estos tratamientos se combinaron con condiciones ambientales actuales (24°C/400 ppm CO_2) y con dos escenarios climáticos futuros (27°C/550 ppm CO_2 y 30°C/750 ppm CO_2). La evolución de los síntomas se monitorizó mediante una escala de severidad visual de enfermedad de 0 a 5. La colonización bacteriana se determinó mediante qPCR en peciolo a los 2 y 4 meses tras la inoculación (mpi) y en varias secciones de tallo al final del experimento, 6 mpi. Los primeros síntomas se observaron a los 3 mpi. El área bajo la curva de progreso de la enfermedad estandarizada (sAUDPC) mostró diferencias significativas en función de las condiciones ambientales (temperatura y CO_2), el régimen de riego y el cultivar. Los valores más altos de sAUDPC se registraron en los escenarios climáticos futuros, bajo déficit hídrico y en el cultivar Chardonnay. La bacteria se detectó con una frecuencia superior al 80 % en todos los tejidos y momentos de muestreo evaluados. En los pecíolos, tanto la frecuencia de detección como la carga bacteriana estuvieron influenciadas por el momento del muestreo. En los tallos, la sección de la planta muestreada fue el principal factor que influyó significativamente en la frecuencia de detección y carga bacteriana, con mayor cantidad de células, por encima y por debajo del punto de inoculación en comparación con zonas más alejadas del PI. Además, la bacteria se aisló en un 90% de las plantas inoculadas, confirmándose la infección sistémica. El mayor desarrollo de la enfermedad observado bajo temperatura y CO_2 elevados sugiere que las condiciones climáticas futuras podrían incrementar la severidad de las infecciones por *Xf* en vid. Estos resultados aportan evidencia experimental útil para mejorar la evaluación del riesgo a la enfermedad y la comprensión de la dinámica de la enfermedad bajo escenarios de cambio climático.

Financiado por BeXyl (Grant ID 101060593, EU-Horizon Europe), PIE202340E021, PID2024-161564OB-I00 y KODA Projects, PTI-SolXyl of CSIC y Qualifica QUAL21-023 IAS.

O.41: La diversidad genética del hospedador no impide la invasión de un patógeno generalista

Antonio Jesús Magaña Guzmán[1], Pere A. Gost[2], Bàrbara Quetglas[3], Francesc Androver[2], Ana Pedrosa Gálvez[2], Marina Montesinos[1], Alicia Nieto López[2], Andreu Juan[3], Diego Olmo García[2], Eduardo Moralejo[1,4]

[1] *Tragsa, Empresa de Transformación Agraria, Delegación de Baleares, 07005 Palma de Mallorca, Spain*

[2] *Serveis de Millora Agrària I Pesquera, Govern Balear, 07009 Palma de Mallorca, Spain*

[3] *Servicio de Agricultura, Conselleria de Medi Ambient, Agricultura I Pesca, 07006 Palma de Mallorca, Spain*

[4] *Institute for Cross-Disciplinary Physics and Complex Systems, (IFISC-UIB-CSIC), Campus UIB, 07122, Palma de Mallorca, Spain*

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: *Xylella fastidiosa*; epidemia; diversidad genética

Resumen: La diversidad genética del hospedador se ha propuesto como un mecanismo clave para amortiguar la propagación de enfermedades emergentes. Sin embargo, su eficacia en sistemas perennes y frente a patógenos generalistas sigue estando poco evaluada. En este estudio abordamos esta cuestión en el contexto de la epidemia de *Xylella fastidiosa* en Mallorca, agente causal del almond leaf scorch disease (ALSD), introducido en la isla alrededor de 1993. A pesar de la elevada diversidad intraespecífica del almendro, la enfermedad ha alcanzado niveles epidémicos severos. Entre 2017 y 2024 se monitorizaron la incidencia y severidad de ALSD en bancos de germoplasma y explotaciones comerciales, analizando más de 10.000 muestras correspondientes a 110 variedades. Los resultados muestran una alta prevalencia del patógeno y diferencias significativas de susceptibilidad entre genotipos, con una mayor frecuencia de infección en variedades tradicionales locales que en cultivares modernos. Los análisis estadísticos y la modelización epidemiológica mediante modelos SEIR revelan una marcada heterogeneidad genética en la respuesta a la infección y reproducen con precisión la dinámica de la epidemia desde su introducción. Asimismo, los análisis genómicos comparativos indican que las subespecies presentes de *X. fastidiosa* presentan rasgos compatibles con una adaptación previa como patógenos generalistas, lo que podría explicar su elevada capacidad de infección en un amplio espectro de genotipos hospedadores. En conjunto, estos resultados indican que la diversidad genética del hospedador, por sí sola, no es suficiente para frenar epidemias causadas por patógenos generalistas, especialmente cuando predominan genotipos susceptibles en el sistema. No obstante, la selección y el uso estratégico de variedades tolerantes podrían reducir significativamente la prevalencia de la enfermedad y mejorar la resiliencia del sistema agrícola a largo plazo.

Financiado por Tragsa, Empresa de Transformación Agraria, Delegación de Baleares. Servicio de Agricultura, Conselleria de Medi Ambient, Agricultura I Pesca, Palma de Mallorca.

O.42: Persistencia de *Xylella fastidiosa* en especies arbustivas y forestales mediterráneas

Miriam Simó-Esquivel[1,2], Raquel Bertí-Martínez[1,2], David Cubillo[3], Amparo Ferrer[3], Vicente Dalmau[3], Ester Marco-Noales[2]

[1] *Tragsa, Empresa de Transformación Agraria, Delegación de Valencia, España*

[2] *IVIA- Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias. Centro de Protección Vegetal y Biotecnología. Moncada, Valencia, España*

[3] *Servicio de Sanidad Vegetal, Conselleria de Agricultura, Ganadería y Pesca, Generalitat Valenciana, España*

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: *Xylella fastidiosa*; Forestales; Arbustivas; Inoculación; Epidemiología; Patogenicidad

Resumen: La persistencia de *Xylella fastidiosa* en ecosistemas mediterráneos plantea un desafío clave para los programas de erradicación, especialmente por el papel potencial de la vegetación forestal como reservorio de la bacteria. Este estudio integra ensayos experimentales de patogenicidad con estudios de campo en áreas previamente erradicadas, con el objetivo de evaluar la capacidad de distintas especies forestales para albergar *X. fastidiosa* y determinar su posible contribución como fuente de inóculo. Por un lado, se realizaron ensayos de inoculación controlada en especies forestales representativas (encina, alcornoque, fresno, madroño y sabina), evaluando la colonización y persistencia de *X. fastidiosa* mediante qPCR en diferentes tejidos y tiempos post-inoculación. Los resultados evidenciaron diferencias significativas en susceptibilidad: en fresno y madroño la capacidad de colonización y persistencia de la bacteria fue mayor que en *Quercus* spp. y sabina. Además, la bacteria se detectó preferentemente en zonas próximas al punto de inoculación, indicando una dispersión restringida en determinados hospedadores. Por otro lado, se analizaron áreas del foco de Alicante previamente sometidas a erradicación mediante muestreos periódicos de material vegetal e insectos vectores. Los análisis revelaron la persistencia de la bacteria en vegetación forestal y su detección en vectores, con una marcada variabilidad espacial y temporal. Asimismo, se observó una mayor incidencia en zonas con antecedentes de infección y durante los periodos más cálidos. La integración de ambos enfoques sugiere que, aunque determinadas especies forestales pueden actuar como reservorios de *X. fastidiosa*, en muchos casos la bacteria parece comportarse más como un comensal con capacidad limitada de multiplicación y dispersión efectiva. Este hecho, junto con la menor incidencia observada en áreas ya erradicadas, indica que la contribución de estos hospedadores silvestres como fuente activa de inóculo probablemente sea reducida. En consecuencia, los resultados apoyan la eficacia de las medidas de erradicación para disminuir de forma significativa la presión de inóculo en cultivos susceptibles, si bien ponen de manifiesto la necesidad de mantener la vigilancia sobre la vegetación forestal como componente del sistema epidemiológico.

Financiado por Los autores agradecen la colaboración del Servicio de Sanidad Vegetal de la Generalitat Valenciana y la financiación de los proyectos: TED2021-130110B-C42, financiado por el MICIU/AEI y por la Unión Europea NextGeneration EU/PRTR; e IVIA-GVA 52202D del Instituto Valenciano de Investigaciones Agrícolas (proyecto subvencionable por la Unión Europea a través del Programa FEDER 2021-2027 para la Comunidad Valenciana).

Sesión Simultánea 3B: Interacción Planta-Patógeno: Virus

O.43: The hidden life of plant viruses in the root

Pablo Romero Azcondo, Jesús Israel Pagán Muñoz, Cristina Sáez Sánchez

Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas. Pozuelo de Alarcón, Madrid

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: *Turnip mosaic virus*; *Arabidopsis thaliana*; root; virulence; seed transmission; dormancy

Resumen: The root is an essential organ for plants because it is involved in water and nutrient uptake, in tolerance to biotic and abiotic stresses and it mediates the interaction with soil microorganisms. It has been long known that plant viruses can multiply in the roots, and indeed this is the first organ to be systemically colonized during infection. However, there is very little information on the consequences for root development and the subsequent effects on the aerial part of the plant. This is relevant not only to understand the effects of virus infection for the plant fitness, but also to characterize the factor determining virus transmission. This is because, from the roots, the virus moves directly to the apical parts of the plant, and therefore to the reproductive structures, which is central for virus invasion of the seeds, that is, for vertical transmission. Remarkably, the link between the effect of virus infection in the root and seed transmission rates remains unexplored. To address these questions, we used *Turnip mosaic virus* (TuMV) and its natural host *Arabidopsis thaliana* (*A. thaliana*) as model interaction. We quantified the multiplication level of a TuMV isolate (JPN1-TuMV) in root tissues and aerial parts (rosette and inflorescence) of plants from 18 ecotypes. In parallel, we determined the effect of infection on these plant structures through weight reductions, as well as virulence (i.e., effects on seed production). We used seeds from infected plants to quantify vertical transmission rate as the percentage of TuMV-positive seedlings. Non-germinating seeds were tested for viability to account for potential effects of virus infection on seed survival/dormancy. Results show that TuMV multiplies in the root of all plant genotypes, generally at higher levels than in the aerial parts of the plant. Interestingly, we found a logarithmic correlation between virus multiplication on below- and above-ground plant organs, which has important implications in determining virulence. Moreover, TuMV titre in the roots was associated with virus seed transmission rate. In most genotypes, a fraction of the seeds did not germinate. Viability tests indicated that lethal effects of virus infection did not always explain non-germinated seeds, and that in some plant genotypes TuMV enhanced seed dormancy. Overall, we provide novel information on the factors affecting the outcome of plant-virus interactions, highlighting the main role of below-ground structures in determining both the consequences of infection for plant growth/reproduction and virus fitness.

Financiado por This work has been supported by the Madrid Government (Comunidad de Madrid-Spain) under the Multiannual Agreement 2023-2026 with Universidad Politécnica de Madrid in the Line A, Emerging PhD researchers (DOCTORES-EMERGENTES-24-GJ53KX-43-978ZFE).

O.44: Efficient and tunable VIGS using very short inserts in AMV- and CMV-based vectors

Ana Vaz, Carlos Varón, David Villar Álvarez, Vicente Pallás Benet, Jesús Ángel Sánchez Navarro

Instituto de Biología Molecular y Celular de Plantas, Universitat Politècnica de València–Consejo Superior de Investigaciones Científicas, Valencia

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: Fine-tunable VIGS; AMV; CMV; PDS; secondary structure.

Resumen: Virus-induced gene silencing (VIGS) is a widely used reverse-genetics tool in plant biology for functional gene analysis, particularly in species where stable genetic transformation remains challenging. Recent advances in viral genome engineering have enabled the development of more precise and versatile VIGS systems capable of modulating the degree of induced gene silencing. In this work, we developed a VIGS system based on alfalfa mosaic virus (AMV) and cucumber mosaic virus (CMV), in which host gene fragments are inserted directly into the coding region of the 30K family movement protein. The main objective was to define the functional limits of this system and determine how the size, organization, and structural context of the inserted fragments influence silencing efficiency. Using the phytoene desaturase (*PDS*) gene from *Nicotiana benthamiana* as a reporter, we evaluated inserts differing in length, organization, and predicted secondary structure. Fragments as shorter as 19–21 nucleotides were sufficient to induce silencing levels ranging from 4% to 57%, whereas fragments between 42 and 45 nucleotides resulted in silencing efficiencies of 80–95%. However, the appearance of a visible photobleaching phenotype requires larger unstructured inserts. In both the AMV- and CMV-based systems, the threshold for visible photobleaching was observed with inserts of 42 nucleotides. Furthermore, discontinuous fragments were also shown to induce significant silencing, although with lower efficiency than continuous sequences of equivalent length. In addition, the formation of secondary structures involving only part of the inserted sequence significantly increased silencing efficiency compared with equivalent sequences unable to form such structures. Silencing levels achieved with 24-nucleotide inserts involved in these secondary structures were comparable to those achieved with much larger unstructured inserts. These structured inserts were sufficient to trigger a visible photobleaching phenotype, highlighting the critical role of RNA secondary structure in enhancing VIGS efficiency. Overall, this work demonstrates that engineering viral movement proteins provides a tunable VIGS platform capable of generating a wide spectrum of silencing outcomes, from partial gene suppression to strong transcript reduction, while using inserts considerably smaller than those typically employed in VIGS systems. This approach expands the possibilities for functional gene analysis in plants, particularly for genes whose complete suppression is lethal or highly pleiotropic, while also promoting fine-tunable silencing and minimizing off-target effects.

Financiado por This project has received funding from grants PROMETEO/CIPROM/2022/031 from the Generalitat Valenciana.

O.45: Functional analysis of the demethylase (AlkbB) domains conserved in the viral replicase of members of the *Betaflexiviridae* family affecting woody hosts

Lorenzo Contreras Lucas, David Villar Álvarez, Jesús Ángel Sánchez Navarro, Vicente Pallás Benet, Jose Antonio Navarro Bohigues

Instituto de Biología Molecular y Celular de Plantas, IBMCP, (CSIC-UPV), Universitat Politècnica de València, Camino de Vera, s/n 46022 Valencia

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: ALKBH9B; RNA demethylase; GVA; GVB; ACLSV; m6A; RNA modification.

Resumen: Reversible methylation of the 6-nitrogen (N6) of adenosine (m6A) in RNA is carried out intrinsically through the concerted action of certain methyltransferases and demethylases, and its effect depends on other proteins that recognise the modified RNA. This epigenetic modification plays a fundamental role in regulating various aspects of RNA metabolism in animals, plants and yeasts, encompassing processes such as folding, maturation, export, translation and degradation. In viruses that infect both mammals and plants, m6A modification of the viral genome may also have implications for virulence, and the specific outcome (proviral or antiviral) depends on the nature of the virus and the host origin. It has been demonstrated that in the case of the alfalfa mosaic virus genome (AMV), high levels of m6A reduce infection. The virus counteracts this inhibitory effect of methylation by interacting, through its coat protein (CP), with a cytosolic m6A demethylase, AtALKBH9B in *Arabidopsis*, thereby reducing m6A levels in its genome and increasing infection. Proteins similar to *Escherichia coli* alkylating protein B (AlkB) that exhibit RNA demethylase activity belong to the family of 2-oxoglutarate (2-OG)- and Fe(II)-dependent oxygenases. These proteins play a crucial role in protecting RNA and DNA from damage caused by methyling agents. Interestingly, conserved AlkB domains, including the iron-binding (HXDXnH) and 2-OG (RXXXXXR) motifs, have been identified in the replicases of certain single-stranded RNA viruses that infect plants. Although the specific function of these AlkB domains in the infection cycle of these viruses remains unclear, their conservation suggests their potential importance in the establishment of virus-host interactions. In this this work, the functionality of the conserved AlkB domains in the replicases of grapevine viruses A and B (GVA and GVB) and apple chlorotic leaf spot virus (ACSLV) during infection has been investigated. Specifically, we conducted a mutational study of viral AlkB domains using plants of *Nicotiana* sp., obtaining a collection of five mutants (M1, M2, M3, M4 and RM) for each of the viruses by mutating the iron-binding domain in the case of M1 and M2, the 2-OG-binding domain in the case of M3, and both in the case of M4. Following the analysis, it was found that the most affected mutant was M4 in the case of ACLSV, and in the case of GVA, but only when the ALKBH9B demethylases in *Nicotiana benthamiana* were silenced, indicating a greater significance of the 2-OG binding motif in the ALKB domain. We reasoned that the lower accumulation of M4 would be due to increased methylation of its genomeand/or a host gene, caused by the mutation in the ALKB domain. To confirm this, using ACLSV, we performed immunoprecipitation assays with anti-m6A antibodies and RNA-Seq/Met-Seq analyses. Identifying genes with altered methylation status, including those of viral origin, could help develop new viral control strategies.

Financiado por Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades (Grant ID PID2023-149245NB-I00).

O.46: Comparative transcriptomic responses of sweet potato to SPFMV infection and whitefly-mediated SPCSV superinfection

Clara Ontañón Rojas, Ignasi Andreu, Juan José López-Moya Gómez

Centro de Investigación en Agrigenómica (CRAG)

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: Mixed viral infection; sweet potato viral disease; potyvirus; crinivirus; superinfection; virome; weighted gene co-expression network analysis (WGCNA)

Resumen: Viral diseases pose a major constraint on agricultural productivity worldwide. Sweet potato (*Ipomoea batatas*), a major staple crop globally, is affected by numerous pathogens, particularly viruses that are efficiently transmitted by insect vectors. This situation is particularly aggravated by its vegetative propagation, which favour the accumulation of multiple viruses. One of the most prevalent viruses in sweet potato is the aphid-transmitted Sweet potato feathery mottle virus (SPFMV, genus *Potyvirus*, family *Potyviridae*), which is often undetectable and asymptomatic in single infections, but generates a significant risk after superinfection by unrelated viruses, in particular with Sweet potato chlorotic stunt virus (SPCSV, genus *Crinivirus*, family *Closteroviridae*), causing the devasting sweet potato virus disease (SPVD). This synergistic interaction leads to very high yield losses and is characterized by an increase in potyvirus accumulation, a phenomenon quite infrequent in other mixed infections (1). This study addresses the complexity of the sweet potato virome, characterized by the coexistence of viruses from multiple families, predominantly *Potyviridae* and *Geminiviridae*, with particular emphasis on the mixed infections associated with SPVD. First, the highly complex viromes of selected sweet potato samples were revealed after sequencing RNA-seq libraries and application of the Genome Detective tool. As expected, SPFMV was found despite the absence of visible symptoms, highlighting the major challenges for reliable diagnosis and disease management, as well as the threat to develop SPVD. We performed experimental superinfection of several SPFMV-infected plants with SPCSV, following whitefly transmission, and confirmed the expected strong synergistic interaction when they reproduced the severe symptomatology characteristic of SPVD, associated with an increase of SPFMV accumulation. Transcriptomic profiling of superinfected plants compared with the samples infected only by SPFMV revealed substantial alterations in gene expression, comprising both a general response to viral infection and virus-specific modulation of host pathways. Weighted gene co-expression network analysis (WGCNA) identified gene modules associated with the superinfection by SPCSV, enabling the characterization of metabolic pathways involved in disease development. Overall, our findings provide new insights about the host-virus interactions underlying SPVD and may contribute to the identification of gene sets associated with susceptibility or resistance mechanisms, offering new information for future virus control strategies in sweet potato crops.

- Moreno AB, & López-Moya JJ (2020) When viruses play team sports: Mixed infections in plants.*Phytopathology* 110, 29–48. DOI:10.1094/phyto-07-19-0250-fi

Financiado por Funding by projects VIRTIGATION (European Union's Horizon 2020 programme,grant agreement No 101000570), and PID2022-139376OB-C33, and fellowship PRE2020-094228 (MICIU/AEI/10.13039/501100011033 and by "ERDF/EU").

O.47: Identification of candidate genes to control seed transmission of plant viruses in melon

Cristina Sáez Sánchez[1], Lucía García Ordóñez[1], María Vázquez Sández[1], Elena Birlanga Navarro[1], Gorka Perpiñá Martín[2], María Belén Picó Sirvent[2], Jesús Israel Pagán Muñoz[1]

[1] *Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas. Pozuelo de Alarcón. Madrid*

[2] *Instituto Universitario de Conservación y Mejora de la Agrodiversidad Valenciana. Valencia.*

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: *Cucumber mosaic virus*; *Cucumis melo*; seed transmission; resistance; gene expression.

Resumen: Plant viruses are the main causal agents of emerging diseases in wild and cultivated plants, threatening ecosystem biodiversity and crop production. The major contributing factor to virus emergence is their great capacity to be transmitted both horizontally from one plant to another regardless of descent, mainly by insect vectors, or vertically from-parents-to-offspring through the seeds. Indeed, plant viruses can generate devastating epidemics even when they are seed transmitted at very low rates. Current strategies to prevent epidemics caused by seed transmitted viruses mostly involve seed health tests, and preventive methods such as those based on plant genetic resistance are not yet available. This is because the host genetic determinants of virus seed transmission are largely unknown. We previously identified two genes in the model plant *Arabidopsis thaliana* that modulate virus seed transmission and confer resistance when highly expressed. However, whether these resistance mechanisms to vertical transmission can be extrapolated to cultivated species has not yet been tested. This work aims to evaluate if homologs of the genes controlling seed transmission identified in *A. thaliana* have the same function in an economically important crop. To achieve this objective, we used the isolate Fny of *Cucumber mosaic virus* (CMV) and the melon crop (*Cucumis melo*) as experimental system. Sixteen *C. melo* accessions susceptible to CMV plus two resistant ones, representing both subspecies *melo* and *agrestis*, were selected. Viral multiplication, CMV seed transmission rates and gene expression of the homologous genes previously characterized in *A. thaliana* were quantified. Virus presence was detected in plants of all susceptible accessions, with lower RNA accumulation levels in accessions of subsp. *melo* than in those of subsp. *agrestis*. In parallel, we found higher rates of CMV seed transmission in accessions of subsp. *agrestis*, which coincided with lower expression levels of the two studied genes. To our knowledge, this is the first work characterizing host genes associated with seed transmission of a virus in a plant species of agronomic interest and provides new insights to develop efficient methods to prevent virus infection of seeds.

Financiado por This work was supported by Agencia Estatal de Investigación from Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades, Spain (Plan Estatal I+D+i grant number: PID2022-141836OB-I00 to IP), by the Madrid Government (Comunidad de Madrid-Spain) under the Multiannual Agreement 2023-2026 with Universidad Politécnica de Madrid in the Line A, Emerging PhD researchers (DOCTORES-EMERGENTES-24-GJ53KX-43-978ZFE), and by Conselleria de Educación, Cultura y Universidades, Generalitat Valenciana, Prometeo Project for excellence groups CIPROM/2024/53.

O.48: Caracterización del papel de los correceptores inmunitarios LRRII-RLK durante la infección por geminivirus

Marta Alcalá Rey[1], Alberto Torres[1], Nicholas Holton[2], Cyril Zipfel[2,3], Araceli G. Castillo[1]

[1] *IHSM La Mayora. Málaga. Spain*

[2] *The Sainsbury Laboratory, University of East Anglia. Norwich, UK*

[3] *Institute of Plant and Microbial Biology and Zürich-Basel Plant Science Center, University of Zürich, Zürich, Switzerland*

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: Geminivirus; PTI; respuesta inmune; LRRII-RLK

Resumen: Los geminivirus representan algunos de los patógenos vegetales más devastadores a nivel mundial, constituyendo una grave amenaza para la producción agrícola y ocasionando importantes pérdidas económicas. Por ello, resulta fundamental esclarecer los mecanismos moleculares que subyacen a la interacción entre el virus y las defensas de la planta. Tradicionalmente, la interferencia por ARN (RNAi) es considerado el principal mecanismo de defensa antiviral; sin embargo, diversos estudios han puesto de manifiesto la existencia de una estrecha interacción entre los geminivirus y el sistema inmunitario innato de las plantas. La inmunidad innata vegetal comprende dos niveles de defensa: la inmunidad desencadenada por patrones (PTI, *Pattern-Triggered Immunity*) y la inmunidad desencadenada por efectores (ETI, *Effector-Triggered Immunity*). En particular, la PTI se basa en el reconocimiento de moléculas elicitoras por receptores localizados en la superficie celular, denominados quinasas similares a receptores (*Receptor-Like Kinases*, RLKs) o proteínas similares a receptores (*Receptor-Like Proteins*, RLPs), seguido de la activación de una cascada de señalización. Tras el reconocimiento del estímulo, las RLKs o RLPs forman heterodímeros con un tipo específico de proteínas RLK que actúan como correceptores. Esta asociación desencadena la fosforilación de los dominios quinasa y permite la transducción de la señal al interior celular, activando finalmente respuestas destinadas a limitar la propagación del patógeno, como la deposición de calosa, la activación de cascadas de proteínas quinasas activadas por mitógenos (MAPKs) o la producción de especies reactivas de oxígeno (ROS). Con base en estas evidencias, planteamos la hipótesis de que las proteínas RLK, particularmente aquellas pertenecientes a la familia de correceptores LRRII, podrían estar implicadas en la percepción y respuesta frente a los geminivirus. Para poner a prueba esta hipótesis, empleamos una estrategia experimental dual que combinó ensayos de infección en líneas mutantes de *Arabidopsis thaliana* para genes LRRII con el silenciamiento génico inducido por virus (VIGS, *Virus-Induced Gene Silencing*) de genes LRRII en *Nicotiana benthamiana*. Mutantes individuales de *A. thaliana* pertenecientes a las subfamilias SERK, NIK, CIK y TIRK fueron inoculados con distintos geminivirus, y tanto los síntomas de la enfermedad como la acumulación viral fueron monitorizados a lo largo de la infección. Paralelamente, se empleó VIGS en *N. benthamiana* para silenciar simultáneamente varios miembros de una misma subfamilia LRRII y evaluar su contribución a la infección por geminivirus. En conjunto, este flujo de trabajo proporciona un marco experimental sólido y adaptable para investigar las interacciones entre la PTI y los geminivirus, permitiendo la identificación sistemática de componentes candidatos y sirviendo de base para futuros estudios funcionales.

Financiado por Ministerio de Economía y Competitividad de España (proyecto PID2022-139376OB-C31, A.G.C.), por el Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades de España (contrato predoctoral FPI n.º PREP2022-000504, M.A.R.) y cofinanciado por la Universidad de Málaga y el Fondo Europeo de Desarrollo Regional (FEDER) (proyecto PPRO-BIO264-G-2023, concedido a A.G.C.).

Sesión Simultánea 3C: Epidemiología de enfermedades causadas hongos

O.49: Vogel's Minimal Medium as a standardised method for inducing sporulation in *Diplodia*, *Lasiodiplodia* and *Neofusicoccum*

David Hernández Hernández[1], Felipe Siverio de la Rosa[1,2], Christiaan Grobler[2], Bernard Slippers[2]

[1] *Unidad de Protección Vegetal, Instituto Canario de Investigaciones Agrarias, 38270 Valle de Guerra, San Cristóbal de La Laguna, Canary Islands, Spain*

[2] *Department of Biochemistry, Genetics and Microbiology, Forestry and Agricultural Biotechnology Institute (FABI), University of Pretoria, Pretoria 0028, South Africa*

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: Botryosphaeriaceae; conidia; *Diplodia*; *Lasiodiplodia*; *Neofusicoccum*; pycnidia; sporulation; Vogel's Minimal Medium

Resumen: Species in the Botryosphaeriaceae family are major fungal pathogens and latent colonisers of woody plants, causing cankers, dieback and decline in numerous economically and ecologically important hosts. Many species of these family sporulate poorly or unpredictably on conventional culture media, and this limitation represents a bottleneck. However, reliable sporulation is essential for morphological and taxonomic characterisation, as well as for experimental work including pathogenicity assays, epidemiological experiments, host–pathogen interaction analyses and research on control strategies. Plant-based substrates such as pine needles or twigs are often used to induce sporulation, but they may introduce variability associated with host material, origin and physiological condition. The aim of this study was to evaluate Vogel's Minimal Medium (VMM) as a defined and reproducible platform for inducing pycnidial development and conidial release in three major genera of Botryosphaeriaceae: *Diplodia*, *Lasiodiplodia* and *Neofusicoccum*. The protocol was tested on 190 isolates, including 123 isolates recently collected in the Canary Islands from diverse woody hosts and 67 *Neofusicoccum* isolates maintained in long-term storage. Isolates were identified through multilocus phylogenetic analyses and incubated on VMM at 25 °C under continuous white light. Pycnidial formation, conidial release, time to harvest and conidial concentration were recorded. Reduced sucrose concentrations were also evaluated in selected isolates to determine whether this component affected sporulation dynamics and yield. Among the 123 recently collected isolates, VMM induced pycnidia in 113 isolates (91.9%) and conidial release in 91 isolates (74.0%). Pycnidia formed after 3–14 days, first conidial release occurred after 6–25 days, and conidia were harvested after 14–35 days, depending on the species. Conidial concentrations ranged from 1.25×10^5 to 1.5×10^7 conidia mL^{-1} in species with quantifiable yields. The three *Diplodia* species tested formed pycnidia, although conidial release was consistent mainly in *D. seriata*. Both *Lasiodiplodia* species, *L. brasiliensis* and *L. theobromae*, produced pycnidia and released high conidial concentrations. In *Neofusicoccum*, pycnidia were produced by 20 of the 26 species tested, and conidial release was observed in 15 species. Reduced sucrose concentration generally delayed development and lowered yields in *Neofusicoccum*, but increased sporulation in *D. africana*, *D. seriata*, *L. brasiliensis* and *L. theobromae*. Some *Neofusicoccum* isolates maintained in long-term storage showed reduced sporulation capacity. Overall, VMM provides a broadly applicable, technically simple and reproducible method for inducing sporulation in Botryosphaeriaceae, reducing dependence on variable plant-based substrates and supporting future studies of pathogenicity, epidemiology, host–pathogen interactions and fungal biology.

Financiado por This work was funded by the Tree Protection Cooperative Programme at the University of Pretoria; CAIA Project 2017-0001 "Optimisation of avocado production systems" of the Ministry of Agriculture, Livestock, and Fisheries of the Government of the Canary Islands, Spain; and a predoctoral grant (PRE2020-095122) from the Agencia Estatal de Investigación (AEI), awarded to David Hernández-Hernández for the period 2021–2025. Additional funding was provided by the European Union's Horizon 2020 research and innovation programme (RISE) under the Marie Skłodowska-Curie grant agreement No. 101008129 (project acronym "Mycobiomics").

O.50: Abundancia estacional de esporas de Botryosphaeriaceae en fincas de almendro del Valle del Guadalquivir

Laura Romero Cuadrado, Ana Aguado Puig, David Ruano Rosa, Nieves Capote Maínez

IFAPA Las Torres, Alcalá del Río

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: qPCR; epidemiología; enfermedades fúngicas de la madera; muestras ambientales; análisis de riesgo

Resumen: El decaimiento por *Botryosphaeria* constituye una de las principales limitaciones fitosanitarias del almendro, especialmente en plantaciones jóvenes. Se caracteriza por la aparición de chancros en el tronco, gomosis, necrosis interna y, en casos severos, debilitamiento y muerte del árbol. La dispersión del patógeno ocurre principalmente a través de esporas transportadas por aire y agua. Este estudio analiza la dinámica epidemiológica de las esporas de Botryosphaeriaceae en dos fincas del valle del Guadalquivir (provincias de Sevilla y Córdoba) mediante su cuantificación por qPCR en agua de lluvia y aire a lo largo de un año y su correlación con parámetros ambientales (precipitación, humedad relativa y temperatura media mensuales). Se detectó presencia continua de esporas en ambos medios. La carga de esporas en agua de lluvia se relacionó positivamente con la precipitación y la humedad relativa, evidenciando un sistema dependiente de eventos de lluvia. En cambio, la carga aérea se asoció con la temperatura y aumentó durante la cosecha, lo que sugiere un papel relevante de la perturbación mecánica. Estos resultados proporcionan una herramienta tecnológica rápida y fiable para mejorar la predicción del riesgo de infección, así como para evaluar la eficacia de tratamientos de control, contribuyendo al diseño de estrategias de manejo más eficaces basadas en la prevención.

Financiado por Este trabajo ha sido financiado por los proyectos PP.AVA23.INV2023.007 cofinanciado al 85% por el Fondo Europeo de Desarrollo Regional dentro del Programa Operativo FEDER de Andalucía 2021-2027; y PID2024-159115OR-I00 financiado por MICIU/AEI /10.13039/501100011033 y FEDER, UE.

O.51: Inoculum dynamics of *Phyllosticta citricarpa* causing citrus black spot under Mediterranean conditions in Tunisia

Sabrine Mannai[1], Naima Boughalleb-M'Hamdi[1], Polona Kogovšek[2], Maja Ferle[2], Josep Blasco-García[3,4], Elena Lázaro Hervás[4], Antonio Vicent Civera[3], Martina Cendoya[3]

[1] *Institut Supérieur Agronomique de Chott-Mariem, LR05AGR21, University of Sousse, Department of Biological Sciences and Plant Protection, Sousse, 4042, Tunisia*

[2] *Department of Biotechnology and Systems Biology, National Institute of Biology, Ljubljana, Slovenia*

[3] *Centre de Protecció Vegetal, Institut Valencià d'Investigacions Agràries (IVIA), 46113 Moncada, Spain*

[4] *Valencia Bayesian Research Group (VaBaR), Departament d'Estadística i Investigació Operativa, Universitat de València. C/ Dr. Moliner 50, 46100 Burjassot (València), Spain*

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: Epidemiology; *Guignardia citricarpa*; CBS; hurdle model; Bayesian analysis; inoculum dynamics

Resumen: Citrus black spot (CBS), caused by the fungus *Phyllosticta citricarpa*, is known to induce fruit blemishes and premature fruit drop. Although CBS has been extensively studied in regions with summer rainfall, its emergence in Tunisia has raised questions about its epidemiology under Mediterranean climatic conditions. The inoculum dynamics of *P. citricarpa* propagules were monitored weekly for over two years (Nov 2021–Dec 2023) in two citrus orchards in Tunisia using Hirst-type spore traps. DNA from collected samples was quantified using qPCR assays targeting ITS sequences, and environmental variables were obtained from the ERA5-Land reanalysis dataset. A hierarchical Bayesian hurdle model using the integrated nested Laplace approximation (INLA) was fitted to model both the probability of propagule presence and the relative ITS copy number as a measure of propagule abundance. The model also assessed the potential effect of environmental covariates, considering the temporal structure. ITS copy numbers of *P. citricarpa* in the spore traps followed a consistent seasonal pattern, with peaks in winter (Dec–Jan) and spring (Apr–May) in both orchards. The amount of inoculum varied between locations but showed similar temporal trend. Although a negative effect of minimum temperature on ITS copy number was observed, it was weak and inconsistent across the models, and temporal dependence and the orchard effect explained most of the variability. This study shows, for the first time, the CBS inoculum dynamics in a Mediterranean climate and in an area where the disease is only driven by asexual reproduction. The findings suggest that *P. citricarpa* conidia might become airborne when associated with wind under Mediterranean conditions and could contribute to disease, mostly in the rainy season when inoculum peaks. The seasonal pattern of inoculum peaks may inform fungicide timing for CBS in Tunisia, but further research is needed to determine infection periods. These insights are essential for updating risk assessments and designing effective CBS management strategies in Mediterranean citrus areas.

Financiado por Grant from the European Food Safety Authority (EFSA) GP/EFSA/ALPHA/2019/04 Reduce risk assessment uncertainty: suitability of Mediterranean citrus production areas for *Phyllosticta citricarpa*, and the Slovenian Research Agency programme P4-0463.

O.52: Caracterización de la genética de poblaciones de *Diaporthe amygdali*

Carolina Francia Bentancur[1,2], Josep Armengol Fortí[2], Maela León[2], Sandra Alaniz-Ferro[3], Silvia Turco[4], Eugénio Diogo[5], Santa Olga Cacciola[6], Sebastiano Conti Taguali[6], Virág Varjas[7], Mónica Berbegal[2]

[1] *Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria, INIA La Estanzuela, Uruguay.*

[2] *Instituto Agroforestal Mediterráneo, Universitat Politècnica de València, Valencia.*

[3] *Departamento de Protección Vegetal, Facultad de Agronomía, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay.*

[4] *Dipartimento di Scienze Agrarie e Forestali, Università degli Studi della Tuscia, Viterbo, Italia.*

[5] *Instituto Nacional de Investigação Agrária e Veterinária, Oeiras, Portugal.*

[6] *Department of Agriculture, Food and Environment, Università degli Studi di Catania, Catania, Italia.*

[7] *Hungarian University of Agriculture and Life Sciences, Budapest, Hungría.*

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: almendro; chancros de ramas; decaimiento de brotes; diversidad genética; estructura de poblaciones; melocotonero; nectarino.

Resumen: *Diapothe amygdali* es un patógeno fúngico que afecta a diversos cultivos en todo el mundo, y es el agente causal del chancro de ramas y decaimiento de brotes en almendro. A pesar de su importancia, el conocimiento sobre su diversidad genética y estructura poblacional sigue siendo limitado. El objetivo de este estudio fue analizar la genética de poblaciones de *D. amygdali* en España y a escala global. Para ello se estudiaron 169 aislados procedentes de diferentes países (España, Hungría, Italia, Portugal y Uruguay) y hospedantes (almendro, arándano, melocotonero y nectarino). El análisis se basó en marcadores fenotípicos, incluyendo grupos de apareamiento ("mating type", MT) y de compatibilidad micelial (MCG), que se complementaron con el desarrollo y aplicación de 6 marcadores microsatélite. En conjunto, los resultados mostraron un único MT, 6 MCG y 7 genotipos multilocus (MLG). Un genotipo dominante se detectó en todos los países, siendo el único presente en Hungría y Uruguay. La mayor diversidad genética se observó en España e Italia, especialmente en Baleares y en Emilia-Romagna. El análisis de la estructura de poblaciones no evidenció diferencias significativas asociadas al origen geográfico o al hospedante. No obstante, España presentó 3 grupos de genotipos diferenciados. A pesar de la detección de un único MT y el predominio de la clonalidad, se identificaron indicios de recombinación en la población española. Los resultados obtenidos sugieren que la Cuenca Mediterránea es una zona relevante en la diversidad y dinámica evolutiva de *D. amygdali*.

Financiado por Agencia Nacional de Investigación e Innovación (ANII), Uruguay, beca POS_EXT_2021_1_172115. Proyecto PID2020-114648RR-C33 (MCIN/AEI).

O.53: Efecto de las olas de calor estivales sobre el comportamiento e incidencia de la podredumbre parda en fruta de hueso en el Valle del Ebro

Laura Guerra Fernández de Velasco, María Villarino Pérez, Belén Guijarro Díaz-Otero, Antonieta de Cal y Cortina

Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria, Consejo Superior de Investigaciones Científicas (INA-CSIC), Carretera de La Coruña km 7. 28040, Madrid.

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: *Monilinia fructicola*; *Monilinia laxa*; grados/día; crecimiento; esporulación; infecciones latentes

Resumen: Las olas de calor estivales pueden influir en el crecimiento de los patógenos que infectan la fruta, así como en el equilibrio entre especies y en su epidemiología. El objetivo de este estudio fue investigar los posibles efectos de las olas de calor de verano sobre la infección y colonización de las especies *Monilinia fructicola* y *M. laxa*, causantes de la podredumbre parda del melocotonero en el Valle del Ebro. Para obtener resultados comparables entre los distintos rangos de temperatura variables se utilizó el concepto de tiempo térmico o tiempo fisiológico, definido como la acumulación de temperaturas diarias por encima de una temperatura base durante un periodo determinado. Los ensayos se realizaron en una cámara climática reproduciendo escenarios de olas de calor registrados en el Valle del Ebro durante los meses de junio, julio y agosto del periodo 2016–2023, comparándolos con un periodo de referencia (1981–2010). El análisis se realizó en escala de tiempo térmico mediante el cálculo de grados/día (dd) aplicados a seis rangos térmicos diferentes. Se evaluó el efecto de la temperatura sobre el crecimiento y esporulación de *M. fructicola* y *M. laxa* tanto en medio de cultivo (ensayos *in vitro)*, como en fruta (ensayos *in vivo)* analizando la incidencia y esporulación de infecciones directas y latentes. El análisis de regresión mostró que la incidencia, el crecimiento y la esporulación de las infecciones respondían de forma lineal-exponencial al aumento del tiempo térmico hasta 250-400 dd. Tanto *in vitro* como *in vivo* el crecimiento y esporulación de *M. fructicola* fue superior al de *M. laxa* en todos los rangos estudiados. Incrementos moderados de temperatura respecto al periodo de referencia favorecieron el crecimiento, esporulación e infección de ambas especies, mientras que incrementos térmicos más elevados redujeron estos procesos, especialmente en el caso de las infecciones directas sobre la fruta. El tiempo térmico demostró ser una herramienta adecuada para integrar y comparar datos sobre las respuestas biológicas a las olas de calor obtenidas a partir de experimentos tanto *in vitro* como *in vivo*. Nuestros resultados sugieren que la podredumbre parda del melocotonero podría aumentar bajo escenarios de olas de calor estivales moderadas, particularmente en el caso de *M. fructicola*, lo que podría generar mayores densidades de inóculo tras la cosecha e incrementar las pérdidas económicas debidas a este patógeno en un contexto de calentamiento climático. Sin embargo, en escenarios de olas de calor extremas, otros patógenos secundarios podrían adquirir mayor relevancia en la fruta durante la postcosecha.

Financiado por el proyecto PID2023-14761OB-C22/MCIN/AEI/10.13039/501100011033/FEDER, UE.

O.54: Dinámica temporal de la infección natural de heridas de poda por hongos de la madera de la vid

Katherine Ashley[1], Catarina Leal[2], Rebeca Bujanda[3], Valérie Didier[4], Mélanie Duvillet[5], David Gramaje Pérez[3]

[1] *Department of Plant Pathology, University of California, Davis, CA 95616, U.S.A.*

[2] *Faculty of Sciences, LAQV REQUIMTE, University of Porto, 4169 007 Porto, Portugal.*

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

[4] *Chambre d'Agriculture des Pyrénées-Orientales, 19 Avenue de Grande Bretagne, 66000 Perpignan, France*

[5] *Chambre d'Agriculture des Pyrénées-Atlantiques, 124 Boulevard Tourasse, 64000 Pau, France*

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: *Vitis vinidera*; enfermedades de la madera; Botryosphaeriaceae; *Diaporthe*; *Cytospora*; epidemiología

Resumen: Las enfermedades de la madera de la vid (EMV) limitan la longevidad y productividad del viñedo, y las heridas de poda constituyen una de las principales puertas de entrada para sus agentes causales. Sin embargo, la dinámica temporal de la infección natural tras la poda sigue estando insuficientemente definida en condiciones reales de campo. En este trabajo se estudió la infección natural de heridas de poda por hongos asociados a EMV en tres viñedos comerciales de España y Francia durante dos campañas consecutivas. En cada viñedo se compararon dos momentos de poda, temprana (noviembre-diciembre) y tardía (febrero), y se realizaron muestreos semanales durante 8 semanas. La severidad se estimó como el porcentaje de fragmentos de madera de los que se reislaron los patógenos objetivo. Se obtuvieron 11.230 aislamientos fúngicos. *Botryosphaeriaceae* fue el grupo predominante (54,4%), seguido de *Diaporthe* spp. (34,2%) y *Cytospora* spp. (11,4%). La severidad varió significativamente a lo largo del tiempo en todas las combinaciones viñedo-enfermedad, aunque las trayectorias temporales no siguieron un patrón lineal simple. Se observaron picos intermedios de infección y diferencias claras según viñedo, campaña y fecha de poda, lo que indica que la vulnerabilidad de las heridas no puede describirse mediante un único patrón temporal. En conjunto, las heridas permanecieron susceptibles durante al menos 8 semanas tras la poda. La poda tardía incrementó significativamente la severidad en 6 de 9 combinaciones viñedo-enfermedad. El efecto más marcado se registró en Pirineos Atlánticos para *Botryosphaeriaceae* spp., donde la poda tardía aumentó la severidad en 18,8%. En ese mismo viñedo también se detectaron incrementos significativos para *Cytospora* spp. y *Diaporthe* spp. Los análisis climáticos revelaron asociaciones dependientes del sitio: la humedad relativa mostró una relación más estrecha con la severidad en Pirineos Atlánticos, mientras que la precipitación fue la variable más asociada en Pirineos Orientales. Estos resultados muestran que el riesgo de infección natural de las heridas de poda depende de la interacción entre momento de poda, ambiente local y comunidad de patógenos presente en cada viñedo. En conjunto, apoyan la necesidad de sustituir recomendaciones generales por estrategias de manejo adaptadas a cada región vitícola.

Financiado por Proyecto EFA 033/01 VITRES, cofinanciado al 65 % por el Fondo Europeo de Desarrollo Regional (FEDER) a través del programa Interreg VI-A España-Francia-Andorra (POCTEFA 2021-2027).

Sesión Simultánea 4A: Interacción Planta-Patógeno: Hongos y Bacterias

O.55: Identificación de nuevas dianas génicas para SIGS a partir del análisis de los miRNAs en la interacción tomate-*Fusarium oxysporum*

Sandra Mosquera López, Cristina Zamora Ballesteros, Jonatan Niño-Sánchez

Universidad de Valladolid. Instituto Universitario de Investigación en Gestión Forestal Sostenible (iuFOR), 34004 Palencia, España

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: Spray-Induced Gene Silencing (SIGS); interferencia de ARN entre reinos; *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici*; miRDeep-P2; secuenciación de novo.

Resumen: Dentro de las tecnologías de ARN de interferencia (ARNi), el silenciamiento génico inducido por pulverización (SIGS) representa unaalternativa atractiva frente a las estrategias convencionales de control de fitopatógenos, En SIGS, los ARN de doble cadena (ARNdc) se aplican externamente a cultivos para silenciar genes específicos de patógenos y limitar el avance de enfermedades. Esta tecnología ha demostrado su eficacia contra diversos patógenos, incluyendo *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici* (*Fol*). Sin embargo, su aplicación se velimitada por el reducido número de ARNdc eficaces disponibles capaces de controlar la enfermedad. Recientemente se ha descrito el proceso natural de ARNi entre reinos en la interacción planta-patógeno, en particular se demostró que miARN generados por la planta son enviados al hongo patógeno donde modulan la expresión de genes claves en la infección, convirtiendo estas interacciones en una valiosa fuente de información para el diseño de ARNdc. En este trabajo, se empleó secuenciación de nueva generación y un pipeline bioinformático basado en miRDeep-P2 para analizar las poblaciones de miARN de dos cultivares de tomate: *Moneymaker* (susceptible) y *RAF (Resistant Against Fusarium*, tolerante) durante las etapas tempranas de la infección con *Fol*, buscando evaluar las diferencias, tanto de expresión como de secuencia, entre los miRNAs de *RAF*y MoneyMaker; diferencias que pudieran estar asociadas a la tolerancia a la enfermedad diferencial de los cultivares con el fin de diseñarARNdc más eficaces y específicos contra el patógeno. Nuestros análisis identificaron 34 miARN conocidos (ya descritos en las bases de datos) y 33 nuevos miARN aun no descritos, que se expresan durante las etapas tempranas de la interacción. A partir de estos, se seleccionaron 6 miARN diferencialmente expresados entre las variedades. Tras confirmar la expresión de estos miARN mediante qPCR, utilizando un sistema optimizado de cebadores en horquilla, se identificaron sus posibles dianas génicas mediante el alineamiento de sus secuencias con las regiones codificantes de genes del hongo y expresión diferencial. Estas dianas se emplearon posteriormente para diseñar moléculas de ARNdc para su aplicación mediante SIGS, queactualmente se están evaluando *in planta* con el objetivo de determinar su capacidad para controlar eficazmente la enfermedad. Nuestros resultados demuestran que las interacciones trans-reino ofrecen una fuente de información valiosa sobre miARN naturales eficaces contra los hongos patógenos de planta, y que las herramientas bioinformáticas son indispensables para explotar esta información. Con nuestro trabajo proponemos una estrategia para emplear esta información en el diseño de ARNdc eficaces, basadas en el mecanismo naturalde defensa de la planta, traduciéndose en estrategias de control mediante ARN más eficaces y respetuosas con el ambiente.

Financiado por 10.13039/501100011033, MINISTERIO DE CIENCIA, INNOVACIÓN Y UNIVERSIDADES, FONDOS FEDER, AGENCIA ESTATAL DE INVESTIGACIÓN, UNIÓN EUROPEA.

O.56: Interferencia de la quimiopercepción como estrategia para afectar la entrada y virulencia en *Ralstonia solanacearum*

Lucas G. Castellani[1], Leydi Sevillano-Bonilla[1], David García-Muñoz[1], Sandra Nebreda[1], Saray Santamaría-Hernando[1,2], José Juan Rodríguez-Herva[1,2], Emilia López-Solanilla[1,2], Gema López-Torrejón[1,2]

[1] Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas, Universidad Politécnica de Madrid (UPM)–Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria (INIA-CSIC), Madrid, España

[2] Departamento de Biotecnología-Biología Vegetal, Escuela Técnica Superior de Ingeniería Agronómica, Alimentaria y de Biosistemas, Universidad Politécnica de Madrid, 28040 Madrid, España

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: interacción planta-bacteria; *Ralstonia solanacearum*; marchitez bacteriana; quimiopercepción; quimiorreceptor; control de la enfermedad

Resumen: *Ralstonia solanacearum* (Rs), agente causal de la marchitez bacteriana, es uno de los fitopatógenos bacterianos más destructivos que afectan cultivos de solanáceas, incluyendo patata y tomate, ocasionando importantes pérdidas económicas a nivel mundial. El éxito de la infección por Rs depende de su capacidad para localizar plantas hospedadoras en la rizosfera, un proceso estrechamente asociado a la quimiopercepción, la cual dirige la motilidad bacteriana y regula otros determinantes de virulencia. La quimiopercepción bacteriana está mediada por proteínas quimiorreceptoras de tipo MCP (**m**ethyl-accepting **c**hemotaxis **p**roteins), que generalmente aparecen asociadas a la membrana y perciben señales ambientales a través de los dominios de unión a ligando (LBDs). El reconocimiento de los ligandos desencadena cascadas de señalización intracelular que culminan en el control del movimiento bacteriano hacia nichos favorables y en la regulación de programas de virulencia. Estudios previos demostraron que mutantes no quimiotácticos deficientes en proteínas clave de señalización, como CheA o CheW, presentan una marcada reducción en virulencia y colonización radicular, destacando la importancia de la percepción de señales ambientales y de la planta durante el proceso de infección. Los compuestos derivados de la planta liberados por raíces o heridas actúan como quimioatrayentes para Rs, permitiendo el reclutamiento del patógeno hacia los tejidos susceptibles de la planta. En este trabajo proponemos una estrategia orientada a caracterizar mecanismos de percepción mediados por MCPs en Rs y a explorar su potencial como dianas para la interferencia del proceso de infección. Nuestro enfoque se basa en la identificación de ligandos potenciales capaces de interaccionar con LBDs de MCPs e interferir con las respuestas de quimiopercepción mediante la alteración de los gradientes ambientales de concentración. Para ello, los LBDs seleccionados son expresados heterólogamente y purificados para el análisis de interacción con ligandos mediante desplazamiento térmico basado en fluorescencia (Thermal Shift assays) frente a compuestos asociados al ambiente de la planta o el suelo. Las interacciones seleccionadas son posteriormente validadas mediante calorimetría de titulación isotérmica (ITC). En paralelo, se generan mutantes en los genes que codifican las MCPs para evaluar su papel en quimiotaxis, mediante ensayos comparativos utilizando la cepa silvestre, mutante y complementada frente a moléculas seleccionadas, así como ensayos de infección en planta para determinar su contribución a la virulencia y colonización de la planta huésped. En conjunto, este trabajo busca aportar conocimiento sobre las bases moleculares de la percepción de señales derivadas del hospedador y del ambiente radicular en Rs y establecer fundamentos para el desarrollo de estrategias alternativas y respetuosas con el medio ambiente para el control de la enfermedad.

Financiado por Esta publicación recibió financiación del Programa de Investigación e Innovación Horizonte Europa de la Unión Europea, en el marco del proyecto POMATO, Acuerdo de Subvención N.º 101181658.

O.57: Engineering a viral expression vector based on *Botrytis virus F* (BVF) for *Botrytis cinerea*

Javier Pardo-Medina[1], Cecilia Martín Parera[1], Kanoko Murata[2], Julio Rodríguez-Romero[1,3], Sotaro Chiba[2], María Angeles Ayllón Talavera[1,3]

[1] *Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas, Universidad Politécnica de Madrid, Madrid*

[2] *Graduate School of Bioagricultural Sciences, Nagoya University, Japan*

[3] *Escuela Técnica Superior de Ingeniería Agronómica, Alimentaria y de Biosistemas, Universidad Politécnica de Madrid, Madrid*

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: *Botrytis cinerea*; mycovirus; infectious clone; viral expression vector; *Botrytis* virus F; IRES; subgenomic RNA.

Resumen: Mycoviruses infect a wide range of fungi, including phytopathogens of great importance, such as *Botrytis cinerea*. This necrotrophic fungus infects more than 200 crops, both in field and in post-harvest, causing gray mold disease. To date, most mycovirus studies have focused on phenotypic characterisations of virus–fungus interactions and their biocontrol applications. However, only a few infectious clones have been developed for mycoviruses, including a recently generated clone of *Botrytis* virus F (BVF). This virus has a flexuous, rod-shaped morphology, a positive-sense RNA genome, and belongs to the family *Gammaflexiviridae*. Its genome encodes two proteins: the 5'-proximal RNA-dependent RNA polymerase (RdRP) and the 3'-proximal coat protein (CP), the latter being expressed from a subgenomic RNA (sgRNA). Reverse genetics techniques represent a valuable biotechnological tool for exploring new approaches to study virus–host interactions. Although conventional transformation methods are widely used for functional studies in fungi, they are not effective across all fungal species, limiting their applicability. Therefore, the development of an expression vector based on a viral infectious clone enables the transient expression of exogenous genes. In this work, we developed the first viral expression vector based on the mycovirus BVF. For vector construction, the intergenic region between the RdRP and CP ORFs was used as the insertion site for reporter genes (fluorescent proteins and antibiotic resistance), placed under the transcriptional control of either of two tested sgRNA promoters. Preliminary analyses indicated that one of the promoters was non-functional, a result further confirmed by introducing an Internal Ribosome Entry Site (IRES) element to enable translation of reporter genes. The expression capacity of viral vectors was evaluated using growth assays under hygromycin B selection pressure. The fungal growth was compared among strains: constitutively expressing *hph* (hygromycin-resistance gene); transfected by the BVF-vector carrying the functional sgRNA promoter and *hph*; or carrying the non-functional sgRNA promoter coupled to the IRES and *hph*; and negative control strains not carrying *hph*. All viral vectors conferred antibiotic resistance, albeit with a longer latency period. This system enables transient expression driven by the host cellular machinery during infection, thereby avoiding genomic integration. The development of mycovirus-based expression vectors in filamentous fungi represents a pioneering approach in fungal biotechnology, with potential applications in other transformation-recalcitrant fungal species. This tool establishes a new framework for exploiting mycoviruses as viral vectors and demonstrates the functionality of key viral elements, such as sgRNA promoters and IRES sequences, within the BVF-based system.

Financiado por Project I+D+i PID2020-120106RB-I00 supported by MCIN/AEI/10.13039/501100011033.

O.58: Colonización, persistencia y transmisión de *Xanthomonas* sp. en semillas de tomate y pimiento

Agustina De Francesco[1,2], Salvador Sastre[3], Patricia Olivares[1], Cristina Moyano[1], Jaime Cubero[3]

[1] *Laboratorio de Sanidad Vegetal, Dirección Técnica de Evaluación de Variedades y Laboratorios (DTEVL-INIA-CSIC)*

[2] *Asociación Nacional de Obtentores Vegetales (ANOVE)*

[3] *Departamento de Protección Vegetal (INIA-CSIC)*

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: semillas; persistencia bacteriana; supervivencia bacteriana; transmisibilidad

Resumen: Dentro del género *Xanthomonas* se encuentran especies como *X. vesicatoria*, *X. euvesicatoria*, *X. gardneri* y *X. perforans* que causan importantes enfermedades en cultivos de tomate y pimiento, generando pérdidas económicas relevantes a nivel mundial. En España, durante los últimos años, se ha detectado en campo principalmente la especie *X. euvesicatoria* asociada al cultivo de pimiento. En el presente trabajo se ha estudiado la colonización, persistencia y transmisión por semilla de dos especies de *Xanthomonas* asociadas a tomate y pimiento. En particular, se analizó la transmisibilidad por semilla en infecciones naturales y artificiales de pimiento con *X. euvesicatoria* e infecciones artificiales de tomate con *X. vesicatoria*, esta última históricamente asociada a dicho cultivo. Los resultados obtenidos no permitieron evidenciar la transmisión por semillas bajo las condiciones estudiadas. Asimismo, se realizaron estudios de adhesión y persistencia en la superficie de las semillas utilizando distintas especies del género *Xanthomonas*. Los resultados demostraron la existencia de preferencias en la adhesión y la persistencia bacteriana sobre la superficie de semillas correspondientes a su gama de huéspedes, lo que sugiere una interacción específica bacteria-semilla vinculada a la adaptación a la planta. Por otra parte, mediante estudios basados en aislamiento y microscopía se pudo detectar la presencia bacteriana únicamente sobre la superficie de las semillas. Estos resultados contribuyen a una mejor comprensión del papel de las semillas en la epidemiología de las enfermedades causadas por *Xanthomonas* en cultivos hortícolas y aportan información relevante para el desarrollo de estrategias de manejo y control sanitario.

Financiado por Este trabajo ha sido financiado por el proyecto de investigación PID2021-123600OR-C41: “Modelos de *Xanthomonas* causantes de importantes enfermedades en cultivos de plantas leñosas y herbáceas en España, estudios comparativos y nuevas estrategias de control” (XANTHERWO) financiado por MICIU/AEI /10.13039/501100011033 y por FEDER, UE.

O.59: *Debaryomyces hansenii* y *Ogataea polymorpha* como agentes de biocontrol frente a hongos fitopatógenos

Carlos Lucena León, José Ramos Ruiz, Francisco Javier Ruiz Castilla

Universidad de Córdoba. Córdoba

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: *Debaryomyces hansenii*; *Ogataea* polymorpha; biocontrol; *Arabidopsis thaliana*; *Verticillium dahliae*; *Colletotrichum godetiae*; resistencia sistémica inducida; hongos fitopatógenos

Resumen: La búsqueda de estrategias sostenibles para el manejo de enfermedades vegetales ha impulsado el estudio de microorganismos beneficiosos capaces de mejorar simultáneamente la nutrición y la sanidad vegetal. *Debaryomyces hansenii* y *Ogataea polymorpha* (conocida previamente como *Hasenula polymorpha*) son dos levaduras previamente estudiadas por su potencial biofertilizante, aunque su posible papel como agentes de biocontrol frente a hongos fitopatógenos ha sido escasamente explorado. El objetivo de este trabajo fue evaluar la capacidad de ambas levaduras para limitar el desarrollo de *Verticillium dahliae* y *Colletotrichum godetiae* y analizar su efecto sobre la respuesta de plantas de *Arabidopsis thaliana* frente a estos patógenos. Para ello, se realizaron ensayos *in vitro* mediante cultivos duales entre las levaduras y los hongos fitopatógenos, determinando el crecimiento miceliar, la producción de conidios y la germinación de esporas. Asimismo, se llevaron a cabo ensayos *in vivo* en plantas de *Arabidopsis thaliana* cultivadas en solución nutritiva e inoculadas con los patógenos en presencia o ausencia de las levaduras. Se evaluaron parámetros fisiológicos relacionados con el estado de las plantas y la expresión de genes asociados a mecanismos de defensa. Ambas levaduras redujeron significativamente el crecimiento miceliar de los hongos evaluados, así como la producción y germinación de conidios. En los ensayos con plantas, los tratamientos con levaduras mitigaron los efectos negativos provocados por los patógenos sobre distintos parámetros fisiológicos. Además, el análisis molecular reveló cambios en la expresión de genes relacionados con la respuesta frente al estrés biótico, incluyendo *AtACO2*, *AtMYB72* y *AtPR4*, sugiriendo la activación de mecanismos asociados a la resistencia sistémica inducida. En conjunto, los resultados ponen de manifiesto el potencial de ambas levaduras como herramientas biotecnológicas para el manejo sostenible de enfermedades vegetales. Su capacidad para limitar el desarrollo de hongos fitopatógenos y modular respuestas defensivas en la planta respalda su posible aplicación futura como agentes de biocontrol en agricultura.

Financiado por Plan Propio de la Universidad de Córdoba.

O.60: Identificación y selección de genes WRKY potencialmente asociados a la regulación negativa de las respuestas de defensa del tomate frente a *Pseudomonas syringae* pv. *tomato*

Ingrid Nicole Vásconez, Luciano Ahumada, José Miguel Alvarez, Ariel Herrera-Vásquez

Centro de Biotecnología Vegetal, Facultad de Ciencias de la Vida, Universidad Andrés Bello, Santiago 8370146, Chile.

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: WRKY; *Solanum lycopersicum*; defensa vegetal; *Pseudomonas syringae* pv. *tomato*; transcriptómica; RT-qPCR.

Resumen: Los factores de transcripción WRKY participan activamente en la regulación de las respuestas de defensa en plantas. Sin embargo, los genes WRKY potencialmente asociados a la regulación negativa de la inmunidad frente a *Pseudomonas syringae* pv. *tomato* (*Pst*) en plantas de tomate permanecen insuficientemente caracterizados. En este trabajo se desarrolló una estrategia integrativa para identificar y seleccionar genes WRKY candidatos potencialmente involucrados en la modulación negativa de las respuestas de defensa del tomate frente a *Pst*. Inicialmente, se realizó un análisis filogenético de genes WRKY de *Solanum lycopersicum* y *Arabidopsis thaliana* utilizando secuencias obtenidas desde las bases de datos Sol Genomics Network y TAIR, respectivamente. Esta información fue utilizada como criterio inicial para la selección de genes candidatos. Posteriormente, plantas de tomate cv. Moneymaker fueron inoculadas con *Pst* mediante un método de inoculación por inmersión foliar, con el objetivo de evaluar la expresión génica durante la interacción planta–patógeno. La infección fue validada mediante cuantificación bacteriana, análisis de expresión de *PR1b1* y mediciones fisiológicas asociadas al estado foliar. A partir de este sistema experimental, se realizaron análisis de expresión por RT-qPCR de genes WRKY candidatos a las 8 y 24 h post-inoculación. Adicionalmente, se integró información transcriptómica proveniente de datasets públicos de la Tomato Functional Genomics Database (TFGD) asociados a interacciones tomate–*Pst*. Los resultados de filogenia, RT-qPCR y RNA-seq fueron integrados mediante un sistema de evaluación multicriterio no ponderado, permitiendo la selección de seis genes WRKY candidatos para estudios posteriores. Actualmente, estos candidatos están siendo sometidos a caracterización funcional preliminar mediante ensayos de localización subcelular y transformación genética en *Arabidopsis thaliana*. De manera preliminar, SlWRKY45 mostró una localización predominantemente nuclear mediante ensayos de expresión transiente utilizando una fusión SlWRKY45-Citrina en *Nicotiana benthamiana*. En conjunto, estos resultados permitieron establecer un conjunto de genes WRKY candidatos potencialmente asociados a las respuestas de defensa del tomate frente a *Pst*, proporcionando una base para futuros estudios funcionales y estrategias de edición génica orientadas al mejoramiento de la resistencia a la peca bacteriana en tomate.

Financiado por Agencia Nacional de Investigación y Desarrollo (ANID) – Fondecyt Postdoctorado N°3250059 y Fondecyt Regular N°1240785.

Sesión Simultánea 4B: Gestión de Enfermedades

O.61: Estudio del mecanismo de acción de BP100, 1036 y FV7 en membranas utilizando simulaciones de dinámica molecular

Sergi Llanet Ferrer[1], Anna Bonaterra[2], Emilio Montesinos Seguí[2], Marta Planas[1], Lidia Feliu[1], Ferran Feixas[3]

[1] *Laboratorio de Innovación en Procesos y Productos de Síntesis Orgánica (LIPPSO), Instituto de Tecnología Agroalimentaria, Departamento de Química, Universidad de Girona*

[2] *Laboratorio de Patología Vegetal-Centro de Innovación y Desarrollo en Sanidad Vegetal (CIDSAV), Instituto de Tecnología Agroalimentaria, Universidad de Girona*

[3] *TCBioSys, Instituto de Química Computacional y Catálisis, Departamento de Química, Universidad de Girona*

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: péptidos antimicrobianos; membranas bacterianas; *carpet mechanism*; dinámica molecular

Resumen: Los péptidos antimicrobianos (PAM), como BP100, 1036 y FV7, han mostrado una actividad prometedora frente a fitopatógenos bacterianos como *Xylella fastidiosa* [1, 2]. A pesar de su eficacia, su mecanismo de acción molecular ha sido poco estudiado. Comprender dicho mecanismo constituye un paso fundamental para el diseño y la optimización racional de nuevos agentes antimicrobianos. Asimismo, este conocimiento permitiría, en etapas posteriores, el diseño *in silico* de nuevas secuencias dirigidas a dianas específicas de *X. fastidiosa*, como los pili de tipo IV, los lipopolisacáridos o enzimas implicadas en la formación de biofilm. En este estudio sobre el mecanismo de acción de BP100, 1036 y FV7, se presenta un protocolo computacional que combina simulaciones de dinámica molecular atomística y análisis estructurales avanzados para caracterizar las interacciones péptido–membrana y sus consecuencias sobre la integridad de la membrana. Se han realizado simulaciones utilizando tres modelos de membrana: bicapas de DPPG, DPPC y mezclas DPPG/DPPC. Este trabajo explora explícitamente los efectos cooperativos dependientes de la concentración, siguiendo tendencias recientes orientadas a reproducir condiciones biológicas más realistas. Los resultados muestran que estos PAM catiónicos alteran distintos parámetros de las membranas aniónicas (DPPG o DPPG/DPPC), especialmente su grosor en las regiones de contacto péptido–membrana. Estas alteraciones se intensifican al aumentar el número de péptidos presentes en la simulación, evidenciando un comportamiento cooperativo dependiente de la concentración. Además, el número de péptidos modula su efecto sobre la membrana, su conformación, así como su modo de interacción con la bicapa. Estos resultados destacan la importancia de considerar sistemas multipeptídicos en este tipo de estudios. En cambio, estos PAM presentan efectos considerablemente menores sobre membranas zwitteriónicas (DPPC), representativas de los lípidos predominantes en células eucariotas. Esto concuerda con la baja hemólisis descrita experimentalmente para estos péptidos y confirma su selectividad frente a membranas bacterianas enriquecidas en lípidos aniónicos. Este trabajo aporta una visión atomística detallada del comportamiento de BP100, 1036 y FV7, y establece un marco computacional robusto para la evaluación de nuevos PAM. Los resultados sugieren que los mecanismos de acción de los PAM emergen de procesos colectivos y cooperativos dependientes de la concentración, y contribuyen al futuro diseño racional de nuevos agentes antimicrobianos frente a *X. fastidiosa*.

Referencias

1. Moll, L., Badosa, E., De La Fuente, L., Montesinos, E., Planas, M., Bonaterra, A., & Feliu, L. (2025). Plant Disease, 109(2), 327–340. https://doi.org/10.1094/PDIS-07-24-1414-RE
2. Moll, L., Giralt, N., Planas, M., Feliu, L., Montesinos, E., Bonaterra, A., & Badosa, E. (2024). Plant Cell Reports, 43(8), 190. https://doi.org/10.1007/s00299-024-03276-x

Financiado por Ministerio de Ciencia e Innovación, Agencia Estatal de Investigación, Fondo Europeo de Desarrollo Regional (MICINN/AEI/FEDER, UE) (Ref: PID2022-140040OB-C21 y C22) y la beca predoctoral FPU (FPU23/01933).

O.62: Ácidos nucleicos peptídicos (PNAs) antisentido para el control de enfermedades causadas por *Xylella fastidiosa*

Núria Giralt[1], Lidia Feliu[2], Marta Planas[2], Emilio Montesinos Seguí[1], Esther Badosa[1], Anna Bonaterra[1]

[1] *Laboratorio de Patología Vegetal-Centro de Innovación y Desarrollo en Sanidad Vegetal (CIDSAV), Instituto de Tecnología Agroalimentaria, Universidad de Girona*

[2] *Laboratorio de Innovación en Procesos y Productos de Síntesis Orgánica (LIPPSO), Instituto de Tecnología Agroalimentaria, Departamento de Química, Universidad de Girona*

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: agente antisentido; ARNm; ácido nucleico peptídico (PNA); síntesis en fase sólida; *Xylella fastidiosa*

Resumen: *Xylella fastidiosa* (Xf) es una bacteria fitopatógena Gram negativa responsable de diversas enfermedades en cultivos de gran relevancia económica, como el almendro, el olivo, la vid y los cítricos, siendo una amenaza para la agricultura y uno de los principales fitopatógenos de cuarentena en la Unión Europea. En la actualidad, las opciones disponibles para mitigar sus efectos en las plantas infectadas son limitadas, por lo que resulta necesario desarrollar nuevas estrategias de control compatibles con las regulaciones medioambientales europeas [1]. Los ácidos nucleicos peptídicos (en inglés *Peptide Nucleic Acids*, PNAs) son análogos de los ácidos nucleicos en los que el esqueleto azúcar-fosfato se ha sustituido por unidades de *N*-(2-aminoetil)glicina a las que se unen las bases nitrogenadas a través de un enlace metilencarbonilo. Gracias a su capacidad para hibridar de forma específica, estable y con alta afinidad con secuencias complementarias de ácidos nucleicos, así como a su resistencia frente a nucleasas y proteasas, los PNAs constituyen candidatos prometedores para terapias antisentido [2]. El objetivo principal de este trabajo fue diseñar y sintetizar PNAs dirigidos contra el gen esencial *acpP* de Xf, con el fin de inhibir el crecimiento bacteriano mediante una estrategia antisentido. Para ello, se diseñó una secuencia de PNA específica contra el gen *acpP* de Xf, así como una secuencia *mismatched* y una *scrambled* para utilizarlas como control negativo. A estas secuencias se incorporó un péptido penetrador celular (en inglés *Cell-Penetrating Peptide*, CPP) y un espaciador, con el propósito de favorecer la internalización celular y mejorar la solubilidad del conjugado. Estos conjugados PNA-CPP se sintetizaron en fase sólida mediante una estrategia Fmoc/*t*Bu. Posteriormente, se purificaron por cromatografía líquida en fase reversa, se analizaron mediante HPLC y se caracterizaron por espectrometría de masas. Finalmente, se evaluó *in vitro* la capacidad de estos conjugados para inhibir el crecimiento de Xf, obteniéndose resultados satisfactorios de actividad antibacteriana para varios compuestos.

Referencias

1. M. Mourou, G. Incampo, M. Carlucci, D. Salamone, S. Pollastro, F. Faretra, F. Nigro. Front. Plant Sci. 2025, 16:1608687.
2. A. D'Aniello, A. Masi, C. Avitabile, G. Del Monaco, M. Saviano, M. Moccia. Int. J. Mol. Sci. 2026, 27(3):1565.

Financiado por Ministerio de Ciencia e Innovación, Agencia Estatal de Investigación, Fondo Europeo de Desarrollo Regional (MICINN/AEI/FEDER, UE) (Ref: PID2022-140040OB-C21 y C22) y la beca predoctoral AGAUR-FI Joan Oró (2026-FI-3 000773).

O.63: Control de *Xylella fastidiosa* mediante termoterapia, péptidos funcionales y metabolitos de origen microbiano

Núria Daranas, Laura Montesinos Barreda, Beatriz Gascón, Gemma Roselló, Aniol Buisac Vila, Anna Bonaterra, Emilio Montesinos Seguí

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

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: *Xylella fastidiosa*; péptidos funcionales; termoterapia; metabolitos de origen microbiano; *Nicotiana benthamiana*; *Prunus*

Resumen: *Xylella fastidiosa* (*Xf*) es una bacteria fitopatógena Gram negativa que causa enfermedades en múltiples cultivos de gran importancia económica y representa una de les principales amenazas para la agricultura a nivel mundial. *Xf* coloniza los vasos del xilema de las plantas huésped formando biofilm, cuya oclusión pude provocar la muerte de la planta. Actualmente, no existen tratamientos curativos eficaces frente a *Xf*. En este contexto, resulta necesario desarrollar y definir estrategias efectivas tanto para el saneamiento de material vegetal de propagación como para el control de las enfermedades en plantas infectadas en campo. El tratamiento por termoterapia (50 °C durante 45 min) ha sido recomendado para el saneamiento de material vegetal de vid frente a *Xf* [1], aunque esta información es inexistente para otras especies de interés como el almendro. Además, los péptidos funcionales y metabolitos de origen microbiano representan una alternativa sostenible a los compuestos tradicionales ya que algunos poseen un amplio espectro de actividad antimicrobiana, baja toxicidad y elevada biodegradabilidad [2]. Los objetivos del presente trabajo fueron determinar la eficacia de un tratamiento de termoterapia en el saneamiento de plantas de almendro en dormancia vegetativa y de la aplicación de péptidos funcionales y metabolitos de origen microbiano en plantas huésped. Las plantas se inocularon con tres subespecies de *Xf* (*fastidiosa*, *multiplex* y *pauca*) mediante microinyección y se mantuvieron en un invernadero de bioseguridad de nivel II+. Se evaluó la severidad de las infecciones y se determinaron los niveles poblacionales de *Xf* mediante qPCR. El tratamiento por termoterapia (43 °C durante 180 min) redujo los niveles de *Xf* sin comprometer la viabilidad de las plantas de almendro. Metabolitos obtenidos de los sobrenadantes libres de células de cultivos de *Pseudomonas fluorescens* EPS894 y *Bacillus velezensis* A17 redujeron la población de *Xf* en *Nicotiana benthamiana* y la severidad de las infecciones. Asimismo, péptidos antimicrobianos con distintos mecanismos de acción, incluyendo actividades antibiofilm, bactericida, inductora de defensas en plantas y/o anti-lipopolisacáridos (anti-LPS), fueron capaces de reducir la severidad de las infecciones y los niveles poblacionales de *Xf* en las plantas huésped. Estas metodologías pueden contribuir a mitigar los efectos adversos de las enfermedades causadas por *Xf*, aunque deben ser implementadas en campo, y en algunos casos autorizadas por las autoridades competentes.

Referencias

1. EFSA Panel on Plant Health. 2015. Scientific opinion on hot water treatment of *Vitis* sp. for *Xylella fastidiosa*. EFSA Journal. 13(9):4225.
2. Montesinos, E. 2023. Functional peptides for plant disease control. Annu. Rev. Phytopathol. 61:301–24.

Financiado por Proyecto BeXyL (101060593) de la Unión Europea y proyecto BioStop-Xf (TED2021-130110B-C43) del Ministerio de Ciencia e Innovación.

O.64: Análisis global de la eficacia de agentes de control biológico frente a fungicidas sintéticos: un meta-análisis bayesiano de ensayos de campo

Elena Lázaro Hervás[1], María José Caballero[1], David Makowski[2], Antonio Vicent Civera[3]

[1] *Departamento de Estadística e Investigación Operativa-Universidad de Valencia. Burjassot*

[2] *UMR 518 MIA-PS, INRAE - AgroParisTech - Université Paris-Saclay. Palaiseau*

[3] *Centre de Protecció Vegetal i Biotecnologia- Institut Valencià d'Investigacions Agràries (IVIA). Moncada*

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: control biológico; fungicidas sintéticos; meta-análisis bayesiano; ensayos de campo; incidencia de enfermedad; gestión integrada

Resumen: La reducción de la dependencia de fungicidas sintéticos constituye uno de los principales retos de la protección vegetal. Los agentes de control biológico (BCA) se plantean como una alternativa prometedora; sin embargo, su variabilidad bajo condiciones reales de cultivo dificulta establecer conclusiones generales sobre su consistencia en comparación con las formulaciones químicas (CF). Con el objetivo de abordar esta cuestión, se ha desarrollado un marco metodológico de meta-análisis jerárquico bayesiano basado en modelos mixtos beta-binomiales. Esta metodología se ha evaluado de forma preliminar sobre un subconjunto piloto de 13 experimentos independientes procedentes de 7 publicaciones indexadas en Web of Science y realizados en condiciones comerciales de campo. El contraste predictivo global revela un diferencial medio en la incidencia de la enfermedad prácticamente nulo al comparar ambas estrategias (mediana del contraste BCA vs. CF = −0.003; ICr95%: [−0.397, 0.205]), lo que sugiere una eficacia media comparable en esta muestra inicial. El análisis de sensibilidad orientado a evaluar la posible presencia de sesgo de publicación detectó una asimetría estructural asociada a un efecto del tamaño muestral, de modo que los estudios con menor número de observaciones tienden a sobreestimar la reducción de la incidencia. Asimismo, el análisis descriptivo mostró una menor variabilidad interexperimental para los BCA (desviación estándar = 0.42) en comparación con la observada para los fungicidas químicos (0.83). En la comunicación se presentarán los resultados del meta-análisis completo una vez finalizada la extracción y revisión sistemática de la literatura disponible. La incorporación de variables moderadoras estructurales, como el cultivo, la localización geográfica y el patógeno diana, será fundamental en la fase definitiva del estudio. Este enfoque permitirá explicar parte de la heterogeneidad observada entre experimentos e identificar los contextos agronómicos en los que se modifican los patrones de eficacia y consistencia relativa de ambas estrategias, aprovechando la flexibilidad del marco analítico bayesiano desarrollado.

Financiado por Este estudio no ha recibido financiación externa de agencias públicas o privadas.

O.65: Nuevos nanomateriales avanzados multifuncionales como herramienta sostenible para el control de plagas fúngicas

María Mondéjar López[1], María Paz García Simarro[1], Joaquín C. García Martínez[2,3], Antonio Cuesta Casas[2,3], Sergio Casas Tintó[4], Oussama Ahrazem[1], María Lourdes Gómez Gómez[1,2], Enrique Niza González[1,2,5]

[1] *Instituto Botánico de Castilla-La Mancha, Albacete*

[2] *Facultad de Farmacia de la Universidad de Castilla-La Mancha, Albacete*

[3] *Centro Regional de Investigaciones Biomédicas, Albacete*

[4] *Instituto de Salud Carlos III, Madrid*

[5] *Universidad de Castilla-La Mancha*

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: nanotecnología; fitosanitarios; terpenos; carotenoides; antifúngicos

Resumen: Los hongos patógenos suponen una grave amenaza para la agricultura mundial, ya que provocan importantes pérdidas de cosechas y suscitan preocupaciones en materia de seguridad alimentaria. Este estudio presenta el desarrollo de dos novedosas nanopartículas híbridas multifuncionales diseñadas para ofrecer una alternativa sostenible para la protección de los cultivos y la promoción del crecimiento. Estas nanopartículas se basan en nanopartículas de sílice mesoporosa dendrítica (dMSNP) y están funcionalizadas con innovadores agentes de recubrimiento derivados de polidopamina (PDA) modificada con cinamaldehído (CIN) y β-ciclocitral (BETA). Las nanopartículas mostraron un mecanismo de liberación dual con cinética sensible al pH, liberando hasta un 94 % de geraniol (GER) y un 81 % del compuesto BETA a pH 5. Esto confirma su capacidad para una administración dirigida y desencadenada por estímulos. Las pruebas *in vitro* mostraron una fuerte actividad antifúngica contra varios hongos fitopatógenos, con concentraciones mínimas inhibitorias de tan solo 0,078 mg/ml. La bioseguridad *in vivo* se estableció mediante ensayos en *Drosophila melanogaster*. Además, los experimentos realizados con plantas infectadas por *Fusarium oxysporum* demostraron una mayor germinación de las semillas y un mejor desarrollo inicial de las plantas. Las plantas tratadas mostraron un mejor crecimiento de raíces y tallos, un mayor contenido de clorofila y niveles restablecidos de marcadores fisiológicos clave, como los polifenoles y los carotenoides. Esta investigación demuestra el desarrollo exitoso de dos nanopartículas con doble funcionalidad que mejoran el control de los hongos patógenos al tiempo que promueven el crecimiento de las plantas. Los hallazgos destacan su potencial como herramientas nanobiotecnológicas sostenibles para proteger los cultivos y mejorar la productividad en los sistemas agrícolas afectados por enfermedades fúngicas.

Financiado por Candelo Biotech-UCLM (240528UCTR), Agencia Estatal de Investigación (PID2023-146186OB-100, Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades).

O.66: Evaluación de *Crotalaria juncea*, *Sorghum sudanense* y *Trichoderma harzianum* frente a *Meloidogyne incognita*

Ana García-Velázquez[1], Antonio Archidona-Yuste[1], Victoria Moreira[2], Álvaro López-García[3], Nuria Ferrol[3], Carlos Aranda-Porras[1], Pablo Castillo Castillo[1], Juan Emilio Palomares-Rius[1]

[1] *Instituto de Agricultura Sostenible (IAS)-CSIC. Córdoba*

[2] *Facultad de Agronomía, Universidad de la República. Uruguay*

[3] *Estación Experimental del Zaidín (EZZ)- CSIC. Granada*

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: cultivo de cobertura; fitoparásitos; biocontrol; ecología del suelo; agricultura sostenible; tomate

Resumen: Los nematodos noduladores de la raíz (*Meloidogyne* spp.) constituyen uno de los principales problemas fitosanitarios en la producción agrícola a nivel mundial, causando pérdidas económicas muy significativas. Las alternativas sostenibles para su control siguen siendo escasas, en especial en suelos con un historial de elevada densidad de inóculo. En este contexto, los cultivos de cobertura y los agentes de control biológico se presentan como opciones con gran potencial, aunque su eficacia en condiciones de campo y sus mecanismos de acción no están aun bien caracterizados. El presente trabajo pretende evaluar la capacidad de dos cultivos de cobertura, *Sorghum sudanense* cv. 'Belle' y *Crotalaria juncea*, y del agente de biocontrol *Trichoderma harzianum*, para reducir poblaciones de *Meloidogyne incognita* en un sistema de producción de tomate a alta densidades de este patógeno. Asimismo, también se estudió su influencia sobre la colonización de la raíz de tomate por hongos micorrícicos arbusculares y sobre la estructura de la comunidad de nematodos del suelo como posibles mecanismos de supresión indirecta. El ensayo se realizó en dos ciclos de tomate consecutivos simulando condiciones reales de campo. *Crotalaria juncea* redujo significativamente las poblaciones de *M. incognita* respecto al control, manteniéndose eficaz incluso a niveles de inóculos iniciales muy elevados. Su cultivo además favoreció la comunidad de nematodos en el suelo, en favor de grupos tróficos beneficiosos, particularmente bacteriófagos. En el segundo ciclo de tomate, aunque se observó cierta recuperación de los nematodos fitoparásitos en todos los tratamientos, esta fue notablemente menor tras el cultivo de *C. juncea*. Por el contrario, *S. sudanense* y *T. harzianum* no mostraron capacidad supresora frente a *M. incognita*. Asimismo, *S. sudanense* resultó ser un hospedador compatible, permitiendo la multiplicación del patógeno, lo que fue confirmado mediante un ensayo de reproducción independiente. De esta forma, los resultados obtenidos sostienen que *C. juncea* ejerce un efecto supresor a través de una doble vía: el antagonismo directo frente a *M. incognita* y la mejora de la actividad biológica del suelo. Estos datos respaldan su incorporación como cultivo de cobertura de elección en estrategias de manejo integrado de nematodos en horticultura.

Financiado por Este trabajo es parte del proyecto de I+D+i PID2022-140592OB-I00, financiado por MICIU/AEI/10.13039/501100011033/ y FEDER/UE.

Sesión Simultánea 4C: Interacción Planta-Patógeno: Hongos/Microbiota

O.67: Análisis metaproteómico de la microbiota asociada a la interacción entre *Botrytis cinerea* y la vid

María Victoria Calcis-Marzán[1], Almudena Escobar-Niño[1], Olivier Coste[1], Adam Hegyi[2], Kálmán Zoltán Váczy[2], Francisco Javier Fernández-Acero[1]

[1] *Laboratorio de Microbiología y Proteómica. Instituto de Investigaciones Vitivinícolas y Agroalimentarias. IVAGRO. Fac. de CC del Mar y Ambientales. Universidad de Cádiz. Puerto Real, Cadiz, Spain*

[2] *Food and Wine Research Institute, Eszterházy Károly Catholic University, Eger H-3300, Hungary*

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: metaproteómica; interacción planta-patógeno; microbiota; podredumbre gris; podredumbre noble; *Botrytis cinerea*; *Vitis vinifera*

Resumen: *Botrytis cinerea* es un hongo patógeno responsable de la podredumbre gris, pero en condiciones específicas induce la podredumbre noble, fenómeno utilizado en la elaboración de vinos dulces como el Tokaji. La caracterización de la microbiota implicada puede dilucidar cómo la comunidad fúngica modula el proceso de infección. Este estudio presenta el primer análisis metaproteómico de la interacción entre *Vitis vinifera* cv. Furmint y la comunidad fúngica asociada, a partir de muestras ambientales procedentes de la región de Tokaj (Hungría). Tres tipos de muestras fueron analizadas: (i) uvas sanas; (ii) uvas con podredumbre noble; y (iii) uvas con podredumbre gris. Los análisis metaproteómicos se realizaron usando LC-MS/MS con los modos de adquisición DDA y DIA. Para la identificación de proteínas se construyó una base de datos personalizada de proteínas de *Vitis vinifera* y fúngicas de UniProt. Primero, se usó una estrategia de reducción secuencial en dos pasos. La base de datos reducida se utilizó para realizar búsquedas de alta fiabilidad en MPA, en el caso de DDA, y en DIA-NN, en el caso de DIA, y generar la lista final de proteínas identificadas. La anotación taxonómica y funcional se realizó con Prophane y OmicsBox, incluyendo análisis de enriquecimiento funcional y un algoritmo propio de sPLS-DA para la identificación de proteínas discriminantes entre fases. El análisis DDA identificó 4.406 grupos proteicos frente a los 31.536 detectados por DIA. A nivel taxonómico, ambos métodos revelaron una dominancia progresiva de Ascomycota con el avance de la infección, con *Botrytis* como género predominante en podredumbre gris y *Aureobasidium* alcanzando su presencia máxima en podredumbre noble. A nivel funcional, el perfil de *Botrytis* mostró una progresión desde actividad metabólica y redox en podredumbre noble hasta catabolismo intensivo e hidrólisis de pared celular en podredumbre gris, con enriquecimiento de proteasas secretadas, hidrolasas y vías de síntesis de fitotoxinas. *Aureobasidium* tuvo su pico de actividad en podredumbre noble, con factores de virulencia y metabolismo activo concentrados en esa etapa. Por otra parte, el proteoma de *Vitis* se mantuvo relativamente estable entre condiciones y sin activación clara ni sostenida de respuestas de defensa frente a *Botrytis*, aunque con una respuesta de estrés puntual en podredumbre noble, lo que podría reflejar una supresión activa de las defensas del huésped. Estos resultados sugieren que la transición entre ambas podredumbres está determinada principalmente por cambios en el proteoma fúngico. Además, desde el punto de vista metodológico, DDA permitió caracterizar mejor las diferencias en el proteoma del huésped entre fases, mientras que DIA ofreció una resolución superior para los microorganismos, resaltando la complementariedad de ambas estrategias en estudios metaproteómicos de sistemas ambientales complejos.

Financiado por Proyecto PID2024-158958OR-C33, MINISTERIO DE CIENCIA, INNOVACIÓN Y UNIVERSIDADES 2024-089 / PN / PE-GENERACIÓN-CONOCIMIENTO / PR y Proyecto FEDER-UCA-2024-A2-14, 2024-095 / PVA / I+D+I FEDER JUNTA ANDALUCÍA.

O.68: La aplicación de ARN de doble cadena (dsRNA) induce cambios transitorios y específicos en las comunidades microbianas del suelo asociadas a plantas de tomate

Angel Valverde[1], Jonatan Niño-Sánchez[2], Lauren García-Chavez[1], Huma Amín[2], José Mariano Igual[1], Julio Javier Diez Casero[2]

[1] *Instituto de Recursos Naturales y Agrobiología de Salamanca (IRNASA-CSIC), Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), Salamanca, España*

[2] *Departamento de Producción Vegetal y Recursos Forestales, Instituto Universitario de Investigación en Gestión Forestal Sostenible (iuFOR), Escuela Técnica Superior de Ingenierías Agrarias, Universidad de Valladolid, Palencia, España*

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: microbioma del suelo; silenciamiento génico inducido por pulverización (SIGS); diversidad microbiana; resiliencia; resistencia; *non-target effects*

Resumen: El silenciamiento génico inducido por pulverización (SIGS, por sus siglas en inglés) es una estrategia emergente de protección de cultivos no transgénica basada en la aplicación de ARN de doble cadena (dsRNA). Sin embargo, sus efectos sobre las comunidades microbianas del suelo no objetivo siguen siendo poco conocidos. Con el fin de contribuir a la evaluación del riesgo ambiental de formulaciones basadas en dsRNA, evaluamos las respuestas de las comunidades bacterianas y fúngicas del suelo frente a tres construcciones diferentes de dsRNA aplicadas mediante pulverización foliar o riego del suelo en microcosmos de suelo con tomate. Utilizando secuenciación de amplicones mediante Illumina del gen bacteriano ARNr 16S y de la región ITS fúngica, evaluamos los cambios en la diversidad alfa y beta microbiana a los 7, 14 y 21 días tras la aplicación de dsRNA. Las comunidades bacterianas mostraron reducciones transitorias en la riqueza y cambios funcionales, pero cambios persistentes en su composición, especialmente en los tratamientos basados en riego, lo que indica una baja resistencia pero una alta resiliencia. En contraste, las comunidades fúngicas mostraron una riqueza y función estables, aunque presentaron cambios composicionales retardados, lo que sugiere una mayor resistencia y una respuesta más lenta a las perturbaciones que las bacterias. En conjunto, nuestros resultados indican que las aplicaciones de SIGS basadas en dsRNA implican un riesgo relativamente bajo a corto plazo para las comunidades microbianas del suelo bajo las condiciones evaluadas.

Financiado por el Ministerio de Ciencia e Innovación y la Unión Europea, a través de los fondos Next Generation (proyecto SUPERA-Líneas Prioritarias n.º PLEC2021-008076). Agradecemos también el apoyo del proyecto “CLU-2019-05 – IRNASA/CSIC Unidad de Excelencia”.

O.70: The role of benzoxazinoids in maize interactions with endophytic and pathogenic fungi

Carlos González-Sanz[1,2], Sandra Díaz-González[1], Bo Wang[1,2], Lucía Gómez-Vilchez[1,2], Víctor Flors[3], Soledad Sacristán[1,2]

[1] *Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas (UPM-INIA/CSIC). Madrid.*

[2] *Dpto. Biotecnología-Biología Vegetal, Escuela Técnica Superior de Ingeniería Agronómica, Alimentaria y de Biosistemas, Universidad Politécnica de Madrid (UPM). Madrid.*

[3] *Plant Immunity and Biochemistry, Departamento de Biología, Bioquímica y Ciencias Naturales, Universitat Jaume I. Castellón.*

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: *Colletotrichum tofieldiae*; *Colletotrichum graminícola*; endophyte; symbiosis; terpenoids

Resumen: Fungal endophytes live inside plant tissues without causing disease. Many of them can confer various benefits to plants, such as growth promotion or protection against biotic and abiotic stresses. However, many endophytes are closely related to plant pathogens and share mechanisms with them for host colonization. The outcome of the fungal-plant interaction depends both on the plant's ability to defend itself or modulate interactions that provide a benefit, and on the fungus's capacity to overcome host defences and establish a relationship, whether beneficial or pathogenic. To ensure the safe and effective use of fungal endophytes in agriculture, it is essential to understand the mechanisms governing their interaction with host plants, including the similarities and differences compared to pathogenic interactions. *Colletotrichum tofieldiae* (Ct) is a beneficial fungal endophyte that promotes maize growth. We have discovered that, in maize plants colonized by Ct, terpenoid-dependent defences are activated, while those associated with benzoxazinoids (Bxs) are down-regulated. The absence of Bxs enhances plant colonization by Ct and boosts its beneficial effect. In this work, we compare the plant response to Ct versus the closely related maize phytopathogenic fungus *Colletotrichum graminicola*, as well as the genetic and functional ability of both fungi to metabolize Bxs, discussing the role of these compounds in determining the type of interaction established with the plant.

Financiado por This research is part of project PID2024-161830OB-I00 (PI S.S.) funded by MCIN/AEI/10.13039/501100011033/ and ERDF/EU. C.G.-S. and L.G.-V. are funded by grants PRE2022-103983 and PREP2024-002496 from MCIN/AEI/10.13039/501100011033 and ESF+. B.W. is funded by a predoctoral grant of the China Scholarship Council. We thank the technical assistance of Sylwia Szygut, funded by grant PEJ-2024-TL_BIO-33107 from the Community of Madrid and ESF+.

O.71: BcFF7-like se asocia con remodelación cromatínica y expresión génica de patogenicidad en *Botrytis cinerea*

Vlad Paul Mihaila Novac[1], Virginia Casado del Castillo[1], Alessandro Gabrielli García[1], Paula Iriondo Ocampo[1], José María García Fernández[1], Jan van Kan[2], Paulo Canessa[3], José María Díaz Mínguez[1], Ernesto Pérez Benito[1]

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

[2] *Laboratory of Phytopathogloy, Wageningen University, Wageningen, The Netherlands.*

[3] *Centro de Biotecnologia Vegetal, Facultad de Ciencias de la Vida, Universidad Andrés Bello, ANID-Iniciativa Científica Milenio, Instituto Milenio de Biología Integrativa iBIO, Santiago, Chile*

Tipo Comunicación: ORAL

Palabras Clave: *Botrytis cinerea*; BcFF7-like; remodelación de la cromatina; regulación transcripcional; virulencia; respuesta a la luz

Resumen: *Botrytis cinerea* es un hongo fitopatógeno necrótrofo responsable de la podredumbre gris en una amplia variedad de cultivos de importancia económica. La colonización del hospedador requiere una regulación coordinada de los procesos de desarrollo, del metabolismo secundario y de las respuestas a las condiciones ambientales. Por ello, la identificación de los mecanismos reguladores que controlan estos procesos resulta esencial para comprender la patogenicidad fúngica. Previamente identificamos *Bcin04g03490*, un gen que codifica una proteína reguladora conservada de tipo FF7-like relacionada con la familia $Zn(II)_2Cys_6$, descrita originalmente en *Neurospora crassa*. Los mutantes *ΔBcFF7-like* son incapaces de infectar tejidos vegetales, esporular o formar esclerocios, presentan respuestas alteradas a la luz y muestran importantes alteraciones en el metabolismo secundario. Los análisis de RNA-seq revelaron una amplia reprogramación transcripcional que afecta a numerosos factores de transcripción y a muchos genes previamente descritos como regulados por la luz. Para investigar la base reguladora de estas alteraciones, realizamos análisis ATAC-seq comparando la cepa silvestre cultivada en fotoperiodo y oscuridad con un mutante *ΔBcFF7-like* cultivado en fotoperiodo. Los perfiles de accesibilidad genómica mostraron el enriquecimiento característico de cromatina abierta alrededor de los sitios de inicio de la transcripción en todas las condiciones analizadas, indicando que la pérdida de BcFF7-like no provoca una alteración global de la organización cromatínica. Sin embargo, el mutante presentó una reducción sustancial en el número de regiones accesibles y de genes asociados a accesibilidad cromatínica respecto a la cepa silvestre. Los análisis comparativos revelaron que la deleción de BcFF7-like induce una reorganización del paisaje de accesibilidad cromatínica más intensa que la provocada por la transición de luz a oscuridad. La mayoría de las diferencias se localizaron en regiones promotoras y otras regiones reguladoras putativas, sugiriendo que BcFF7-like participa en el establecimiento o mantenimiento de estados cromatínicos necesarios para respuestas transcripcionales coordinadas. En conjunto, los datos fenotípicos, transcriptómicos y de accesibilidad cromatínica identifican a BcFF7-like como un regulador global de procesos asociados con la virulencia, el desarrollo y las respuestas ambientales en *B. cinerea*. El mayor impacto de la mutación *ΔBcFF7-like* en comparación con la ausencia de luz sugiere además que su función reguladora se extiende más allá de la red canónica de respuesta a la luz. Los análisis integrativos actualmente en curso pretenden determinar si BcFF7-like actúa mediante la regulación de factores de transcripción situados aguas abajo, mediante efectos directos sobre la accesibilidad cromatínica o mediante una combinación de ambos mecanismos.

Financiado por Proyectos PID2019-110605RB-100 y PID2022-139876NB-I00 (MCIN/AEI/ 10.13039/501100011033). VPMN es beneficiario de una beca FPI (proyecto PID2022-139876NB-I00). PIO es beneficiaria de una beca como investigadora predoctoral de la Junta de Castilla y León (Convocatoria 2023). AGG es beneficiario de una beca como investigador predoctoral de la Junta de Castilla y León (Convocatoria 2022).

Comunicaciones póster

133 comunicaciones póster - P.01–P.136

Área: Detección y Diagnóstico

P.01: Hiperdiversidad del genoma mitocondrial de *Longidorus* spp. (Nematoda) y sus implicaciones en la identificación de especies

Ana García-Velázquez, Antonio Archidona-Yuste, Carolina Cantalapiedra Navarrete, Carlos Aranda-Porras, Carlos Casanova-Muñoz, Pablo Castillo Castillo, Juan Emilio Palomares-Rius

Instituto de Agricultura Sostenible-CSIC

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: vectores de virus; complejos de especies; nematodos fitoparásitos; barcoding; patógenos de suelo

Resumen: El género *Longidorus* comprende alrededor de 194 especies. Además de causar daño directo parasitando las raíces de las plantas, algunas especies actúan como vectores de nepovirus que afectan a numerosos cultivos. Al menos seis especies de este género pueden actuar como transmisores de nepovirus, entre ellos el virus de las manchas negras del tomate (*Tomato black ring virus*, TBRV), el virus de las manchas anulares de la frambuesa (*Raspberry ringspot virus*, RRSV), el virus del mosaico en roseta del melocotonero (*Peach rosette mosaic virus*, PRMV), el virus latente italiano de la alcachofa (*Artichoke Italian latent virus*, AILV), y el virus de la roseta de la cereza (*Cherry rosette virus*, CRV). La identificación inequívoca de estas especies se ve dificultada por la gran similitud de caracteres morfológicos diagnósticos, la variabilidad intraespecífica, la necesidad de análisis morfológicos muy detallados (anfidio, anillo guía, odontostilo, cola), su baja densidad en el suelo, presencia única de juveniles y con frecuencia mezcla de varias especies en la misma muestra. En consecuencia, se han incorporado técnicas de identificación molecular, siendo los marcadores más utilizados los ribosómicos (región D2-D3 del gen 28S ARNr y el Espaciador Transcrito Interno 1 (ITS-1)) y mitocondriales (principalmente el gen citocromo c oxidasa subunidad I (COI)). Sin embargo, en este género, algunas especies presentan una elevada variación del gen COI y muy baja de los genes ribosómicos entre poblaciones, lo que dificulta su identificación mediante el gen COI. En este trabajo se han secuenciado y analizado varios genomas mitocondriales de poblaciones de *L. intermedius* con genomas mitocondriales hiperdiversos. Asimismo, se ha evaluado la concordancia entre la diversidad de los marcadores mitocondriales (COI) con la de los marcadores ribosómicos (región D2-D3 del gen 28S ARNr e ITS1) en diversas poblaciones de varias especies de este género que presentan está discordancia entre ambos marcadores. Los resultados demuestran que en *Longidorus* es necesaria la combinación de ambos tipos de marcadores moleculares para una identificación inequívoca de especies.

Financiado por Este trabajo es parte del proyecto de I+D+i PID2022-140592OB-I00, financiado por MICIU/AEI/10.13039/501100011033/ y FEDER/UE.

P.02: Evaluación de la eficacia de fungicidas químicos, biológicos y de origen vegetal frente a comunidades fúngicas que afectan a la germinación de semillas de pino

Laura Hernández Escribano[1], Rosa Raposo[1], Nieves Herrero Sierra[2], Rubén Mondelo Falcón[2], Cruz Anegón Esteban[2], Ricardo Alía[1], Felipe Pérez Martín[2], Carmen Romeralo Tapia[1]

[1] *Instituto de Ciencias Forestales (ICIFOR-INIA-CSIC), Madrid*

[2] *Área de Recursos Genéticos Forestales, Subdirección General de Política Forestal y Lucha contra la Desertificación, Dirección General de Biodiversidad, Bosques y Desertificación, Ministerio para la Transición Ecológica y el Reto Demográfico*

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: hongos asociados a semillas; germinación de pinos; evaluación de fungicidas

Resumen: La producción de plantas en viveros forestales es fundamental para los programas de conservación y reforestación. Sin embargo, la presencia de hongos patógenos puede afectar a la viabilidad de las semillas y a las tasas de germinación, comprometiendo la producción vegetal. En este estudio se evaluaron varios lotes de semillas de distintas especies de pino (*Pinus sylvestris*, *P. nigra* y *P. uncinata*) procedentes de huertos semilleros del Centro Nacional de Recursos Genéticos Forestales de Valsaín, los cuales han mostrado una disminución en las tasas de germinación en los últimos años. El estudio tuvo tres objetivos principales: (1) analizar las comunidades fúngicas asociadas a estas semillas e identificar especies potencialmente patógenas que afecten a la germinación; (2) evaluar el efecto de diversos fungicidas químicos, biológicos y de origen vegetal sobre el crecimiento *in vitro* y la germinación de esporas de las especies fúngicas más abundantes; y (3) evaluar el efecto de los fungicidas más eficaces sobre la germinación *in vitro* de semillas de *Pinus* spp. tratadas. Los resultados revelaron la presencia de *Sydowia polyspora*, *Microsphaeropsis olivacea* y *Alternaria alternata* como las especies más frecuentes. Asimismo, se evaluó la eficacia de siete fungicidas (incluyendo tebuconazol, oxicloruro de cobre, extractos de tomillo, eucalipto y menta, y *Trichoderma* spp.) en tres concentraciones diferentes. Los resultados mostraron que los fungicidas basados en tebuconazol, el extracto de tomillo y *Trichoderma harzianum* fueron los más eficaces para reducir el crecimiento fúngico e inhibir parcialmente la germinación de esporas, ofreciendo alternativas sostenibles para el control de estos patógenos.

Financiado por TC-MITECO2023-AF 20234TE003. Conservación y uso sostenible de los recursos genéticos forestales.

P.03: Nuevas aportaciones a la identificación del agente causal de las podredumbres penicílicas de los cítricos

Juan Antonio Martínez López

Universidad Politécnica de Cartagena, Murcia

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: *Penicillium ulaiense*; *P. digitatum*; *P. italicum*; microbiota cítrica; patología poscosecha; pérdidas por podredumbres

Resumen: Las podredumbres penicílicas de los frutos cítricos son las más importantes en cuanto a incidencia y pérdidas que ocasionan durante la comercialización de estos frutos. Están ocasionadas por *Penicillium digitatum* (responsable de la podredumbre verde) y *P. italicum* (agente causal de la podredumbre azul). Sin embargo, en el sudeste español, estamos identificando frecuentemente a *P. ulaiense* desarrollado sobre frutos de limón. Esta especie ya se estaba citando con anterioridad como agente causal de podredumbre, desde la década de 1980, especialmente en Asia. En España se constató por primera vez parasitando frutos de naranja en 2019 y posteriormente sobre limones. En la actualidad ya se ha detectado a lo largo de todas las áreas citrícolas en el mundo. Se describe como una especie oportunista y muy poco agresiva, por lo que no causa grandes daños. Estamos comprobando que se asocia con *P. italicum* y aparece sobre limones con frecuencia como una podredumbre secundaria. En los almacenes citrícolas pasa desapercibida debido a su similitud con *P. italicum* y al desconocimiento generalizado sobre este patógeno. Las diferencias mínimas entre las dos especies quedan de manifiesto por la presencia de sinemas o coremios en *P. ulaiense*. Creemos que el devenir de la podredumbre penicílica de los cítricos, depende básicamente de la especie cítrica y de las condiciones de almacenamiento, puesto que parece ser que las tres especies de *Penicillium* siempre comparten el mismo nicho ecológico en la comunidad microbiana de la superficie de los frutos cítricos. *P. ulaiense* está siendo observado en frutos de limón podridos primeramente por *P. italicum* o por *P. digitatum*. La podredumbre natural de un agrio por una especie penicílica dependerá básicamente de la especie cítrica, de la composición de la comunidad microbiana de los frutos en general y penicílica en particular y de las condiciones de almacenamiento. Por todo ello, creemos que *P. ulaiense* juega un papel importante en la evolución de estas podredumbres cuyo papel debe ser estudiado con una mayor profundidad, tanto a nivel ecológico como parasitario.

P.04: Podredumbres de la senescencia del brócoli

Juan Antonio Martínez López, Elena Sánchez López

Universidad Politécnica de Cartagena, Murcia

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: *Alternaria brassicicola*; *A. alternata*; almacenamiento; *Fusarium*; alternariosis; *Botrytis*; comensalismo

Resumen: El brócoli es una hortaliza cuyo mercado ha sido revalorizado en los últimos años debido a sus grandes propiedades nutritivas y beneficios para la salud que aportan sus componentes bioactivos. Esta hortaliza es fuente de vitaminas, minerales, fibra y compuestos antioxidantes, además de compuestos bioactivos especiales, la luteína, la zeaxantina y compuestos sulforafanos, que presentan beneficios múltiples sobre el organismo, destacando sus propiedades anticancerígenas en general. Sin embargo, su almacenamiento no es sencillo, ya que se trata de un producto altamente perecedero, por lo que entra en senescencia rápidamente dependiendo de la temperatura y humedad relativa ambiental. Los síntomas de la senescencia se visualizan básicamente por la deshidratación, el amarillamiento y las podredumbres. Admite temperaturas de conservación tan bajas como 0°C porque no es sensible a los daños por frío y en estas condiciones puede presentar una supervivencia comercial de entre 10 a 14 días, período que se ve drásticamente reducido conforme aumenta la temperatura. Se trata de una hortaliza que refleja claramente el deterioro directamente proporcional a la temperatura. Las temperaturas suaves de almacenamiento y humedades relativas elevadas para prevenir la deshidratación pueden desembocar, a los pocos días, en un amarillamiento de los floretes acompañado de hongos. En este trabajo identificamos las principales podredumbres del escapo floral, destacando la podredumbre por *Alternaria* que asociamos básicamente a la especie *A. alternata*. Este deterioro ocasionado por hongos es producto de la proliferación parasitaria y comensal de ciertos hongos sobre la superficie de la pella. Otro apunte importante es que *A. alternata* prolifera sobre la superficie de las pellas básicamente como comensal, invadiendo mínimamente los tejidos vegetales y se desarrolla acompañado de especies de *Fusarium*, sintomatología fácilmente achacada a *Botrytis* en las centrales hortofrutícolas debido al especto del micelio lanoso y grisáceo. Estamos comprobando que esta misma especie es la principal responsable de la alternariosis en los escapos, enfermedad achacada a *A. brassicicola*, agente causal de esta enfermedad de acuerdo con la bibliografía, que se manifiesta en las hojas causando unas manchas punteadas con líneas concéntricas y ennegrecidas rodeadas de un halo amarillo.

P.05: Protocol for the evaluation of emergency authorisations of fungicides and bactericides submitted under Article 53 of Regulation (EC) No 1107/2009

Ana María Sánchez Ruiz[1], Evangelos Karanasios[2], José Luis Alonso-Prados[1], Belén Guijarro Díaz-Otero[1], Antonieta de Cal y Cortina[1], María Inmaculada Larena Nistal[1], María Villarino Pérez[1], Niels Matzen[3], Franz Streissl[4]

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

[2] *Benaki Phytopathological Institute, Atenas*

[3] *Aarhus University, Aaurhus*

[4] *European Food Safety Authority (EFSA), Parma*

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: Protocol; EFSA; fungicides; emergency authorisations; Article 53; alternative control methods

Resumen: Emergency authorisations under Article 53 of Regulation (EU) 1107/2009 allow Member States to grant the temporary use of pesticides for a maximum of 120 days when an urgent plant health threat cannot be controlled by other reasonable means. In this context, a harmonised protocol has been developed to support the assessment of emergency authorisation requests for fungicides and bactericides, with the aim of improving consistency, transparency, and efficiency in decision-making while supporting the objectives of EU sustainability and biodiversity in agriculture policies. The protocol proposes a structured evaluation process based on decision flowcharts that guide competent authorities through the main elements required to assess whether an emergency authorisation is justified. These elements include the definition and status of the target pathogen, the approval and hazard/risk profile of the plant protection product under evaluation, and the availability and sustainability of existing control options. A key component of the methodology is the assessment of alternative control methods. Chemical and non-chemical options are evaluated in terms of their effectiveness, feasibility and any prerequisites needed for successful implementation. Because these parameters are strongly influenced by local agro-environmental and socio-economic conditions, the eligibility of alternatives is assessed at the Member State level. Only methods showing high and consistent effectiveness together with broad feasibility are considered suitable substitutes. The protocol also considers situations in which emergency authorisations may be justified for resistance management. Emergency authorisations are only granted when no viable alternatives exist, or when existing solutions are unsatisfactory. For repeated emergency authorisations, the protocol requires structured, time-bound action plans demonstrating progress towards long-term solutions. It also recommends that authorisation decisions define clear spatial, temporal and use-related restrictions. Additional conditions may include the implementation of complementary non-chemical measures or the submission of post-authorisation monitoring data. Overall, the implementation of this protocol is expected to strengthen the capacity of competent authorities to respond to agricultural emergencies effectively and advance sustainable practices.

Financiado por This work has been financed by EFSA in the framework of project GP/EFSA/PLANTS/2023/02: 'Support to urgent authorisations on Plant Health and Pesticides'. *The rest of authors can be found at: https://doi.org/10.2903/sp.efsa.2026.EN-9992.

P.06: Identificación de razas de *Fusarium oxysporum* f. sp. *lactucae* en el sureste de España

Maria del Mar Guerrero Díaz[1], Carmen María Lacasa Martínez[1], Sandra Alcázar Carrasco[1], Ana Veronica Martínez Izquierdo[1], Angel Campillo Pastor[1], Mónica Berbegal[2], Maela León[2], Josep Armengol Fortí[2]

[1] *IMIDA Murcia*

[2] *Instituto Agroforestal Mediterráneo VALENCIA*

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: *Fusarium oxysporum* f.sp. *lactucae*; Fusariosis vascular; *Lactuca sativa*; lechuga; patogenicidad; Secreted in Xylem Genes.

Resumen: La Fusariosis vascular de la lechuga, causada por *Fusarium oxysporum* f. sp. *lactucae* (*Fol*), es actualmente una de las enfermedades más importantes que afecta a la producción de lechuga en España. Entre 2021 y 2025, se realizaron prospecciones en campos comerciales de este cultivo en las provincias de Albacete, Almería, Granada y Murcia, que mostraban síntomas de marchitez y muerte de plantas. Se recogieron un total de 105 aislados de *F. oxysporum*, que fueron caracterizados integrando el estudio de sus características morfológicas, pruebas de patogenicidad y técnicas moleculares, incluyendo PCR específica para la identificación de las razas de *Fol* y detección de genes *SIX* (*Secreted in Xylem*). Nueve aislados fueron identificados como *Fol* raza 4, procedentes de Albacete (n = 8) y Murcia (n = 1). Un aislado de Albacete se identificó como raza 4+, mientras que los 95 aislados restantes se identificaron como pertenecientes a la raza 1, distribuidos en las provincias de Albacete (n = 1), Almería (n = 8), Granada (n = 1) y Murcia (n = 85). La inoculación de una selección representativa de estos aislados en el cultivar susceptible de lechuga 'Metalia' confirmó su patogenicidad. Estos resultados indican que la raza 1 de *Fol* es la más frecuente en el sureste de España. Además, la presencia de la raza 4 en Albacete y Murcia representa una amenaza emergente para la industria de producción de lechuga. Finalmente, la identificación de un aislado de la raza 4+ en Albacete constituye la primera cita de la presencia de esta raza en España.

Financiado por Ministerio de Ciencia Innovación y Universidades/Agencia Estatal de Investigación, proyectos PID2021-123594OR-C22 (MCIN/AEI/10.13039750110001103 3/FEDER, UE) y PID2024-158958OR-C32 (MICIU/AEI/10.13039/501100011033/FEDER, UE).

P.07: Detección de ´*Candidatus* Phytoplasma solani` (16Sr XII-A) en berries en el norte de España

Yamila Martínez-Zubiaur, Yeifer Erley Mejía Jurado, Héctor Villanueva Manso, Isabel Gutiérrez, Manuel Montalvillo, Elena Dávila, Ricardo A. Toledo-Hernández, Douglas Rodríguez Martínez

Laboratorio de Sanidad Vegetal, Planasa Viveros SLU, Valladolid, España

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: *Candidatus* Phytoplasma solani; fresa; frambuesa; Fitoplasma; diagnóstico

Resumen: La especie ´*Candidatus* Phytoplasma solani` (16Sr XII-A), conocido comúnmente como stolbur phytoplasma fue descrita inicialmente en solanáceas, cuenta con una amplia gama de hospedantes y se encuentra distribuida en Europa. Con el objetivo de monitorear la presencia de fitoplasmas y evaluar las mejores alternativas para su detección en un sistema de certificación fitosanitario interno de Planasa, se colectaron muestras con y sin síntomas en parcelas de fresa y frambuesa, durante las campañas 20024-25 y 2025-26 en zonas de Valladolid, Segovia, Zamora, Navarra y Huesca. Todas las muestras colectadas se llevaron al Laboratorio de Sanidad Vegetal de Planasa, donde se realizó extracción de ADN mediante el método de CTAB. Posteriormente se realizó qPCR con los cebadores Phyto-F/Phyto-R y la sonda Phyto-P universales para fitoplasmas. Se analizaron un total de 25 muestras de fresa con síntomas típicos y 351 muestra sin síntomas, para frambuesa se analizaron 6 plantas con síntomas y 134 sin síntomas. Del total de muestras analizadas en fresa 13.6% fueron positivas (92% con síntomas y 16% sin síntomas). En frambuesa 22.8% del total de muestras fueron positivas (100% con síntomas y 19.4% sin síntomas). Se seleccionaron muestras de ambos cultivos que fueron confirmadas por Nested-PCR con iniciadores P1/P7 y R16F2n/R16R2. Todos los fragmentos amplificados fueron secuenciados, obteniéndose más del 99.75 % de identidad con secuencias de 16Sr de ´*Ca*. P. solani`. Estos resultados indican que hasta el momento esta es la especie de fitoplasma presente en las áreas muestreadas y concuerda con la detección de los vectores *Hyalesthes obsoletus*, *Neoaliturus fenestratus*, *Macrosteles quadripunctulatus*, *Empoasca* spp., *Reptalus* spp., y *Anaceratagallia ribauti* durante los monitoreos de vigilancia fitosanitaria en las áreas infectadas. La detección de fitoplasmas en plantas asintomáticas de fresa y frambuesa y la confirmación mediante análisis de secuencia indican la importancia de los procesos de muestreos y certificación durante la propagación de material vegetal en viveros.

Financiado por Planasa Vivero S.L.U.

P.08: Identificación del complejo de especies de *Agrobacterium* spp. en plantas de frambueso

Douglas Rodríguez Martínez[1], Miguel Matías[2], Ricardo A. Toledo-Hernández[1], Rafael Vázquez[1], Héctor Villanueva Manso[1], Yeifer Erley Mejía Jurado[1], Yamila Martínez-Zubiaur[1]

[1] *Departamento de Sanidad Vegetal, Planasa Viveros S.L.U. Carballeda 20 Bajo B CP 47008, Valladolid, España.*

[2] *Escuela Técnica Superior de Ingeniería Agronómica y Biociencias, Universidad Pública de Navarra., Pamplona, Navarra.*

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: certificación fitosanitaria; material de propagación; diagnóstico; PCR; plásmido-Ti; diversidad

Resumen: El género *Agrobacterium* habita el suelo y la rizosfera, interactuando con las plantas mediante plásmidos [Ti (tumor-inducing) y Ri (root-inducing)], que inducen la formación de tumores o raíces anormales. El frambueso (*Rubus idaeus* L.) desarrolla agallas en raíces, corona y cañas, siendo un reto para la producción de material vegetal en viveros. La certificación fitosanitaria del material durante la propagación (CFMP) es imprescindible, y a la vez constituye un desafío debido a la diversidad genética de la bacteria y el plásmido-Ti. Con el objetivo de optimizar la detección del complejo *Agrobacterium*+Ti en el sistema de CFMP interno de Planasa, nos propusimos conocer su diversidad en frambueso. De forma preliminar, 40 muestras con agallas típicas procedentes de diferentes regiones de España fueron analizadas en el Laboratorio de Sanidad Vegetal. A partir de tejido previamente desinfectado se extrajo ADN. Se realizó PCR-multiplex con los cebadores tms2F1 (5´-GTAAGAAGCGAACGCAGGGAACT-3´) y B1Rr (5´-GACAATGACTGTTCTACGCGTAA-3´), B2Rr (5´-TCCGATACCTCCAGGGCCCCTCACA-3´), AvRr (5´-AACTAACTCAATCGCGCTATTAAC-3´), y ArRr (5´-AAAACAGCCACTACGACTGTCTT-3´), que permiten diferenciar los biovares 1 y 2 de *A. tumefaciens*, *A. vitis* y *A. rubi*. La identificación de las cepas virulentas se realizó mediante PCR-semianidada con los cebadores tms2B (5´-TTTCAGCTGCTAGGGCCACATCAG-3´) / tms1 (5´-TCGCCATGGAAACGCCGGAGTAGG-3´) y tms2B / tms2R2 (5´-GGAGCACTGCCGGGTGCCTCGGGA-3´); y tres PCR independientes con las combinaciones virD2-r1 (5´-ATGCCCGATCGAGCTCAAGT-3´) / A-virD2-r1 (5´-GGCGTCGTAATTCAGTTGGG-3´); VCF (5´-ATCATTTGTAGCGACT-3´) / VCR (5´-AGCTCAAACCTGCTTC-3´) e ipt-F (5´-GATCGCGTCCAATGCTGT-3´) / ipt-R (5´-GATATCCATCGATCCCTT-3´). Se obtuvo la secuenciación parcial del gen Ti-VirC de 14 amplicones. En la PCR-multiplex 23 muestras amplificaron para biovar-1 y dos de ellas también lo hicieron para biovar-2, indicando posible infección mixta entre biovares. Sólo cuatro muestras amplificaron para *A. rubi*; de ellas, dos amplificaron para biovar-1 y las otras dos para biovar-1 y biovar-2, indicando posibles mezclas de especies. Ninguna de las muestras amplificó para *A. vitis*. En la PCR-semianidada amplificaron 26 muestras para las diferentes combinaciones utilizadas, evidenciándose amplia diversidad, dada la existencia de cepas avirulentas (bacteria sin plásmido), presencia de regiones del plásmido en ausencia de la bacteria y la combinación bacteria+Ti. La secuenciación confirmó la presencia de cepas virulentas con identidades entre 99 y 100% respecto a secuencias disponibles en GenBank. Los resultados mostraron que el biovar-1 es el más distribuido y la diversidad de esta bacteria y Ti, muestran la necesidad de utilizar varias combinaciones de cebadores para un diagnóstico confiable. Estos resultados sentaron las bases para el establecimiento del programa de CFMP de material libre de *Agrobacterium* spp., aunque se amplía el estudio a mayor número de muestras. Se informa la secuencia de los cebadores utilizados porque en el caso de *Agrobacterium* spp. el nombre de los cebadores varía según la fuente.

Financiado por Planasa Viveros S.L.U.

P.09: Primera cita en España de la presencia de *Coniella fragariae* como causante de la mancha foliar en la fresa (*Fragaria x ananassa*)

Manuel Avilés Guerrero[1,2], Javier Ordóñez[1], Ana María Pastrana[2], Celia Borrero Vega[1]

[1] *Departamento de Agronomía, ETSIA - Universidad de Sevilla, Ctra. Utrera Km 1, 41013, Sevilla, Spain*

[2] *University of California Cooperative Extension Imperial County, 1050 Holton Rd., Holtville, CA, 92250, USA*

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: fresa; mancha foliar; chancro peciolos; viveros de altura; *Coniella fragariae*

Resumen: En 2024, se observó una sintomatología algo distinta en plantas de fresa en viveros de la provincia de Segovia (España). Las lesiones en el limbo eran de color marrón rojizo con halos amarillentos en la interfaz entre el tejido sano y el enfermo, que posteriormente se necrosaban. También se observaron lesiones de color marrón oscuro con bordes definidos en los pecíolos. Se cortaron secciones de tejido, se procedió a su limpieza y siembra en PDA con 10 mg/L de estreptomicina. Tras la incubación se obtuvo 8 aislamientos (Di 3 a Di 10). Las colonias presentaban márgenes en forma de pétalo. Las hifas eran inicialmente hialinas, desarrollando posteriormente una coloración anaranjada en el centro de la colonia, y se observaron conidiomas negros posteriormente. Las conidias unicelulares eran de color marrón, elipsoidales con ápices ligeramente mucronados y bases estrechamente truncadas, y presentaban paredes lisas. Estos rasgos morfológicos concuerdan con los de *Coniella* sp. Se extrajo ADN genómico de las 8 cepas. Se amplificaron la región del espaciador transcrito interno (ITS), el factor de elongación de la traducción 1-alfa (TEF1) y el ribosómico de la subunidad grande ARN (LSU). Las alineaciones de secuencias mostraron que todas los aislamientos eran idénticos en los tres loci analizados. Se depositaron en GenBank secuencias representativas de las cepas Di6 y Di10. Los análisis BLASTn revelaron que las secuencias ITS (PX663172, PX663173), TEF1 (PX666006, PX666007) y LSU (PX663628, PX663629) compartían la mayor similitud con *Coniella fragariae*, mostrando una identidad del 100 % con la cepa CBS 198.18 de *C. fragariae* para el ITS y una identidad del 99 % y del 100 % con la cepa CBS 167.84 para TEF1 y LSU, respectivamente. La prueba de patogenicidad se llevó a cabo utilizando los aislados Di6 y Di10. La inoculación con cada aislado se realizó pulverizando una suspensión de conidios (5 x 10^4 conidios/ml) sobre 5 plantas de 'Rociera FNM'. Las plantas de control se pulverizaron con agua estéril. El ensayo se llevó a cabo dos veces. Seis días después de la inoculación, aparecieron en las plantas inoculadas síntomas idénticos a los observados inicialmente. Ambos aislados mostraron una agresividad comparable. El hongo reaislado de las lesiones presentaba la misma morfología y secuencias que las cepas inoculadas, cumpliendo así los postulados de Koch. En Suiza, *C. fragariae* se ha aislado anteriormente de la corona y los pecíolos de plantas de fresa aparentemente sanas (Rigotti et al., 2003) y de coronas enfermas en Gran Bretaña (Jones y Baker, 2007). Según nuestro conocimiento, este constituye el primer informe de *C. fragariae* como causante de enfermedad en la fresa en España. La vigilancia de este patógeno es imprescindible, dado el riesgo de propagación a través de plantas asintomáticas procedentes de viveros. Jones, D.R. and Baker, R.H.A. 2007. Pl. Pathol. 56: 891. Rigotti, S., et al. 2003. Phytopathol. Mediterranea 42: 85.

Financiado por Proyecto PID2024-156850OB-I00 financiado/a por MICIU/AEI/ 10.13039/501100011033 y por "FEDER/UE".

P.10: Zygocactus virus X y Pitaya virus X: nuevas virosis que infectan cultivos de pitahaya

Leticia Ruiz García, Israel Guerrero-Cózar, Carmen García, Dirk Janssen

IFAPA, La Mojonera, Almería

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: *Potexvirus*; secuenciación masiva; PiVX; ZyVX; Cactaceae; *Hylocereus* sp

Resumen: En junio de 2024 se observaron síntomas de mosaico, moteado y decoloración en cladodios de seis variedades de pitahaya o fruta del dragón (Purple Haze, Dark Star, Guatemalense, Roja, Amarilla e Isis Golden) cultivadas en un invernadero del municipio de La Mojonera (Almería). A partir de muestras sintomáticas se realizaron extracciones de pequeños RNAs, que fueron analizadas mediante secuenciación masiva de alto rendimiento (HTS) en Sistemas Genómicos (Paterna, España). Las lecturas limpias y filtradas obtenidas se alinearon con los genomas de cinco especies de *Potexvirus*: cactus virus X (CVX), pitaya virus X (PiVX), zygocactus virus X (ZyVX), opuntia virus X (OpVX) y schlumbergera virus X (SchVX). Los mayores porcentajes de alineamiento correspondieron a PiVX (27,28 %), ZyVX (18,59 %) y CVX (14,66 %), con coberturas genómicas del 99,9 %, 99 % y 98,8 %, respectivamente. La presencia de estos tres potexvirus fue confirmada mediante RT-PCR utilizando cebadores específicos diseñados a partir de una región del gen de la proteína de la cápsida (CP). Los amplicones obtenidos para PiVX y ZyVX (678 y 690 nt, respectivamente) fueron posteriormente secuenciados. El análisis de la secuencia de 678 nt de PiVX (GenBank PX655241) mostró un 98 % de identidad con el gen CP de aislados procedentes de Brasil (OR941748) y China (OM802132), ambos obtenidos de *Hylocereus* sp. Por su parte, los amplicones de ZyVX (GenBank PX655240) compartieron entre un 96 % y un 97 % de identidad con el gen CP de aislados de pitahaya procedentes de Brasil (OR941758) y Taiwán (KM288843). Para confirmar la presencia de PiVX, ZyVX y CVX, así como la ausencia de OpVX y SchVX en el invernadero original, se recolectaron 15 muestras adicionales de plantas de pitahaya con síntomas de mosaico, moteado o decoloración. Estas muestras fueron analizadas mediante RT-PCR, revelando que todas resultaron positivas para uno o varios de estos virus, tanto en infecciones simples como mixtas. La presencia de estos virus también fue confirmada en invernaderos de las provincias de Alicante y Murcia. La presencia de CVX ya había sido previamente descrita en España por nuestro grupo. Sin embargo, la detección de PiVX y ZyVX mediante HTS y su posterior confirmación por RT-PCR constituyen la primera detección de ambos potexvirus en *H. undatus* en España. Estos resultados ponen de manifiesto la necesidad de incorporar el diagnóstico de estos patógenos en los programas de certificación y control sanitario del material de propagación de pitahaya.

Financiado por AVA23.INV2023.025.

P.11: Caracterización morfológica de aislados de tres clados de *Neopestalotiopsis* encontrados en España en fresales

Celia Borrero Vega[1,2], Patricia López[2], Ana María Pastrana[3], Manuel Avilés Guerrero[2]

[1] *Departamento de Agronomía, Escuela Técnica Superior de Ingeniería Agronómica, Universidad de Sevilla*

[2] *Departamento de Agronomía, ETSIA - Universidad de Sevilla, Sevilla*

[3] *University of California Cooperative Extension Imperial County, Holtville, CA*

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: *Neopestalotiopsis rosae*; *Neopestalotiopsis iranensis*; *Neopestalotiopsis* sp.; conidia; colonia

Resumen: *Neopestalotiopsis* spp. son patógenos emergentes en España responsables de la mancha foliar y la podredumbre de raíz y corona en la fresa. Se detectó por primera vez en Huelva en 2016 *Neopestalotiopsis clavispora*, que posteriormente se reclasificó a *Neopestalotiopsis rosae*. La incidencia y agresividad han escalado drásticamente desde la campaña 2021-2022. Tras un estudio filogenético de 150 aislados españoles de fresa (Huelva y viveros de altura) se encontraron tres clados filogenéticamente distintos: *N. rosae* (Clado I), *Neopestalotiopsis* sp. (Clado II) y *Neopestalotiopsis iranensis* (Clado III). En otras zonas productoras del mundo también se han encontrado aislados de estos clados, entre otros, asociados a esta enfermedad en los últimos años. El objetivo de este estudio fue caracterizar morfológicamente representantes de los tres clados para confirmar la identificación molecular de las especies. Para ello se seleccionaron seis aislados representativos (dos de cada clado), se cultivaron en PDA al 20% a 25ºC bajo luz natural para aobservar el crecimiento en placa. Para inducir la formación de conidiomas, se empleó agar sintético pobre en nutrientes (PNA) con acículas de pino esterilizadas. Se realizaron 30 mediciones microscópicas de las estructuras conidiales de cada aislado utilizando un microscopio Leica DM500. Los resultados mostraron que todas las colonias eran blancas y algodonosas en la superficie, pero el reverso variaba de blanco o amarillo pálido en *Neopestalotiopsis* sp. y *N. iranensis*, a naranja en *N. rosae*. Las conidias eran fusiformes, de cinco células y versicoloras, con un apéndice basal y múltiples apicales. *N. iranensis* presentó diferencias significativas, con esporas más anchas y largas, y apéndices apicales notablemente más extensos (media de 45.5 µm) que las otras dos especies. Además, *N. iranensis* presentó normalmente cuatro apéndices apicales, frente a los tres habituales en *N. rosae* y *Neopestalotiopsis* sp. Estas descripciones morfológicas son consistentes con la identificación molecular y también con la morfología descrita en trabajos anteriores. Por tanto, se confirma la existencia de estos tres grupos taxonómicos en España. La diferenciación morfológica de estos clados permite facilitar el diagnóstico acompañado de técnicas moleculares. La variabilidad patogénica de estos grupos hace necesario el desarrollo de diagnósticos precisos.

Financiado por Proyecto PID2024-156850OB-I00 financiado/a por MICIU/AEI/ 10.13039/501100011033 y por ”FEDER/UE”.

P.12: Evaluación del potencial bioestimulante de hongos en la germinación y vigor inicial de diferentes especies vegetales

Victoria María Huertas Navarro[1,2], Melanie D. Gómez-Herrera[3], Carmen Palazón Alba[4], Milagrosa Santos[2], Fernando Diánez Martínez[2]

[1] *Universidad de Almería*

[2] *Departamento de Agronomía, Escuela Superior de Ingeniería, Universidad de Almería*

[3] *Laboratorio de Fitopatología, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional del Nordeste, Argentina. Sargento J.B. Cabral 2131, Corrientes, Argentina.*

[4] *Departamento de Tecnología del Medio Ambiente. Instituto Universitario de Investigación Marina (INMAR). Puerto Real (Cádiz)*

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: Semillas; Bioestimulantes; *Trichoderma*; Hongos septados oscuros (DSE)

Resumen: La germinación y el vigor temprano de las plántulas son etapas críticas para el establecimiento del cultivo y pueden condicionar el rendimiento final. En este contexto, los hongos asociados a plantas representan una fuente prometedora de bioestimulantes, debido a su capacidad para modular el crecimiento vegetal mediante mecanismos como la producción de metabolitos bioactivos, la mejora de la absorción de nutrientes y la interacción con la espermosfera durante las primeras fases del desarrollo. En este trabajo se evaluó el efecto de diferentes tratamientos fúngicos sobre la germinación y el crecimiento inicial de cinco especies vegetales: melón, trigo, lechuga, tomate y berenjena. Para ello, las semillas fueron inoculadas con distintos hongos y se determinaron parámetros morfométricos asociados al vigor de plántula, principalmente la longitud de raíz y de hipocótilo. A partir de estos datos se calculó un índice de vigor basado en la suma de ambas variables. Los resultados mostraron un efecto significativo del tratamiento fúngico sobre la longitud de raíz y de hipocótilo en todas las especies evaluadas. No obstante, la respuesta fue dependiente tanto de la especie vegetal como del aislado fúngico empleado. En melón, los tratamientos 8 y 16 destacaron por inducir los mayores incrementos de vigor, alcanzando aumentos superiores al 180 % respecto al control. En trigo, la respuesta fue más moderada, aunque los tratamientos 26, 8 y 15 mejoraron el vigor inicial. En lechuga, el tratamiento 14 produjo la mayor estimulación, con un incremento aproximado del 82 %. En tomate, los tratamientos 22, 8 y 24 favorecieron principalmente el desarrollo radicular, aunque en algunos casos se observó una reducción del hipocótilo. En berenjena, los tratamientos 22 y 8 fueron los más prometedores, duplicando aproximadamente el vigor respecto al control. Estos resultados evidencian que determinados hongos pueden actuar como bioestimulantes del crecimiento inicial, aunque su eficacia depende de la interacción específica entre planta y microorganismo. Los tratamientos 8, 16 y 22 destacan como candidatos prioritarios para estudios posteriores en condiciones de vivero e invernadero, orientados al desarrollo de bioinoculantes capaces de mejorar el establecimiento temprano de cultivos hortícolas y cerealistas.

Financiado por ayuda DIN2021-012298 financiado por el MCIN/AEI / 10.13039/501100011033.

P.13: Evaluación de consorcios microbianos fúngicos como bioestimulantes en plantas de pimiento (*Capsicum annuum* L.) bajo condiciones de invernadero

Victoria María Huertas Navarro[1,2], Carmen Palazón Alba[3], Melanie D. Gómez-Herrera[4], Milagrosa Santos[2], Fernando Diánez Martínez[2]

[1] *Universidad de Almería*

[2] *Departamento de Agronomía, Escuela Superior de Ingeniería, Universidad de Almería*

[3] *Departamento de Tecnología del Medio Ambiente. Instituto Universitario de Investigación Marina (INMAR). 11510 Puerto Real*

[4] *Laboratorio de Fitopatología, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional del Nordeste, Argentina. Sargento J.B. Cabral 2131, Corrientes, Argentina.*

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: *Trichoderma*; bioestimulantes microbianos; *Capsicum annuum*; crecimiento vegetativo; horticultura sostenible

Resumen: El cultivo intensivo de pimiento (*Capsicum annuum* L.) enfrenta una creciente presión por reducir el uso de insumos químicos sin comprometer el rendimiento. En este contexto, los consorcios microbianos fúngicos representan una estrategia prometedora de bioestimulación, capaz de integrar mecanismos complementarios de promoción del crecimiento vegetal. El objetivo de este trabajo fue evaluar el potencial bioestimulante de distintos consorcios microbianos fúngicos sobre el desarrollo vegetativo y la acumulación de biomasa en plantas de pimiento cultivadas en vermiculita bajo condiciones controladas de invernadero. Se seleccionaron cepas fúngicas pertenecientes a los géneros *Trichoderma*, *Torula*, *Clarireedia*, *Sordaria*, *Phoma* y *Notohoma*, previamente caracterizadas. La compatibilidad entre cepas se evaluó mediante ensayos de enfrentamiento en medio PDA, y los consorcios seleccionados se inocularon en plantas de pimiento durante un período de crecimiento de mes y medio. Se evaluaron ocho parámetros biométricos: longitud y diámetro del tallo, número de hojas, peso fresco y seco aéreo y radicular, y área foliar. Los datos fueron analizados mediante ANOVA unifactorial y pruebas de comparación de medias (Statgraphics). Los resultados revelaron una respuesta diferencial y dependiente del tratamiento. Determinados consorcios, como H1-BC34, TA-BC34 y BC49-BC17, mostraron incrementos significativos respecto al control en múltiples variables de forma simultánea, con porcentajes de bioestimulación de entre +20% y +40% en biomasa aérea y radicular. El área foliar y el peso seco emergieron como las variables más sensibles a la inoculación, con tratamientos como H1-BC18 y TA-BC20 destacando de forma consistente. Por el contrario, consorcios como H1-BC6, BC49-BC34 y H1-BC1 mostraron efectos inhibidores significativos en varias variables, lo que evidencia que la interacción planta-microorganismo es altamente específica y no siempre beneficiosa.Estos resultados subrayan que la eficacia bioestimulante depende de la composición del consorcio y de la compatibilidad funcional entre cepas, y no del número de microorganismos combinados. La selección basada en ensayos de enfrentamiento previos resulta esencial para evitar efectos antagónicos. El estudio contribuye a fundamentar el uso de consorcios fúngicos seleccionados como herramienta de bioestimulación en horticultura sostenible, con potencial aplicación en sistemas de producción intensiva de pimiento bajo invernadero.

Financiado por ayuda DIN2021-012298 financiado por el MCIN/AEI / 10.13039/501100011033.

P.14: Herramientas de inteligencia artificial para la clasificación de síntomas de la marchitez bacteriana causada por *Ralstonia solanacearum* en plantas de tomate

Ingrid Nicole Vásconez[1], Miryam Valenzuela[2], Ariel Herrera-Vásquez[1], Michael Seeger[3], Juan Pablo Vásconez[4]

[1] *Centro de Biotecnología Vegetal, Facultad de Ciencias de la Vida, Universidad Andrés Bello, Santiago 8370146, Chile*

[2] *Línea Fitosanidad, Centro de Estudios Avanzados en Fruticultura, CEAF. Rengo, Chile*

[3] *Millennium Nucleus Bioproducts, Genomics and Environmental Microbiology (BioGEM), Avenida España 1680, 2390123, Valparaíso, Chile*

[4] *Facultad de Ingeniería, Universidad Andrés Bello, 7500735, Santiago, Chile*

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: Inteligencia artificial; fitopatología; *Ralstonia solanacearum*; *Solanum lycopersicum*; visión por computador; diagnóstico vegetal

Resumen: Las enfermedades bacterianas en plantas representan un desafío importante para la agricultura debido a las pérdidas productivas asociadas y a la dificultad de realizar diagnósticos tempranos y precisos bajo condiciones variables. En este contexto, la inteligencia artificial (IA) y la visión por computador han emergido como herramientas prometedoras para apoyar el diagnóstico fitopatológico mediante el análisis automatizado de síntomas visuales. En este trabajo se evaluó el potencial de distintas arquitecturas de redes neuronales convolucionales (CNNs) para la clasificación automática de síntomas de marchitez bacteriana causada por *Ralstonia solanacearum* en plantas de tomate. Para ello, se generó una base de datos de imágenes RGB obtenidas bajo condiciones controladas, clasificadas en tres categorías de severidad correspondientes a plantas sanas, con síntomas moderados y síntomas severos. Posteriormente, las imágenes fueron preprocesadas y utilizadas para el entrenamiento y evaluación de diferentes modelos de aprendizaje profundo orientados a la clasificación automática de síntomas. El desempeño de los modelos fue evaluado mediante métricas estándar de clasificación, incluyendo exactitud, precisión, sensibilidad, especificidad y F1-score. Entre las arquitecturas evaluadas, MobileNetV2 y Xception mostraron el mejor desempeño, alcanzando exactitudes de hasta un 97.7% en la clasificación de síntomas visuales asociados a la enfermedad. Los resultados obtenidos evidenciaron una alta capacidad de discriminación entre distintos niveles de severidad, destacando el potencial de estas herramientas para aplicaciones de monitoreo fitosanitario y apoyo al diagnóstico vegetal. Adicionalmente, estos enfoques están siendo extendidos al estudio de la peca bacteriana del tomate causada por *Pseudomonas syringae* pv. *tomato*, mediante el desarrollo de una base de datos visual orientada a futuras aplicaciones de cuantificación digital de severidad y monitoreo de interacciones planta–patógeno. En conjunto, estos resultados destacan el potencial de la inteligencia artificial como herramienta complementaria para fortalecer el diagnóstico fitopatológico, facilitando estrategias de monitoreo más rápidas, objetivas y reproducibles en sistemas agrícolas.

Financiado por Agencia Nacional de Investigación y Desarrollo (ANID) – Fondecyt Postdoctorado N°3250059, Fondecyt de Iniciación N°11240105 y Fondecyt de Núcleo Milenio BioGEM NCN2023_054.

P.15: Diseño de sonda TaqMan para la detección de *Coniella fragariae* en fresa mediante qPCR

Laura Romero Cuadrado, Celia Borrero Vega, Manuel Avilés Guerrero

Departamento de Agronomía, ETSIA - Universidad de Sevilla, Ctra. Utrera Km 1, 41013, Sevilla, Spain

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: diagnóstico molecular; RT-PCR; *Coniella fragariae*; patógeno; Fragaria x ananassa

Resumen: *Coniella fragariae* es un hongo fitopatógeno, perteneciente a la familia Schizoparmeaceae, de amplia distribución geográfica y con diferentes cultivos hospedadores. Recientemente ha sido citado en plantas de fresa en España produciendo manchas marrón-rojizas en el limbo foliar, delimitadas por halos amarillentos que separan el tejido sano del afectado. Con el avance de la enfermedad, estas lesiones terminan necrosadas. Asimismo, otros síntomas observados son lesiones de color marrón oscuro con márgenes bien definidos en los peciolos. Anteriormente este hongo fue aislado, en Suiza, de tejido de corona y de pecíolos de plantas de fresa aparentemente sanas y de coronas enfermas en Gran Bretaña y Letonia. Es en el año 2024 cuando este patógeno fue detectado por primera vez en España, en viveros de fresa de la provincia de Segovia. Se realizaron aislamientos en placas de PDAE de los tejidos sintomáticos y los aislados fúngicos fueron identificados mediante secuenciación tipo Sanger de la región del espaciador transcrito interno (ITS), del factor de elongación de la traducción 1-alfa (TEF1) y de la subunidad grande del ARN ribosomal (LSU), confirmándose, mediante ensayos de patogenicidad, que los síntomas se asociaban con el patógeno *C. fragariae*. La vigilancia de este patógeno parece fundamental debido al riesgo de su dispersión mediante plantas asintomáticas procedentes de viveros. Por ello, en este trabajo se ha desarrollado un método molecular basado en qPCR con sonda TaqMan para la detección rápida, específica y sensible de *C. fragariae* en tejido vegetal. El diseño de los cebadores y la sonda específica se llevó a cabo a partir de la secuencia del gen TEF1, mediante análisis *in silico* y su posterior validación *in vitro* utilizando diferentes aislados de *C. fragariae* como ADN molde. Asimismo, se realizaron ensayos de inclusión, exclusión y determinación del límite de detección de la técnica, alcanzando una sensibilidad de 10^{-5} ng de ADN. Este método permite un diagnóstico temprano y fiable en material de vivero, contribuyendo a prevenir la propagación del patógeno y a mejorar las estrategias de control fitosanitario.

Financiado por Proyecto PID2024-156850OB-I00 financiado/a por MICIU/AEI/ 10.13039/501100011033 y por ”FEDER/UE”.

P.17: La verticilosis en Castilla- La Mancha: especies afectadas y factores favorables para su desarrollo y diagnóstico

Ramona María Muñoz Gómez, María Luisa Lerma, Purificación Castillo, Hakima El Hamzaoui

Instituto Técnico Agronómico Provincial de Albacete (ITAP), Albacete

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: verticilosis; *Verticillium dahliae*; Castilla- La Mancha; olivo; pistacho; almendro

Resumen: La verticilosis, causada por el hongo *Verticillium dahliae*, es una de las enfermedades agrícolas más importantes a nivel mundial por su capacidad para afectar a una amplia variedad de cultivos, tanto herbáceos como leñosos; además, representa un gran desafío debido a las grandes pérdidas económicas que puede provocar, incluyendo la muerte de ejemplares de especies afectadas. Dada la inespecifidad de sus síntomas, el diagnóstico de esta enfermedad debe ser llevado a cabo en un laboratorio fitosanitario como el del Servicio de Diagnóstico y Asistencia Fitosanitaria (SEDAF) del Instituto Técnico Agronómico Provincial (ITAP); en este servicio se reciben muestras castellano- manchegas para diagnóstico y detecciones fitosanitarias, siendo el único laboratorio fitosanitario público a demanda del sector agrario desde 1999 en esta comunidad autónoma. En este trabajo se incluyen las muestras de Castilla- La Mancha diagnosticadas de verticilosis en el ITAP desde el año 2000 hasta 2025; en concreto, aproximadamente un centenar de muestras repartidas en los cultivos de albaricoque, almendro, girasol, olivo, patata, pistacho y paulownia. El diagnóstico se efectuó mediante aislamiento de hongos en medio PDAS, confirmándose la identidad de aislados representativos mediante secuenciación de la región ITS. Se han recopilado datos sobre variedad, patrón, edad de la plantación, localización de la muestra, régimen hídrico (secano o regadío) y tasa de aislamiento en distintas secciones (rama, tronco o tallo, cuello, raíz gruesa y raíz fina). Más de la mitad de las muestras son del cultivo del olivo, seguido de los cultivos del pistacho, almendro y albaricoque, que suponen, aproximadamente, el 28, 13% y 4%, respectivamente. Las variedades más afectadas han sido picual en olivo y kerman en pistachero; en cuanto a patrones, destaca cornicabra en pistachero. El regadío recoge 3,75 veces más de muestras en comparación con el secano. En cuanto a las tasas de aislamiento, se han observado diferencias significativas en el cultivo del pistacho; en albaricoquero, almendro y olivo, *Verticillium dahliae* siempre se detecta en los aislamientos de ramas, donde se obtienen las mayores tasas de aislamiento; por el contrario, en pistachero, se han encontrado tasas de aislamiento más elevadas en tronco, cuello y raíces gruesas que en ramas; asimismo, en el 60% de los casos, el hongo no ha sido detectado en ramas. Los resultados obtenidos han permitido poner de manifiesto la amenaza de la verticilosis en cultivos castellano- manchegos, así como los factores favorables para su desarrollo y diagnóstico.

Financiado por Instituto Técnico Agronómico Provincial de Albacete (ITAP).

P.18: Primeras detecciones en España de citrus tristeza virus genotipo T3 y citrus virus A

María Martínez Solsona[1,2], Ana Belén Ruiz García[1], Félix Morán Villamizar[1], Vicente Dalmau Sorlí[3], Antonio Olmos Castelló[1]

[1] *Instituto Valenciano de Investigaciones Agarias. Valencia*

[2] *Universitat Politècnica de València. Valencia*

[3] *Servicio de Sanidad Vegetal de la Generalitat Valenciana. Silla*

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: cítricos; viroma; HTS; CTV-T3; CiVA; vigilancia fitosanitaria; diagnóstico

Resumen: La secuenciación masiva de alto rendimiento (HTS) se ha consolidado como una herramienta clave en virología vegetal y diagnóstico ya que permite la identificación de virus conocidos y desconocidos. En este trabajo se aplicó HTS mediante la tecnología Illumina para estudiar el viroma de cítricos. Se analizaron 20 datasets procedentes de muestras individuales de plantas recolectadas en diferentes parcelas comerciales de Castellón, Valencia y Alicante, incluyendo plantas asintomáticas y con síntomas compatibles con infecciones virales. El análisis por HTS generó entre 31.4 y 57.6 millones de lecturas individuales por muestra, revelando las primeras detecciones en España del genotipo no europeo T3 del virus de la tristeza de los cítricos (CTV-T3), relacionado con el amarilleamiento de plantones (seedling yellows) y con acanaladuras de la madera (stem pitting). El análisis HTS también ha permitido la primera detección en España de citrus virus A (CiVA), virus relacionado con la enfermedad de la impietratura. CTV-T3 se identificó en tres muestras, recuperándose sus genomas completos y CiVA se detectó en una muestra obteniéndose también su genoma completo. La presencia de CTV T3 y CiVA se confimó mediante RT-PCR y secuenciación Sanger. Los aislados de CTV-T3 se integraron claramente dentro del genotipo T3 de CTV que contiene únicamente aislados no europeos, procedentes de Sudáfrica, Estados Unidos, Nueva Zelanda e Irán; y la primera secuencia genómica española de CiVA se agrupó con aislados de Sudáfrica. De forma adicional, se detectaron otras secuencias relacionadas con familias u órdenes virales como Botourmiaviridae, Bromoviridae, Solemoviridae, Tombusviridae y Mononegavirales, lo que sugiere la existencia de otros componentes aún desconocidos del viroma citrícola. Su origen biológico queda por estudiar, ya que podrían formar parte del viroma de los cítricos, del viroma asociado a hongos endófitos o fitopatógenos o del viroma de artrópodos presentes en el agroecosistema citrícola. Estas secuencias proporcionan la base para futuros estudios de caracterización molecular, ecológica y fitosanitaria. Nuestros resultados demuestran el valor de la vigilancia basada en HTS para detectar componentes emergentes del viroma de los cítricos y evidencian la necesidad de integrar este tipo de aproximaciones en los programas de diagnóstico, prospección y evaluación del riesgo fitosanitario. La detección de CTV-T3 y CiVA en cítricos españoles tiene implicaciones relevantes para la gestión de enfermedades como tristeza e impietratura, así como para la actualización de estrategias de control y regulación.

Financiado por Proyecto IVIA 52202 (SOSTENIBLE). María Martínez Solsona está financiada por el Programa Predoctoral Marisa Badenes del IVIA, susceptible de cofinanciación por la Unión Europea a través del programa “Fondo Social Europeo Plus (FSE+) Comunitat Valenciana 2021-2027”.

P.19: Detección de virus en variedades de vid de Canarias mediante RT-qPCR multiplex y DAS-ELISA

Dara Viruega Herrera[1], Karla Nodarse Fernández[1], Ana Rodríguez Pérez[1], Felipe Siverio de la Rosa[2,3], Leandro de León Guerra[1]

[1] Departamento de Bioquímica, Microbiología, Biología Celular y Genética. Área de Microbiología. Universidad de La Laguna. Apartado 456. 38200 San Cristóbal de La Laguna, S/C de Tenerife, España

[2] Unidad de Protección Vegetal, Instituto Canario de Investigaciones Agrarias (ICIA). 38270 Valle de Guerra, San Cristóbal de La Laguna, S/C de Tenerife, España

[3] Laboratorio de Sanidad Vegetal, Dirección General de Agricultura. Consejería de Agricultura, Ganadería, Pesca y Soberanía Alimentaria. Gobierno de Canarias. 38270 Valle de Guerra, San Cristóbal de La Laguna, S/C de Tenerife, España

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: vid; virosis; RT-qPCR multiplex; GFLV; GLRaV-3; certificación fitosanitaria

Resumen: La vid representa uno de los cultivos de mayor relevancia económica, social y patrimonial de las Islas Canarias, con una superficie cultivada de 8158,2 ha en 2024 y diez Denominaciones de Origen Protegidas. En este contexto, la calidad fitosanitaria del material de propagación es esencial para garantizar la sostenibilidad del sector. La normativa de la Unión Europea (Reglamentos UE 2016/2031 y 2019/2072) establece controles rigurosos sobre las plagas reguladas no cuarentenarias (RNQP), entre las que se encuentran las virosis ocasionadas por Grapevine fanleaf virus (GFLV), Grapevine leafroll-associated virus (GLRaV-1 y GLRaV-3), Grapevine fleck virus (GFkV) y Arabis mosaic virus (ArMV). En este trabajo se diseñaron iniciadores y sondas TaqMan para la detección de estos cinco virus mediante RT-qPCR multiplex. Para ello, se seleccionaron regiones conservadas de los genes de la proteína de la cápside (GFLV, GFkV y ArMV) y del gen de la proteína homóloga a HSP70 (GLRaV-1 y GLRaV-3). Se recopilaron secuencias genómicas disponibles en *NCBI-GenBank* procedentes de diferentes áreas geográficas, realizándose alineamientos múltiples para identificar regiones consenso adecuadas para el diseño de marcadores. Los marcadores moleculares desarrollados se evaluaron en muestras procedentes de la colección de variedades de vid del Instituto Canario de Investigaciones Agrarias (ICIA). Se realizaron dos muestreos: una primera prospección en la que se recogieron 139 muestras de pecíolo y hoja, analizadas mediante RT-qPCR y DAS-ELISA, y una segunda con 141 muestras de vareta, analizadas mediante RT-qPCR. Los resultados obtenidos constataron una elevada prevalencia de GFLV y GLRaV-3 en la colección estudiada, mientras que GLRaV-1, GFkV y ArMV se registraron únicamente de forma esporádica. La comparación entre las técnicas empleadas evidenció una mayor sensibilidad diagnóstica de la RT-qPCR frente al DAS-ELISA, permitiendo la detección de un número considerablemente superior de muestras positivas para GFLV y GLRaV-3. Además, la RT-qPCR permitió evidenciar la presencia de GLRaV-1, GFkV y ArMV, virus que no pudieron ser detectados mediante el método inmunológico. Estos resultados ponen de manifiesto la amplia distribución de determinados virus regulados en el germoplasma vitícola evaluado y confirman la utilidad de la RT-qPCR multiplex como herramienta para programas de vigilancia fitosanitaria, certificación y control sanitario del material de reproducción de vid.

Financiado por Consejería de Agricultura, Ganadería, Pesca y Soberanía Alimentaria del Gobierno de Canarias, mediante convenio de colaboración con la Universidad de La Laguna (ULL) y la Fundación General de la ULL (BOC nº 159, 12/08/2025); y proyecto ProID2025010027, Agencia Canaria de Investigación, Innovación y Sociedad de la Información del Gobierno de Canarias.

P.20: Towards rapid and large-scale identification of phytopathogenic fungi using MALDI-TOF MS

Olivier Coste[1], Almudena Escobar-Niño[1], Julia Gallego Villanueva[1], María Inmaculada Larena Nistal[2], Francisco Javier Fernández-Acero[1]

[1] *Laboratorio de Microbiología y Proteómica, Universidad de Cádiz, Cádiz*

[2] *INIA-CSIC, Madrid*

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: Rapid Identification; MALDI-TOF; Peniccillium rubens; *Botrytis cinerea*

Resumen: Matrix-Assisted Laser Desorption/Ionization Time-of-Flight Mass Spectrometry (MALDI-TOF MS) is a powerful technique for the rapid and cost-effective identification of microorganisms, in some cases achieving discrimination at the strain level. The method relies on comparing mass spectra generated from unknown isolates against reference spectra contained within extensive databases. To date, the widespread adoption of MALDI-TOF MS has been largely confined to clinical microbiology, resulting in databases that are strongly biased toward human-associated microorganisms. Nevertheless, the potential of this technology for agricultural applications is considerable. To expand MALDI-TOF reference databases with agriculturally relevant species and facilitate rapid fungal identification at both species and strain levels, several members of the family Sclerotiniaceae, including representatives of the widespread genus *Botrytis*, were characterized. In parallel, 22 strains of the beneficial fungus *Penicillium rubens* were also analyzed. All fungal strains were cultivated on Potato Dextrose Agar (PDA) and Sabouraud media for periods ranging from 7 to 21 days. Proteins were extracted from the resulting biomass according to the manufacturer's protocol and deposited onto a MALDI-TOF target plate, followed by the application of α-cyano-4-hydroxycinnamic acid (CHCA) matrix. Spectra were acquired using a VITEK® MS system (bioMérieux) and processed with Spectral Archiving and Microbial Identification System software (SARAMIS™, version 4.1.0.9; bioMérieux, 2010) against database version 4.17. Superspectra were constructed using 39–41 highly conserved peaks, with individual peak weights assigned according to their specificity, yielding a total cumulative score of 1,400. To validate fungal identification, all strains were subsequently grown on PDA for six days, and independent spectra were generated and analyzed. For *Penicillium rubens*, all strains were correctly identified at the species level. The generated superspectra enabled reliable differentiation from the closely related species *Penicillium chrysogenum*, with which it is frequently confused. These results demonstrate the suitability of MALDI-TOF MS for the accurate identification of *P. rubens* isolates and provide a solid foundation for future development of strain-level discrimination tools. For *Botrytis cinerea*, superspectra were successfully developed that enabled strain-level identification of strains T4, 2100, and B05.10 with accuracies exceeding 80%. In addition, species-level superspectra were generated for *Sclerotinia sclerotiorum*, *Botrytis pseudocinerea*, *Botrytis aclada*, *Botrytis tulipae*, *Botrytis deweyae*, *Botrytis byssoidea*, and *Botrytis convoluta*. These results demonstrate the potential of MALDI-TOF MS as a rapid and reliable tool for the identification of agriculturally important fungal pathogens and beneficial fungi.

Financiado por Consorcios microbianos para la mejora sostenible del rendimiento y la calidad de calidad de cultivos hortícolas (microconsortia)" proyecto PID2024-158958OR-C33 financiado por MICIU/AEI/10.13039/501100011033/ FEDER, UE. Development of New Biotechnological Tools and Applications Against the Fungal Phytopathogen *Botrytis cinerea* Through Proteomics (BIOPAB) FEDER-UCA-2024-A2-14.

P.21: Detección del Repilo del Olivo y efecto del marco de plantación y de la variedad sobre su incidencia en Mallorca

Gaspar Coll Rigo[1], Diego Olmo García[2], Jaime Jaume Sureda[2], Antonio Trapero Casas[3]

[1] *Empresa de Transformación Agraria S.A., 07009, Palma.*

[2] *Instituto de Investigación y Formación Agroalimentaria y Pesquera de las Illes Balears, Govern de les Illes Balears, 07009, Palma.*

[3] *Área de Patología Agroforestal, Departamento de Agronomía, Universidad de Córdoba, 14071, Córdoba.*

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: *Venturia oleaginea*; marco de plantación; olivo; susceptibilidad varietal; propuesta de tratamiento; manejo intensivo; monitoreo; defoliación; severidad; incidencia.

Resumen: El cultivo del olivo para almazara en Mallorca en 2025 presentó una superficie de 5.598 ha y generó 7.665.226 €, aunque su rendimiento fue más bajo que la media estatal. Por ello, muchos olivicultores apuestan por calidad y producen bajo la D.O.P. Oli de Mallorca, cuya variedad principal es Arbequina. El bajo rendimiento percibido podría estar influenciado por enfermedades como el repilo, causado por el hongo *Venturia oleaginea*. Esta enfermedad provoca la caída de hoja y ha sido tema de preocupación reciente entre los olivicultores, que han alertado sobre defoliaciones graves y una percibida inefectividad en los tratamientos para frenar la población del hongo y sus daños. Por ello, el IRFAP inició un proyecto junto a la UCO con el objetivo de detectar la situación del repilo en Mallorca y evaluar el efecto del marco de plantación y la variedad sobre su incidencia. El proyecto se realizó en dos fincas comerciales mediante monitorización de tratamientos y seguimiento visual de brotación y hojas, en las que se analizó la afección de repilo sintomático (inspección visual y grado de esporulación de la hoja) y asintomático (método de la sosa cáustica). En la finca Aubocassa (Manacor) se comparó la afección entre marco de plantación estrecho (3,75 x 7,5 m) y amplio (7,5 x 7,5 m) en cultivo intensivo. En Son Mesquidassa (Felanitx) se comparó la afección en diferentes variedades (Arbequina, Koroneiki, Arbosana) en cultivo superintensivo. Los resultados mostraron mayor afección y severidad en marco estrecho. Por otro lado, se observó más incidencia en Arbequina y Koroneiki al compararlas con Arbosana. De las tres variedades estudiadas, Arbequina resultó la más susceptible. El efecto positivo observado al aumentar el marco de plantación coincide con numerosos estudios, pero la alta incidencia detectada sugiere que la medida es insuficiente para frenar la afección en Mallorca. Algunos estudios coinciden respecto a los resultados de susceptibilidad varietal obtenidos, mientras que otros apuntan en dirección contraria, sin haber consenso claro. Todo ello, sumado a la inefectividad de los tratamientos realizados y la detección de brotación foliar prácticamente continua durante todo el seguimiento, sugiere la influencia de más factores sobre la incidencia del repilo. Las condiciones agroclimáticas de Mallorca, con elevadas humedades ambientales durante todo el año, se presentarían como potencial factor clave. Estas condiciones, que favorecerían la brotación foliar continuada y los episodios de niebla y rocío, podrían incrementar la proliferación del hongo en Mallorca, incluso en épocas desfavorables para su desarrollo.

Financiado por Instituto de Investigación y Formación Agroalimentaria y Pesquera de las Illes Balears, Govern de les Illes Balears, 07009, Palma.

P.22: Identificación y caracterización de especies de *Diaporthe* aisladas en campos de avellanos

Tshering Yangzom[1], Anna Aymamí[2], Aina Llorca[3], Jordi Sordé[4], Verònica Casadó[4], Jordi Roig[5], Carlos Solano[6], Joan Masmiquel[7], Josep Armengol Fortí[1], Maela León[1]

[1] *Instituto Agroforestal Mediterráneo, Universitat Politècnica de València, Valencia*

[2] *Sanitat Vegetal Serveis Territorials de Tarragona, Departament d'Agricultura, Ramaderia, Pesca i Alimentació (DARPA),Tarragona*

[3] *Sanitat Vegetal Serveis Territorials de Girona, Departament d'Agricultura, Ramaderia, Pesca i Alimentació (DARPA), Castelló d'Empúries*

[4] *ADV de l'Avellana i Cultius Mediterranis, Reus*

[5] *ADV Coselva, La Selva del Camp*

[6] *ADV Avellanes del Camp, La Selva del Camp*

[7] *ADV Productors d'Avellana Girona, Brunyola*

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: *Corylus avellana*; *Diaporthe ambigua*; *D. eres*; *D. foeniculina*; *D. novem*; *D. serafiniae*.

Resumen: El avellano (*Corylus avellana*), es un cultivo del grupo de los frutos secos que se está expandiendo rápidamente a nivel mundial. Los defectos y las pudriciones de los frutos provocan importantes pérdidas económicas para los productores de avellana. El objetivo de este estudio fue identificar y caracterizar especies del género *Diaporthe* asociadas a estos problemas. Para ello, se obtuvieron 55 aislados de flores y frutos en campos de cultivo de avellana ubicados en las provincias de Tarragona y Girona durante la campaña de cultivo 2024-2025. El análisis de secuencias de ADN multilocus con cinco loci (ITS, *tub*, *tef-1*, *cal* e *his*) permitió la identificación de cinco especies del género *Diaporthe*: *D. ambigua* (n=3), *D. eres* (n=6), *D. foeniculina* (n=38), *D. novem* (n=7) y *D. serafiniae* (n=1). Además, se utilizó un conjunto de aislados representativos de cada especie para caracterizar el crecimiento del micelio a diferentes temperaturas y para determinar su patogenicidad en ramas de avellano.

Financiado por Parte de estos trabajos han sido financiados por la Generalitat de Catalunya, Departament d'Agricultura, Ramaderia, Pesca i Alimentació. Funded by the European Union: Views and opinions expressed are however those of the author(s) only and do not necessarily reflect those of the European Union or the European Education and Culture Executive Agency (EACEA). Neither the European Union nor EACEA can be held responsible for them. AGRADECIMIENTOS: Al equipo de sanidad vegetal del DARPA y a los técnicos de las ADVS de frutos secos por su apoyo en los muestreos: Anna Garreta, Joseba Cristià, Ivette Garcia, Jordi Mateu, Roger Palau i Elisabeth Lucas.

P.23: Especies de *Aspergillus* asociadas a chancros de la madera en uva de mesa

Adnan Ali, Maela León, Mónica Berbegal, Josep Armengol Fortí

Instituto Agroforestal Mediterráneo, Universitat Politècnica de València, Valencia

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: *Aspergillus niger*; *A. tubingensis*; hongos de la madera; patogenicidad; uva de mesa; *Vitis vinifera*

Resumen: En el verano de 2024, se observaron plantas con chancros en el tronco principal y síntomas de decaimiento en un viñedo de uva de mesa de dos años (cv. 'Sweet Celebration') en Cieza (Murcia, España), en el que la incidencia alcanzó aproximadamente el 40%. Se realizó un estudio para determinar las especies de hongos implicadas, evaluar sus características biológicas y determinar su patogenicidad. Los aislamientos a partir de fragmentos internos de madera sintomática produjeron consistentemente colonias oscuras de crecimiento rápido, típicas de *Aspergillus* spp. La identificación molecular basada en las secuencias de los genes de la β-tubulina y calmodulina, junto con el análisis filogenético, reveló la presencia de dos especies: *A. niger* y *A. tubingensis*. Las observaciones de la morfología de las colonias y las características microscópicas en agar PDA y agar Czapek fueron consistentes con los resultados moleculares. Ambas especies mostraron una clara adaptación a condiciones cálidas. No se registró crecimiento a 10 °C ni a 45 °C, mientras que el desarrollo óptimo del micelio se produjo entre 30 y 33 °C. Las conidias de ambas especies germinaron rápidamente a temperaturas entre 30 y 40 °C, alcanzando la germinación completa en 12-18 horas. Las pruebas de patogenicidad en vides del cv. 'Alphonse Lavallée' confirmaron la capacidad de ambas especies para causar necrosis de la madera, siendo *A. niger* la más virulenta. Además, los ensayos de inoculación en hojas demostraron que también pueden colonizar tejidos verdes, observándose en este caso una mayor severidad de la enfermedad para *A. tubingensis*. Estos resultados confirman la asociación de *A. niger* y *A. tubingensis* como agentes causales de chancros en plantas de uva de mesa y constituyen la primera cita de la enfermedad denominada "*Aspergillus* vine canker" en España.

Financiado por Funded by the European Union. Views and opinions expressed are however those of the author(s) only and do not necessarily reflect those of the European Union or the European Education and Culture Executive Agency (EACEA). Neither the European Union nor EACEA can be held responsible for them.

P.24: Estrategias de saneamiento para la conservación de variedades locales de almendro infectadas por *Xylella fastidiosa*

Llorenç Tortella Alomar[1], Jeroni Pou Feliu[1], Biel Pisà Ferrer[1], Alicia Nieto López[2], Ana Pedrosa Gálvez[2], Diego Olmo García[2], M. Carme Garau Taberner[2]

[1] *Empresa de Transformación Agraria S.A., 07009, Palma.*

[2] *Instituto de Investigación y Formación Agroalimentaria y Pesquera de las Illes Balears, Govern de les Illes Balears, 07009, Palma.*

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: termoterapia; injerto; sanidad vegetal; recursos fitogenéticos; bioseguridad; fitopatología

Resumen: Desde la detección de *Xylella fastidiosa* (Xf) en Baleares, este patógeno ha representado un desafío fitosanitario por su diversidad genética, amplio rango de hospedantes e impacto sobre cultivos leñosos. Esta situación compromete la conservación de variedades locales de almendro (*Prunus dulcis*), recurso de importancia histórica, agronómica y paisajística. El objetivo del trabajo fue evaluar estrategias de saneamiento para obtener material vegetal libre de Xf y garantizar su conservación. El estudio se desarrolló durante tres campañas (2023-2025), muestreando variedades infectadas del banco de germoplasma de Son Real, Mallorca. Para determinar la presencia del patógeno, se realizaron análisis moleculares mediante qPCR. Las varetas seleccionadas se sometieron a tres estrategias: termoterapia a 45 °C durante 50 minutos (T1), termoterapia a 50 °C durante 45 minutos (T2) y un protocolo sin tratamiento térmico (ST). Posteriormente, el material fue propagado sobre portainjerto GF677 en maceta y, tras su desarrollo, se realizaron análisis periódicos para detectar la presencia o ausencia de Xf. En árboles infectados, el 68,6 % de las varetas fueron positivas, mientras que en el 31,4 % no se detectó la bacteria. Esta variabilidad podría relacionarse con la distribución irregular del patógeno en el xilema y con variaciones en su detección entre brotes. Los resultados mostraron que la intensidad térmica condicionó la viabilidad de las yemas. El tratamiento ST presentó el mayor porcentaje de injertos viables (67,4 %), seguido de T1 (32,52 %), mientras que T2 redujo la supervivencia de las yemas (1,3 %). Entre los injertos viables de varetas negativas, la estrategia más eficaz fue ST. En este protocolo, únicamente el 2,8 % de las plantas presentó resultado positivo para Xf en el primer análisis posterior. En varetas positivas, T1 mostró mayor eficacia de saneamiento, mientras que T2 presentó una eficacia muy limitada por la escasa recuperación del material vegetal. Como resultado, se sanearon 42 variedades locales de almendro, mantenidas en bioseguridad, lo que representa el 67,7 % de la colección. Este trabajo demuestra la importancia de caracterizar previamente el estado sanitario de las varetas para definir la estrategia de saneamiento. La T1 se perfila como una herramienta útil cuando se parte de material positivo, mientras que, con material negativo, la ausencia de tratamiento térmico puede favorecer una mayor recuperación de plantas, siempre que se confirme posteriormente la no detección del patógeno. Los análisis semestrales durante tres años confirmaron la estabilidad sanitaria del material saneado, permitiendo avanzar en la obtención y conservación de variedades locales de almendro en condiciones de bioseguridad.

Financiado por Institut de Recerca i Formació Agroalimentària i Pesquera de les Illes Balears (IRFAP), Govern de les Illes Balears, 07009, Palma.

P.25: Detección de podredumbre apical en cebolla mediante análisis digital de imagen e inteligencia artificial

Laura Gálvez Patón, Moisés de León Ramos, Natalia Rodríguez, Ester Mejías, Alexia Sarro, Lorena Parra

Departamento de Producción Agraria. Escuela Técnica Superior de Ingeniería Agronómica, Alimentaria y de Biosistemas. Universidad Politécnica de Madrid. Madrid

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: daño interno; bacteriosis; *Fusarium*; discriminación de enfermedad; calidad postcosecha

Resumen: La podredumbre apical de cebolla, conocida comercialmente como “daño interno”, constituye una de las principales causas de pérdidas económicas durante la conservación y comercialización de cebolla. Esta alteración postcosecha se caracteriza por una degradación interna de los tejidos, frecuentemente no detectable externamente, dificultando su identificación durante los procesos de selección comercial. La evaluación del daño interno se realiza habitualmente mediante muestreos destructivos lo que limita la objetividad, rapidez y escalabilidad de los sistemas de clasificación postcosecha. El objetivo de este trabajo fue desarrollar y validar preliminarmente un modelo de clasificación automática de cebollas sanas y afectadas por podredumbre apical mediante visión artificial y aprendizaje automático en MATLAB® .Para ello, se utilizaron cebollas comerciales cosechadas durante los meses de agosto y septiembre de 2025 y almacenadas hasta su análisis en febrero de 2026. Las muestras fueron suministradas por la Asociación de Productores de Cebolla de Castilla-La Mancha de diferentes variedades comerciales y municipios. Las cebollas se cortaron longitudinalmente por la zona del cuello y se fotografiaron bajo condiciones controladas de iluminación. Las muestras (n = 96) se clasificaron en función de si estaban afectadas o no por la podredumbre apical. La brotación de los bulbos se registró como una variable binaria. En primer lugar, se aplicó una corrección de color y se redujo la resolución de las imágenes; posteriormente, se realizó la conversión del espacio de color RGB a Lab y se calcularon distintos índices para identificar la región de interés y la zona afectada. Finalmente, se eliminaron la túnica y las posibles zonas brotadas mediante la combinación de diferentes índices y la eliminación de regiones de tamaño reducido. A partir de la región considerada como enfermedad se extrajeron distintos parámetros descriptivos empleados para el entrenamiento del modelo. El modelo desarrollado permitió clasificar las cebollas afectadas por podredumbre apical con una exactitud del 78,3 % en entrenamiento/validación y del 88,9 % en test. La exclusión de cebollas brotadas incrementó significativamente el rendimiento predictivo, alcanzándose exactitudes del 81,1% y del 100% en entrenamiento/validación y test, respectivamente, lo que sugiere que la brotación introduce variabilidad visual que dificulta la discriminación automática de la enfermedad. Aunque se trata de un estudio preliminar, los resultados obtenidos evidencian el potencial de la visión artificial como herramienta de fenotipificación digital para la detección objetiva del daño interno en cebolla y el desarrollo futuro de sistemas automatizados de clasificación postcosecha.

Financiado por Asociación de Productores de Cebollas de Castilla-La Mancha (PROCECAM) bajo el proyecto P2520290339.

P.26: Evaluation of resistance and tolerance to ToBRFV in seven 'Pera Gordo' tomato hybrids

Esmeralda Sanahuja Edo[1], Irene Máñez Castelló[1], Ana Alfaro Fernández[1], José Manuel Estévez[2], Rosa Peiró[3], Luis Rubio[4], María Isabel Font San Ambrosio[1]

[1] *Instituto Agroforestal Mediterráneo (IAM) - Universitat Politècnica de València (UPV), Valencia*

[2] *Cooperativa La Palma, Granada*

[3] *Instituto Universitario de Conservación y Mejora de la Agrodiversidad Valenciana (COMAV) – Universitat Politècnica de València (UPV), Valencia*

[4] *Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias (IVIA), Moncada, Valencia*

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: tomato brown rugose fruit virus; tobamovirus; virus resistance; plant breeding; symptom index; RT-qPCR

Resumen: Tomato brown rugose fruit virus (ToBRFV) is an emerging tobamovirus that poses a major threat to tomato and pepper production worldwide. Disease management is difficult because ToBRFV, like other tobamoviruses, spread rapidly through mechanical contact and seeds, and no commercial tomato or pepper cultivars with complete resistance to ToBRFV are currently available. Known resistance genes to tobamoviruses, such as Tm-1, Tm-2, and Tm-2² in tomato and L1–L4 alleles in pepper, are largely ineffective against ToBRFV. In this work, we evaluated the resistance and tolerance levels of seven 'Pera Gordo' tomato hybrids (P1-P7) using the 'Valenciano' cultivar which as a susceptible control. Ten plants per hybrid or cultivar (biological replicates) were mechanically inoculated with ToBRFV. At 7 and 42 days post-inoculation (dpi), virus accumulation was quantified by RT-qPCR (used as an inverse proxy of resistance), and symptom severity was assessed using McKinney's index (as an inverse proxy of tolerance). Hybrid P4 exhibited a high level of resistance, with ToBRFV accumulation approximately 15-fold and 6-fold lower than in the susceptible 'Valenciano' cultivar at 7 and 42 dpi, respectively, and remained asymptomatic. The remaining hybrids showed virus accumulation levels comparable to the susceptible control at both time points, except for P1 and P7 at 7 dpi, which displayed approximately half the viral titer and no visible symptoms. Hybrid P3 showed low symptom severity at 42 dpi despite high virus accumulation suggesting a high level of tolerance whereas hybrids P1, P2, P6, P5 and P7 showed mild tolerance at 42 dpi compared to 'Valenciano'. These results suggest that P4, with high resistance, and P3, with high tolerance, could contribute to reducing the impact of ToBRFV. However, the use of P3 should be approached with caution due to its high viral accumulation, which may facilitate transmission to susceptible plants. Further studies are required to evaluate the stability of these responses under different environmental conditions and cultivation systems.

Financiado por Funded by grants PID2021-125787OR-C31 and PID2024-155251OR-C31 del Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades (MICIU), co-funded by European Regional Development Fund (ERDF).

P.27: Primeras evidencias sanitarias en un cultivo emergente: diagnóstico presuntivo de enfermedades en pistachos de San Juan, Argentina

Silvina E. Pastor[1], Hector G. Heredia[1], Emiliano Quinteros[2]

[1] *PASTOR AGRODIAGNOSTICOS, Laboratorio de Diagnósticos Fitopatológicos y Capacitaciones en Sanidad Vegetal. Provincia de Córdoba, Argentina*

[2] *Empresa Sol Frut S. A. Provincia de San Juan, Argentina*

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: pistacho; diagnóstico fitopatológico; *Lasiodiplodia*; *Alternaria*; *Cylindroseptoria pistaceae*; *Neopestalotiopsis*

Resumen: El cultivo de pistacho (*Pistacia vera* L.) en Argentina se encuentra en expansión, con un aumento sostenido de la superficie implantada en regiones de alta aptitud agroclimática como la provincia de San Juan. Esta concentra el 87% de la superficie cultivada a nivel nacional con 6500 ha aproximadamente. Esta intensificación requiere monitorear y diagnosticar amenazas sanitarias que puedan afectar la productividad. Con este objetivo, durante la temporada 2025–2026 se realizó un relevamiento fitosanitario en una finca comercial de 1100 ha en San Juan. Se seleccionaron muestras de filoplano y raíces-rizosfera de 11 plantas de la variedad Kerman (portainjerto UCB-1) que presentaban reducción del crecimiento, decaimiento, lesiones necróticas en pecíolos, tallos, frutos y yemas terminales, así como dardos secos. También se analizaron por separado lesiones foliares necróticas grandes, redondeadas y marginales, y otras pequeñas y angulares. El análisis se enfocó en la detección cualitativa de hongos y pseudohongos fitopatógenos desarrollados tanto en órganos aéreos como subterráneos. Los métodos empleados, dependiendo del caso, fueron observación microscópica directa, trampa de vegetales, incubación con y sin desinfección superficial y aislamiento en medios generales y semiselectivos. La identificación se realizó mediante caracterización macro y micromorfológica de estructuras vegetativas y reproductivas. Los resultados, aún pendientes de confirmación molecular, evidenciaron una etiología compleja. En filoplano predominó *Alternaria* sp. en hojas, pecíolos, tallos y frutos. Una planta presentó coinfección por *Neopestalotiopsis* sp., *Lasiodiplodia theobromae* y *Cylindroseptorium pistaciae* en las mismas lesiones foliares necróticas. En las necrosis foliares analizadas por separado, se identificó *Alternaria* sp. tanto en lesiones marginales como en las pequeñas angulares, formando en estas últimas círculos concéntricos y micelio tras la incubación, compatibles con tizón tardío del pistacho. Picnidios y conidios compatibles con *Phoma* sp. se desarrollaron en bases de pecíolos, mientras que no se evidenciaron signos de patógenos en los dardos secos. En el rizoplano se detectaron *Pythium periplocum* y *Rhizoctonia* sp. asociados a raíces ennegrecidas y de crecimiento reducido, sin registrarse *Phytophthora* sp. Este constituye el primer reporte integral realizado en pistachos de San Juan, Argentina, detectando estos fitopatógenos y vinculándolos simultáneamente a patógenos del suelo y canopia. La presencia de un pseudohongo en el rizoplano y la diversidad de la micobiota foliar resaltan la necesidad de abordar la sanidad del cultivo desde una perspectiva sistémica. Estos hallazgos aportan información de base para desarrollar estrategias de manejo integrado orientadas al control foliar, la optimización del riego y el manejo del suelo.

Financiado por Pastor Agrodiagnósticos Lab y Empresa Sol Frut S. A.

P.28: VIS-NIR/SWIR hyperspectral imaging fusion for postharvest early disease detection in apples

Íker García[1], Carla Casals[1], Jordi Gené[1], Javier Ruiz-Hidalgo[2], Eduard Gregorio[3], Neus Teixidó[1], Orly Enrique Apolo-Apolo[1], Josep Usall[1]

[1] *IRTA, Postcollita, Fruitcentre, 25194 Lleida*

[2] *Grup de recerca Grup de Processament d'Imatge i Vídeo (GPI), Universitat Politècnica de Catalunya (UPC), 08034, Barcelona*

[3] *Grup de recerca en AgròTICa i Agricultura de Precisió, Universitat de Lleida (UdL) - Agrotecnio-CERCA Center, 25001, Lleida*

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: Spectral imaging; spectral fusion; machine learning; pre-symptomatic; fungi; pathology

Resumen: Postharvest fungal diseases are a major source of economic loss in the apple industry, with *Penicillium expansum* being one of the most damaging pathogens due to its rapid spread and impact on fruit quality. Current inspection procedures rely largely on visual assessment, which only detects infections after symptoms appear, limiting the possibility of early intervention. However, fungal colonization induces biochemical and structural changes within the fruit tissue before external symptoms appear, creating an opportunity for earlier detection through non-destructive sensing technologies, such as hyperspectral imaging. This study presents a machine learning-based hyperspectral imaging framework for the asymptomatic detection of *P. expansum* in Gala apples. A central objective was to evaluate the contribution of different spectral cameras to early disease detection by comparing three configurations: FX10e visible and near-infrared camera (VIS-NIR, 400–1000 nm), FX17e short-wave infrared camera (SWIR, 900–1700 nm), and a fused FX10e+FX17e VIS-NIR/SWIR dataset spanning 400–1700 nm. For classification, a Random Forest classifier was trained to discriminate between healthy and infected tissues. The comparative analysis revealed that both VIS-NIR and SWIR spectral ranges provide valuable information regarding infection-induced physiological changes. While both spectral ranges enabled early disease detection, models trained on the fused dataset consistently achieved superior performance and robustness. The best-performing fused model successfully detected infections up to 48 hours before the appearance of visible symptoms. Detection rates reached 79% at 48 hours and 89% at 24 hours before symptoms, respectively, while maintaining a false positive rate of 6%. These findings highlight the potential of combining hyperspectral imaging and machine learning for the early detection of postharvest fungal infections. Furthermore, they demonstrate that integrating both cameras information can significantly enhance diagnostic performance, supporting the development of automated early-warning systems capable of reducing cross-contamination and improving postharvest quality management.

Financiado por RTA pre-doctoral contract and 'Generalitat de Catalunya' (CERCA Programme and 2021 SGR 01477). The equipment used in this work is part of the project "Plataforma de Dades i Serveis Digitals (Agrolabs Digitals IRTA)", co-funded by the European Regional Development Fund (ERDF) within the framework of the Catalonia 2021–2027 Programme.

P.29: XfCapture: una nueva herramienta bioinformática para el diagnóstico y la caracterización genética de *Xylella fastidiosa* en plantas e insectos mediante enriquecimiento dirigido de secuencias

Luis Felipe Arias Giraldo[1,2], Blanca B. Landa[2]

[1] *Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias (IVIA). Valencia*

[2] *Instituto de Agricultura Sostenible IAS-CSIC. Córdoba*

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: Diagnóstico; secuenciación dirigida; enriquecimiento por captura híbrida; caracterización genética; vigilancia fitosanitaria; *Xylella fastidiosa*

Resumen: *Xylella fastidiosa* (*Xf*) es una bacteria fitopatógena de cuarentena con un elevado impacto económico y ecológico a escala global, cuya detección temprana y caracterización en subespecies resultan esenciales para la vigilancia epidemiológica y la implementación de medidas fitosanitarias. El aislamiento de esta bacteria a partir de muestras vegetales o de insectos vectores es un proceso con baja tasa de éxito, lo que limita su caracterización en subespecies por métodos moleculares. La secuenciación directa del ADN del huésped presenta una limitación crítica debido a que la fracción de lecturas correspondientes a *Xf* representa menos del 0,1 % del total de lecturas. Para superar estas limitaciones, la tecnología de enriquecimiento por capturas (Targeted Sequence Capture Enrichment, TSCE) utiliza sondas específicas para seleccionar y aumentar la representación de regiones diana del genoma de *Xf* antes de la secuenciación. El material enriquecido se amplifica y secuencia posteriormente, lo que incrementa la proporción de lecturas correspondientes al patógeno y mejora su detección y caracterización genómica en muestras con baja concentración bacteriana incluyendo cualquier planta huésped e insectos vectores. En este contexto se presenta XfCapture, un pipeline bioinformático automatizado desarrollado sobre Snakemake que integra TSCE con un flujo estandarizado para el análisis de datos de secuenciación Illumina, desde los archivos FASTQ en bruto hasta la caracterización taxonómica y la inferencia filogenética. En primer lugar, XfCapture lleva a cabo control de calidad, depuración y procesamiento de las lecturas, generando distintos resultados de calidad y estadística asociados a cada muestra. Posteriormente, mediante Kraken clasifica taxonómicamente todas las lecturas y cuantifica las correspondientes a las regiones diana de *Xf*, permitiendo evaluar su recuperación y cobertura. Finalmente compara las secuencias obtenidas con una colección curada de genomas de referencia de *Xf* y permite la asignación taxonómica a nivel de subespecie y ST de las muestras, y genera reconstrucciones filogenéticas que permiten contextualizar cada muestra y apoyar estudios de relación genética y trazabilidad epidemiológica. El flujo completo se ejecuta de forma reproducible y trazable en unos 10-15 minutos/muestra, reduciendo la complejidad del análisis bioinformático y facilitando su implementación en laboratorios de diagnóstico e investigación sobre *Xf*. Además, su estructura modular permite adaptar fácilmente el pipeline a otros patógenos y a otros procedimientos basados en TSCE.

Financiado por el proyecto BeXyl (Grant ID 101060593, EU-Horizon Europe).

P.30: Caracterización molecular y diversidad genética poblacional de *Fusarium* asociadas al amarillamiento del garbanzo en Argentina

Bruno Daniel Pugliese[1,2], Patricia Rodriguez Pardina[1,2], Hector G. Heredia[3], Silvina E. Pastor[1,2]

[1] *Instituto de Patología Vegetal (IPAVE) Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria-INTA, Av. 11 de septiembre 4755 Córdoba, Argentina*

[2] *Unidad Ejecutora de Fitopatología y Modelización Agrícola - (UFYMA) INTA-CONICET*

[3] *Fundación Argeninta, Delegación Centro de Investigaciones Agropecuarias (CIAP) INTA. Córdoba, Argentina*

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: *Cicer arietinum*; *Fusarium oxysporum* f. sp. *ciceris*; filogenia; estructura poblacional; amarillamiento de garbanzo

Resumen: El Amarillamiento del garbanzo (*Cicer arietinum*) constituye una de las principales enfermedades que afectan la producción de este cultivo a nivel mundial. Históricamente, tal sintomatología fue adjudicada al género *Fusarium* como agente causal. Investigaciones desarrolladas en Argentina permitieron confirmar dicho protagonismo en el cultivo de garbanzo con amarillamiento. No obstante, debido a la escasa información acerca de las especies de este género relacionadas con la enfermedad en el país, así como de su diversidad poblacional en la región, se propuso caracterizar molecularmente una colección de *Fusarium* obtenida a partir de plantas sintomáticas y asintomáticas utilizadas como testigos, provenientes de distintas zonas de producción de garbanzo. La colección consistió en 165 aislados monospóricos. La identificación molecular se llevó a cabo mediante PCR utilizando cebadores específicos para el Complejo de Especies *Fusarium oxysporum* (CEFO) y para la raza 5 de *F. oxysporum* f. sp. *ciceris* (FOC). Los resultados mostraron que 161 aislados (97,6 %) pertenecían al CEFO y que 100 de ellos (62,1 %) correspondían a la raza 5 de FOC, evidenciando el predominio de este grupo en las áreas evaluadas. Adicionalmente, un aislado que resultó negativo para CEFO fue caracterizado mediante secuenciación de las regiones EF-1α y β-tubulina para determinar su etiología, identificándose como *Fusarium proliferatum*. Para profundizar el conocimiento sobre la estructura genética de la población, se realizaron análisis filogenéticos de un subconjunto representativo de aislados de la misma, redes de haplotipos y análisis molecular de la varianza (AMOVA), utilizando secuencias concatenadas de EF-1α y β-tubulina. Los análisis revelaron una elevada diversidad genética y una estructura poblacional significativamente asociada a la pertenencia a la raza 5 de FOC, aunque con un origen filogenético polifilético. Asimismo, no se detectó una estructuración genética asociada al origen geográfico de los individuos analizados, lo que sugiere una amplia dispersión de los genotipos en las diferentes regiones productoras evaluadas. Estos resultados confirman la predominancia del CEFO y de la raza 5 de FOC en Argentina, información epidemiológica fundamental para el diseño de programas de mejoramiento genético y estrategias de manejo sustentable de la enfermedad.

Financiado por Financiamiento: Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (Grant INTA-2023-PD-I084); Programa Impact.ar (Ministerio de Ciencia, Tecnología e Innovación. 2022-2025).

P.31: Análisis fitosanitario de árboles monumentales en la provincia de Pontevedra

Noelia Regueira Paz, Cristina Rial Martínez, Rosa Pérez Otero, Pilar Piñón Esteban, Adela Abelleira Argibay, Gaspar Bernárdez Villegas, Pilar Vela Fernández

Estación Fitopatolóxica Areeiro. Pontevedra

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: Conservación; diagnóstico fitosanitario; *Armillaria*; *Fusarium*; *Xiphinema*; *Andricus*.

Resumen: Los árboles monumentales son elementos de gran valor natural, paisajístico, histórico y cultural, y forman parte del patrimonio vivo de Galicia. Su singularidad se debe, principalmente, a su edad, porte, localización o vinculación con la memoria colectiva del territorio. Sin embargo, debido a su longevidad y a su frecuente presencia en entornos humanizados, estos ejemplares pueden estar expuestos a numerosos factores que comprometen su estado de conservación. Por todo esto, el presente trabajo tiene como objetivo realizar una evaluación fitosanitaria de árboles monumentales localizados en la provincia de Pontevedra, con el fin de identificar alteraciones asociadas principalmente a agentes patógenos que puedan poner en riesgo su salud. Desde 2021, la Estación Fitopatolóxica Areeiro ha llevado a cabo muestreos anuales de un total de 48 ejemplares pertenecientes a diferentes especies arbóreas. Para ello, se realizaron evaluaciones visuales en campo, registrando síntomas como decaimiento, pérdida de vigor, daños en tronco, ramas, hojas y sistema radicular, así como la presencia de chancros, exudados u otras alteraciones relevantes. Además, se tomaron muestras de suelo, raíces, parte aérea (ramas, corteza, …) y carpóforos, en aquellos ejemplares donde estaban presentes. A partir de las muestras de suelo, se llevó a cabo la detección de nematodos y de patógenos como *Armillaria* y *Phytophthora*. Las muestras de raíces y de parte aérea, se sembraron en medios de cultivo, y se realizó la identificación morfológica y molecular de los aislados obtenidos. También se llevó a cabo el análisis morfológico de los artrópodos detectados en las muestras y la identificación molecular de los carpóforos presentes. Los resultados obtenidos pusieron de manifiesto una gran variabilidad entre ejemplares, tanto en los síntomas observados como en los organismos detectados. Se identificaron nematodos fitoparásitos, principalmente especies del género *Xiphinema*, y una elevada diversidad de hongos entre lo que se encuentran géneros como *Armillaria*, *Fusarium* y *Diaporthe*, entre otros. Además, durante las inspecciones se detectaron diferentes artrópodos o evidencias de su presencia, como agallas asociadas a cinípidos de los géneros *Andricus* y *Neuroterus*, exuvios de pulgones y cicadélidos, y ácaros del género *Cosetacus*. No obstante, estos organismos no se detectaron en todos los árboles analizados, por lo que su presencia debe interpretarse considerando el estado general de cada ejemplar, la sintomatología observada y las condiciones del entorno. En conjunto, los resultados reflejan la complejidad del diagnóstico fitosanitario en árboles monumentales y subrayan la importancia de realizar seguimientos periódicos para favorecer su conservación.

Financiado por Estación Fitopatolóxica Areeiro - Diputación de Pontevedra.

P.32: Evaluación de bioplástico biodegradable con actividad antimicrobiana y potencial bioestimulante para mejorar el establecimiento de especies forestales

Liszeth Fernanda Ojeda Báez[1], Jaya Baranwal[2], Lorena Miguel del Pozo[1], Sandra Mosquera López[1], Danila Merino[2,3], Jonatan Niño-Sánchez[1]

[1] *Instituto Universitario de Investigación en Gestión Forestal Sostenible (iuFOR), Escuela de Ingeniería Agraria, Universidad de Valladolid, 34004 Palencia, España.*

[2] *POLYMAT, Universidad del País Vasco UPV/EHU, Centro Joxe Mari Korta, Avda. Tolosa 72, 20018 Donostia–San Sebastián, España*

[3] *Ikerbasque, Fundación Vasca para la Ciencia, 48009 Bilbao, España*

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: actividad antimicrobiana; bioplástico; dsRNA; marras; *Fusarium oxysporum*

Resumen: La alta tasa de mortalidad ("marras") tras la siembra y el trasplante representa un desafío crítico para la restauración de ecosistemas. Este problema se asocia frecuentemente al complejo "damping-off", causado por patógenos del suelo como *Fusarium oxysporum*, *Pythium spp*. y *Rhizoctonia solani*. En este contexto, se desarrolló un bioplástico biodegradable diseñado como película temporal para favorecer el establecimiento inicial radicular y actuar como barrera fitopatológica biodegradable. A diferencia de los acolchados sintéticos de polietileno de baja densidad (LDPE), esta matriz garantiza una biodegradación superior al 80% en 20 días. Su composición natural facilita la descomposición *in situ*, eliminando la necesidad de retirada manual y evitando la contaminación por microplásticos. Actualmente, evaluamos el bioplástico en ensayos preliminares de repoblación forestal en la localidad Dehesa de Romanos (Palencia), mediante la aplicación de estas membranas biodegradables en ejemplares forestales. Ante el 44% de marras registradas en años previos, hipotetizamos que la aplicación localizada de estas películas durante la fase previa al trasplante reducirá las marras de establecimiento y los costes de resiembra, favoreciendo el desarrollo radicular durante el periodo crítico de establecimiento. Estos ensayos se sustentan en resultados previos obtenidos en *Solanum lycopersicum*, donde la matriz promovió un crecimiento significativamente superior de las plántulas tanto en vermiculita como en suelo comercial enriquecido. Tras tres semanas de cultivo, las plantas tratadas con los bioplásticos alcanzaron pesos frescos hasta 5,5 y 6,5 veces mayores respecto a las plantas sin cobertura y aquellas cultivadas con acolchado LDPE, respectivamente. La eficacia de esta barrera fitopatológica fue validada además frente a *F. oxysporum* f. sp. *lycopersici* (*Fol*), agente causal de la fusariosis vascular del tomate. En bioensayos de invernadero, la matriz redujo significativamente la severidad de la enfermedad, logrando biomasas frescas hasta 17 veces superiores al control y 29 veces mayores respecto al LDPE. Asimismo, los ensayos microbiológicos confirmaron una elevada capacidad inhibitoria, reduciendo un 70% el crecimiento de *Escherichia coli* y suprimiendo un 98.3% de la germinación de esporas de *Fol*. Este efecto se atribuye a una acción sinérgica entre los agentes activos añadidos en la película bioplástica. Finalmente, estas membranas se proyectan como vectores de nueva generación para estrategias de silenciamiento génico (SIGS). En una etapa próxima, la membrana en cuestión será evaluada como un sistema avanzado para encapsular y proteger dsRNA frente a la radiación UV y nucleasas, favoreciendo una liberación sostenida y efectiva para la protección fitosanitaria de cultivos y especies forestales.

Financiado por Proyecto FungARNcidas "Desarrollo de nuevos biofungicidas basados en ARN para el control de enfermedades de plantas" (PID2023-148417OA-I00, MICIU/AEI/10.13039/501100011033 y FEDER, UE); y Proyecto SUS-BIOCROP "Doctoral Network in Developing Sustainable Biocomposite Materials for Enhancing Crop Resilience and Yield" (Grant ID 101226772, EU-Horizon Europe-MSCA-DN).

P.33: Coexistencia de flavescencia dorada y virus asociados a la vid en Galicia

Noelia Regueira Paz[1], Pilar Piñón Esteban[1], Adela Abelleira Argibay[1], Rosa Pérez Otero[2], Pilar Vela Fernández[1]

[1] *Estación Fitopatolóxica Areeiro. Pontevedra*

[2] *Estación Fitoaptolóxica Areeiro - Deputación Pontevedra*

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: Flavescencia dorada; *Candidatus* Phytoplasma vitis; coinfección; GLRaV

Resumen: La flavescencia dorada de la vid (FD) causada por el fitoplasma *Candidatus* Phytoplasma vitis, es una plaga cuarentenaria de la Unión Europea incluida en el anexo II, parte B, del Reglamento de Ejecución (UE) 2019/2072, y en la lista A2 de la EPPO. Además, la plaga está sujeta a las medidas específicas de contención establecidas en el Reglamento de Ejecución (UE) 2022/1630. Su presencia fue declarada en la Comunidad Autónoma de Galicia en noviembre del 2022. Esta enfermedad es transmitida principalmente por el cicadélido Scaphoideus titanus, presente en Galicia desde el 2007. Desde la detección del fitoplasma en nuestra comunidad, se han intensificado los muestreos para determinar su incidencia y llevar a cabo un seguimiento y estimación del riesgo de la plaga. Se realizaron prospecciones durante los años 2024 y 2025, entre los meses de mayo y septiembre, seleccionando hojas en las plantaciones muestreadas que presentaban síntomas asociados a FD. Una vez en el laboratorio, las muestras fueron procesadas y analizadas por RT-PCR. Aunque la sintomatología observada sugería la posible presencia de FD, un elevado número de muestras resultó negativo para el fitoplasma. Esta circunstancia llevó a plantear la posible existencia de otros patógenos con síntomas similares, como los virus asociados al cultivo de la vid. Por este motivo, durante el muestreo para FD, se decidió realizar análisis de virus a 68 muestras de las cuales 46 habían sido negativas para FD y 22 positivas. Para la identificación de los virus se emplearon diferentes técnicas moleculares y serológicas. Se analizaron los virus asociados al enrollado de la vid GLRaV-1, GLRaV-2 y GLRaV-3, así como el virus del entrenudo corto infeccioso (GFLV) y el virus del jaspeado (GFKV). Los resultados obtenidos reflejan la existencia de coinfección entre fitoplasmas y virus en el 32% de muestras analizadas, y el 50 % fueron positivas para algunos de los virus asociados al complejo del enrollado, siendo GLRaV-3 el más frecuente ya sea de forma individual o en conjunto con otros virus, seguido de GLRaV-2 y de GLRaV-1. El resto de los virus se identificaron en un nivel muy bajo, inferior al 1%. En conjunto, estos resultados ponen de manifiesto la coexistencia de virus y fitoplasmas en muestras de vid analizadas en el contexto de los muestreos de FD. Asimismo, sugieren que las infecciones múltiples podrían ser frecuentes en las plantaciones estudiadas y contribuir, de forma conjunta, al estado fitosanitario de la vid.

Financiado por Estación Fitopatolóxica Areeiro - Diputación de Pontevedra.

P.34: Detección indirecta de *Ceratocystis* sp. y *Dematophora* spp. en cacao (*Theobroma cacao* L.) mediante espectroscopía de reflectancia e inteligencia artificial

Lady Diana Arias Colmenares[1], Adriana Gonzales Almario[1], Fabricio Eulalio Leite Carvalho[2], Joaquín Guillermo Ramírez Gil[1]

[1] *Universidad Nacional de Colombia - Colombia*

[2] *Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria-Agrosavia- Colombia*

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: Espectroscopía; detección temprana; reflectancia; fitopatología; agricultura de precisión.

Resumen: El cacao (*Theobroma cacao* L.) es un cultivo estratégico para la economía rural y la agroindustria colombiana; sin embargo, su productividad y sostenibilidad se ven amenazadas por patologías emergentes de difícil diagnóstico temprano, entre ellas las asociadas a *Ceratocystis* spp. y *Dematophora* spp. Estas enfermedades pueden causar deterioro vascular, marchitez, pérdida progresiva de vigor, muerte de plantas y reducción significativa del rendimiento, por lo que su detección oportuna es fundamental para orientar decisiones de manejo fitosanitario. En este contexto, el presente estudio propone desarrollar y validar un prototipo de equipo espectral móvil, de bajo costo y uso en campo, integrado con un sistema de análisis de datos basado en inteligencia artificial para la detección indirecta de alteraciones fisiológicas y bioquímicas asociadas a estos patógenos. La estrategia se fundamenta en la adquisición de firmas de reflectancia en tejido vegetal sano y afectado, el procesamiento de señales espectrales, la extracción de bandas e índices relevantes y el entrenamiento de modelos predictivos basados en inteligencia artificial capaces de discriminar estados sanitarios antes de que los síntomas sean plenamente visibles. Las evaluaciones realizadas evidencian variaciones en la respuesta espectral de plantas con diferente condición fitosanitaria, lo que sugiere el potencial de esta tecnología para identificar alteraciones asociadas a la presencia de los patógenos antes de la manifestación evidente de síntomas. Estos resultados respaldan la continuidad del desarrollo y validación de modelos predictivos para su aplicación en programas de monitoreo fitosanitario del cultivo. La integración entre sensores espectrales portátiles, analítica computacional y algoritmos de aprendizaje automático permitirá construir una herramienta rápida, no destructiva y accesible para apoyar el monitoreo fitosanitario del cacao. Esta aproximación contribuirá al fortalecimiento de la agricultura de precisión, la vigilancia temprana de enfermedades y la toma de decisiones en sistemas productivos cacaoteros, especialmente en territorios donde el acceso a laboratorios especializados es limitado, costoso y poco oportuno para pequeños productores rurales del país.

Financiado por MINISTERIO DE CIENCIA, TECNOLOGÍA E INNOVACIÓN, en el marco del proyecto «Prueba de diagnóstico molecular y prototipo espectral para la detección precoz de *Ceratocystis* sp. y *Rosellinia* spp. en el cacao», correspondiente a la Convocatoria 890-2020 propuesta para el fortalecimiento de CTeI en las instituciones públicas de educación superior de CIENCIA, TECNOLOGÍA E INNOVACIÓN.

P.35: Identificación de signos para un diagnóstico precoz de infección por *Phytophthora cinnamomi* en plantones de alcornoque

Zahira Gómez-Almirón, Belén Mendoza-Chamizo, Enrique Cardillo Amo

CICYTEX. Mérida

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: *Phytophthora cinnamomi*; *Quercus suber*; pudrición radical; detección temprana.

Resumen: La dehesa, ecosistema agroforestal característico de la Península Ibérica, se encuentra amenazada por *Phytophthora cinnamomi*, agente causal de la pudrición radical y del decaimiento asociado en especies del género *Quercus*. La aparición de síntomas aéreos indica generalmente una infección radicular avanzada, lo que dificulta su control y favorece la dispersión del patógeno. En ausencia de tratamientos plenamente eficaces, la identificación temprana de indicadores de infección podría mejorar las estrategias de gestión de la enfermedad. El objetivo de este trabajo es caracterizar las alteraciones fisiológicas y biométricas asociadas a las fases iniciales de infección por *P. cinnamomi* en plantones de *Q. suber* previas a la aparición de síntomas visuales. Se cultivaron en cámara climática (25 °C, 60 % humedad relativa, fotoperiodo 13 h) plantones de *Q. suber* de una población general y de un árbol previamente identificado por su historial de ausencia de síntomas de infección tras permanencia en un foco de Fitóftora. Los plantones se cultivaron durante 100 días en alveolos de 200 cc y posteriormente fueron inoculados con dos aislados de *P. cinnamomi* obtenidos previamente de focos de decaimiento en encinares de Extremadura. Durante 28 días tras la inoculación se evaluaron la presencia del patógeno en raíces, la temperatura de los plantones, la evapotranspiración y la aparición de síntomas visuales asociados a la infección. A partir del día 14 se detectó infección en la mayoría de las plantas inoculadas mediante aislamiento en raíces (muestreos positivos > 60 %). No se registraron diferencias significativas en la temperatura foliar en función del origen ni del grado de infección. En las variables fisiológicas estudiadas no se detectaron diferencias entre los datos obtenidos para los controles de ambos orígenes, y sí se encontraron en la comparación entre plantones inoculados y sus respectivos controles. La tasa de evapotranspiración fue consistentemente inferior en las inoculadas de ambos *Q. suber*. Ninguno de los plantones presentó síntomas visuales de infección significativamente diferentes entre inoculadas y controles a lo largo del ensayo, ni se registró mortalidad en ninguno de los tratamientos. Los signos generales registrados coinciden con los descritos en la bibliografía en plantones de *Q. suber* de mayor edad. Nuestros resultados sugieren que, durante las etapas tempranas de infección por *P. cinnamomi*, los plantones de *Q. suber* procedentes de un ejemplar previamente identificado por su comportamiento favorable frente a la enfermedad no presentan una respuesta fisiológica diferencial respecto a los procedentes de población general. Estos resultados indican que la resistencia observada podría no manifestarse en la descendencia durante las fases iniciales de la infección o no reflejarse en los parámetros biométricos analizados.

Financiado por Este trabajo ha sido financiado por el proyecto PID2022-141973OR-C33.

P.36: Fichas de Prospección Fitosanitaria: herramientas para la vigilancia de *Bemisia tabaci* y begomovirus

Elvira Fiallo-Olivé[1], Jesús Navas-Castillo[1], Thierry Candresse[2], Stephan Winter[3], Efterpi Adamou[4], Sybren Vos[4], Agnès Rortais[4]

[1] *Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea "La Mayora", Consejo Superior de Investigaciones Científicas. Algarrobo-Costa (Málaga)*

[2] *University of Bordeaux, INRAE. Villenave d'Ornon, France*

[3] *Leibniz Institute DSMZ-German Collection of Microorganisms and Cell Cultures. Braunschweig, Germany*

[4] *European Food Safety Authority (EFSA). Parma, Italy*

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: Fichas de Prospección Fitosanitaria; EFSA; *Bemisia tabaci*; begomoviruses

Resumen: Las moscas blancas pertenecientes al complejo de especies *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae) y los begomovirus (*Geminiviridae*) que transmiten constituyen importantes amenazas para la agricultura europea. En el marco de los mandatos de la Autoridad Europea de Seguridad Alimentaria (EFSA), se han desarrollado tres Fichas de Prospección Fitosanitaria (*Pest Survey Cards*, PSCs) para apoyar a los Estados miembros en la planificación y ejecución de prospecciones de detección y delimitación basadas en el riesgo. Estas PSCs están dedicadas a: (i) las poblaciones no europeas de *B. tabaci*; (ii) las poblaciones europeas de *B. tabaci*, con especial atención a las Zonas Protegidas (Irlanda, Suecia e Irlanda del Norte, Reino Unido); y (iii) los begomovirus transmitidos por *B. tabaci* ausentes de Europa. Cada PSC recopila información clave sobre la biología de la plaga, el rango de huéspedes, la distribución geográfica y la capacidad de dispersión, y proporciona orientaciones prácticas para el diseño de las prospecciones, las estrategias de muestreo y la identificación a nivel de especie mediante métodos morfológicos y moleculares, incluidos PCR, *DNA barcoding* y *metabarcoding*. Las fichas también destacan las principales vías de riesgo, en particular el comercio internacional de plantas ornamentales, hortalizas y flores cortadas. Diseñadas como herramientas prácticas para la vigilancia dirigida tanto en cultivos al aire libre como en cultivos protegidos, estas fichas favorecen la armonización de las actividades de prospección en Europa. Este póster presenta el marco de las PSCs, integrado en el *EFSA Pest Survey Toolkit*, que combina: (i) la preparación de las prospecciones a partir de la información contenida en las PSCs; (ii) el diseño de las prospecciones con el apoyo de RiPEST; y (iii) la optimización de las prospecciones mediante OptiPEST. Este conjunto de herramientas y directrices ha sido diseñado para ayudar a los Estados miembros de la Unión Europea a planificar, diseñar y ejecutar programas de vigilancia fitosanitaria basados en el riesgo dentro de un marco armonizado.

Financiado por Autoridad Europea de Seguridad Alimentaria (EFSA).

P.133: Diseño in silico de sistemas RT-qPCR multiplex para detección de PMWaVs en piña tropical

Paola Díaz Pérez[1], Ana Isabel Espino de Paz[2], Moisés Botella Guillén[2], Ana Rodríguez Pérez[1], Felipe Siverio de la Rosa[2,3], Leandro de León Guerra[1]

[1] Departamento de Bioquímica, Microbiología, Biología Celular y Genética. Área de Microbiología. Universidad de La Laguna. Apartado 456. 38200. San Cristóbal de La Laguna, S/C de Tenerife, España.

[2] Laboratorio de Sanidad Vegetal, Dirección General de Agricultura. Consejería de Agricultura, Ganadería, Pesca y Soberanía Alimentaria. Gobierno de Canarias, 38270 Valle de Guerra, San Cristóbal de La Laguna, España.

[3] Unidad de Protección Vegetal, Instituto Canario de Investigaciones Agrarias (ICIA), 38270 Valle de Guerra, San Cristóbal de La Laguna, España.

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: RT-qPCR multiplex; PMWaV; sondas TaqMan; diagnóstico molecular; piña tropical

Resumen: El cultivo de la piña tropical (*Ananas comosus* L. [Merr.]) en la isla de El Hierro, representa uno de los principales pilares de la actividad agrícola. En los últimos 10 años, se ha ido reduciendo la productividad, debido a la mayor incidencia de la enfermedad conocida como marchitez de la piña asociada a cochinillas, Mealybug Wilt of Pineaple (MWP). Esta disminución se debe al complejo de ampelovirus (Closteroviridae), Pineapple mealybug wilt-associated viruses -1, -2 y -3 (PMWaV-1, -2 y -3) y a su vector, la cochinilla algodonosa *Dysmicoccus brevipes* Cockerell (Hemiptera-Pseudococcidae). La presencia de infecciones asintomáticas y la distribución heterogénea de los viriones en el floema dificultan su detección y favorecen la dispersión de la enfermedad mediante material vegetal infectado. En este trabajo se realizó el diseño *in silico* de iniciadores y sondas TaqMan para la detección simultánea mediante RT-qPCR multiplex de PMWaV-1, PMWaV-2 y PMWaV-3. Para ello, se seleccionaron regiones conservadas del gen hsp70h, ampliamente utilizado en estudios filogenéticos y de diagnóstico de ampelovirus debido a su elevado grado de conservación entre aislados virales. Se recopilaron secuencias genómicas de referencia disponibles en NCBI-GenBank procedentes de diferentes áreas geográficas de América, Asia y África, realizándose alineamientos múltiples para identificar regiones consenso adecuadas para el diseño de marcadores con una mayor representatividad genética. Asimismo, se evaluaron distintos parámetros bioinformáticos relacionados con la funcionalidad teórica de los sistemas diseñados, incluyendo especificidad, temperatura de fusión, contenido GC y ausencia de estructuras secundarias incompatibles con la amplificación. De forma complementaria, los sistemas desarrollados fueron sometidos a una evaluación experimental preliminar en muestras vegetales sintomáticas y asintomáticas obteniéndose resultados prometedores que respaldan el potencial diagnóstico de los marcadores diseñados. No obstante, serán necesarios estudios adicionales de validación experimental para confirmar la sensibilidad, especificidad y eficiencia diagnóstica de los marcadores diseñados.

P.136: Detección y diagnóstico del complejo (PMWaV-1, -2 y -3) en la preselección de material vegetal de piña tropical “Roja Española” en la isla de El Hierro

Ana Isabel Espino de Paz[1], Cecilia Otazo Gonzalez[2], Moisés Botella Guillén[1], Dara Viruega[3], Marcos Ruíz[3], Andrés Bermudo Trujillo[1]

[1] Laboratorio de Sanidad Vegetal. Servicio de Sanidad Vegetal. Dirección General de Agricultura. Consejería de Agricultura, Ganadería, Pesca y Soberanía Alimentaria. Gobierno de Canarias

[2] Sanidad Vegetal. Servicio de Sanidad Vegetal. Dirección General de Agricultura. Consejería de Agricultura, Ganadería, Pesca y Soberanía Alimentaria. Gobierno de Canarias

[3] Servicio profesional externo

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: PMWaV; ampelovirus; cochinilla algodonosa; piña tropical; RT-PCR; El Hierro

Resumen: La piña tropical (*Ananas comosus* Merr.) se introdujo en Canarias a principios de los años 80 del siglo XX. En el municipio de La Frontera, en la isla de El Hierro, se concentra el 98% de la superficie cultivada al aire libre, alrededor de 100 Has, principalmente de la variedad Roja Española. En los últimos 10 años, se ha ido reduciendo la productividad, debido a la mayor presencia en los cultivos de la enfermedad conocida como marchitez de la piña tropical MWP (Mealybug Wilt of Pineaple), asociada a un complejo de ampelovirus (Closteroviridae) denominado Pineapple mealybug wilt-associated virus -1, -2 y -3 (PMWaV-1, -2 y -3) y a su vector, la cochinilla algodonosa *Dysmicoccus brevipes* Cockerell (Hemiptera:Pseudococcidae). Los síntomas de la enfermedad comienzan en las hojas con un bronceado y enrojecimiento, una seca desde el ápice hacia la base y enrollado hacia el envés; la masa radicular se necrosa y reduce de tamaño y la fruta se vuelve más ácida, disminuye de tamaño y pierde calidad. La planta en general disminuye su crecimiento y se marchita. Ante esta problemática, se inicia un proyecto de preselección fenotípica de plantas de Roja Española con buenas características morfológicas y agronómicas por el ICIA para ser analizadas a PMWaV-1, -2 y -3 y proceder a la multiplicación del material vegetal, tanto por métodos convencionales (hijos y tocas) como por cultivo *in vitro*. En las prospecciones realizadas durante los años 2024 y 2025 se analizaron más de 3.000 muestras con iniciadores específicos diseñados por Sether para PMWaV-1, -2 y -3 por RT-PCR convencional, cuyos resultados indican una elevada contaminación del material vegetal en La Frontera (del 50% al 85%), con unos porcentajes de: V-3 (80%), V-1 (20%) y la asociación V-1 y V-3 (20%), mientras que el V-2 no se ha detectado en ninguna muestra hasta el momento, citándose sin embargo en Hawai y Cuba como el responsable de la enfermedad. Estos resultados coinciden con los publicados en Australia, México y Malasia.

Área: Epidemiología

P.37: Producción, liberación y patogenicidad del inóculo de *Alternaria* spp. en plantaciones de manzano

Zohra El Khattabi, Concepció Moragrega, Isidre Llorente

Universitat de Girona. Institut de Tecnologia Agroalimentària. Girona

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: alternariosis; *Alternaria* spp.; manzano; inóculo

Resumen: En el cultivo del manzano, la alternariosis es una enfermedad causada por distintas especies del hongo *Alternaria*. Se trata de una enfermedad emergente que fue detectada en Europa por primera vez en 1996 y que actualmente está presente en países como Francia, Países Bajos e Italia. En los últimos años se ha observado su expansión en Catalunya, especialmente en la zona de Girona. Los síntomas de la alternariosis consisten en manchas en hojas y frutos que, en ataques severos, producen la defoliación prematura de los árboles y la depreciación económica de los frutos. Son especialmente sensibles a la enfermedad las variedades Golden Delicious, Gala o Pink Lady llegando a afectar en la zona frutícola de Girona al 20% de las plantaciones. Las estrategias de control de la enfermedad están basadas en la aplicación de fitosanitarios con un número importante de aplicaciones durante el período vegetativo del manzano. La falta de información precisa sobre diferentes fases del ciclo biológico del patógeno condiciona la definición de un programa de manejo integrado de esta enfermedad y hace necesario incrementar el conocimiento de este patosistema, especialmente de aspectos relacionados con la producción de inóculo. El objetivo del presente trabajo fue elucidar aspectos relativos a la producción de inóculo de *Alternaria* spp. en la zona frutícola de Catalunya. Concretamente, se determinaron las fuentes de producción de inóculo en las plantaciones de manzano, cuantificó su producción, estableció la dinámica temporal de producción y de liberación, y evaluó su patogenicidad en manzano. Para ello se realizaron ensayos en fincas comerciales de manzano bajo producción ecológica de las variedades Golden y Gala en Girona. Se realizaron muestreos mensuales, durante 3 años, en diferentes órganos del árbol, así como de material vegetal del suelo de las plantaciones. Paralelamente, durante los meses de junio a septiembre se monitorizó la dinámica temporal de emisión de inóculo y su relación con factores climáticos clave, mediante capturadores aéreos volumétricos tipo rotorod. La información obtenida permitirá diseñar una estrategia múltiple para el control del inóculo de la alternariosis en manzano.

Financiado por Investigación financiada por el Proyecto PID2021-126505OB-I00, MCIN/AEI/10.13039/501100011033 y por FEDER Una manera de hacer Europa; y subvencionada por la beca predoctoral FI-SDUR (Agaur, Generalitat de Catalunya).

P.39: Susceptibilidad de cultivares de higo a *Aspergillus flavus* y riesgo de micotoxinas en lotes comerciales

Zakaria Janfi[1,2], María Ángeles Romero-Martín[1], Diego Cabello[1], Ana Gordon[1,3], María Teresa García-López[1,2], Juan Moral[1]

[1] *Departamento de Agronomía, Universidad de Córdoba. Campus de Rabanales, 14071 Córdoba, España*

[2] *ENZOEM, Unidad de Investigación Competitiva en Zoonosis y Enfermedades Emergentes, Universidad de Córdoba, España*

[3] *Departamento de Biología Celular, Fisiología e Inmunología, Universidad de Córdoba. Campus de Rabanales, 14071 Córdoba, España*

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: *Aspergillus flavus*; aflatoxinas; ocratoxina A; higo seco; susceptibilidad cultivar; vigilancia industrial

Resumen: El higo seco (*Ficus carica* L.) es un alimento de alto valor económico y nutricional susceptible a la contaminación por hongos toxigénicos del género *Aspergillus*. El Valle del Jerte (España) concentra la mayor producción de higo seco de la Unión Europea, lo que confiere especial relevancia a la evaluación del riesgo micotoxicológico frente a los límites establecidos por el Reglamento (UE) 2023/915 (AFB_1 ≤ 6 µg/kg; aflatoxinas totales ≤ 10 µg/kg; OTA ≤ 8 µg/kg). En este trabajo, se evaluó la susceptibilidad a la colonización por *A. flavus* mediante inoculación artificial controlada de los cultivares 'Calabacita', 'Cuello de Dama Blanco' y 'Granito', bajo diferentes condiciones (ostiolo sellado *vs.* abierto, diámetro ecuatorial del fruto, tiempo de exposición), en ensayos de campo durante 2022 y 2023. Paralelamente, se analizaron 340 lotes comerciales de la Asociación de Cooperativas del Valle del Jerte (ACVJ) procedentes de nueve campañas (2015-2023) para AFB_1, suma de aflatoxinas y OTA. Los ensayos de inoculación mostraron diferencias entre cultivares (Kruskal–Wallis H = 13,82; $P < 0,001$): 'Calabacita' presentó la mayor proporción de frutos colonizados, seguida de 'Granito' y 'Cuello de Dama Blanco'. El ostiolo abierto constituyó la principal vía de penetración fúngica. En la vigilancia industrial, el 11,2 % de los lotes superó algún límite reglamentario, con mayor frecuencia de excedencias para AFB_1. El análisis de correlación de Spearman ($\rho = 0,416$; $P < 0,001$; n = 138) reveló asociación positiva entre colonización y concentración de aflatoxinas. El perfil de micotoxinas indicó predominio de *A. flavus* sobre *A. parasiticus* como especie contaminante. Estos resultados permiten identificar los cultivares y condiciones de mayor riesgo, y proporcionan información relevante para el diseño de estrategias de gestión integrada de la contaminación micotoxicológica en la cadena de producción del higo seco.

Financiado por Este trabajo ha sido financiado por el proyecto EPINET (Red Epidemiológica Inteligente: Epidemiología, Modelización Matemática y Tecnologías de Precisión para la Salud del Olivo; UCO-PPTA 2026). El contrato de M.T.G.L. estuvo vinculado a la ayuda JDC2022-048362-I, financiada por MICIU/AEI/10.13039/501100011033 y la Unión Europea NextGenerationEU/PRTR.

P.40: qPRAentry: A comprehensive R package for quantifying the risk of plant pest entry

Maria Chiara Rosace[1], Antonio Vicent Civera[2], Matteo Crotta[3], Ewelina Czwienczek[3], David Makowski[4], Vittorio Rossi[1], Martina Cendoya[2]

[1] *Department of Sustainable Crop Production, Universita Cattolica del Sacro Cuore, Piacenza, Italy*

[2] *Centre de Protecció Vegetal, Institut Valencià d'Investigacions Agràries (IVIA), Moncada, Spain*

[3] *European Food Safety Authority (EFSA), Parma, Italy*

[4] *UMR MIA-PS University Paris-Saclay, INRAe, Paris, France*

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: Entry step; pathway models; pests' introduction; quantitative pest risk assessment; R package; Shiny application.

Resumen: The introduction of pests through the movement of plants and plant products across international borders represents a major threat to agriculture and ecosystem stability. Quantitative Pest Risk Assessment (qPRA) plays a fundamental role in evaluating and mitigating these risks. The entry step of qPRA focuses on assessing the likelihood of a pest reaching a new area, a process that involves the identification and quantification of potential entry pathways. Despite advancements in pathway models, risk assessments are often constrained by data limitations, including the aggregation of trade data at the country level and the complexity of tracking re-exported commodities. To address these challenges, we introduce the comprehensive R package qPRAentry designed specifically for the initial phase of the qPRA, i.e., the entry step. The methodology implemented is based on the qPRAs developed by the European Food Safety Authority (EFSA), adapted to be applied in a flexible way according to the characteristics of each pest. The package includes functions to calculate the quantity of commodities imported from countries where a pest under assessment is present, and to implement a pathway model capable of assessing the risk of potential entry of new pest founder populations. Using trade data, the developed functions allow an approximation of the quantity of potentially infested commodities remaining in a country of interest and their redistribution among the different regions of the country. In a second stage, the quantity of potentially infested commodity serves as an input to a pathway model that estimates the potential number of founder populations in each country or region of interest. The package provides flexibility in designing the pathway model, enabling parameter adaptation to the characteristics of the pest under assessment. In addition, functions for visualising the results are included, as well as Shiny applications that allow the qPRA entry step to be performed in a user-friendly way. Overall, the package improves the consistency and reproducibility of the qPRA entry step.

Financiado por Hotspots for plant pests' introduction (HoPPI) project, co-financially supported by the European Food Safety Authority (EFSA) under grant agreement no. GP/EFSA/ENCO/2020/02 – Lot 3, together with Università Cattolica del Sacro Cuore, Università degli Studi di Padova, and Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias.

P.41: Potential transmission of tomato brown rugose fruit virus (ToBRFV) by secondary pests and biocontrol agents

Jaime Jiménez Ruiz, María Plaza, Mariana Lucia Rojas, Alberto Fereres, Aranzazu Moreno

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

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: *Nesidiocoris tenuis*; *Macrolophus pigmaeus*; *Nezara viridula*; tomato; pepper; emergent virus.

Resumen: The tomato brown rugose fruit virus (ToBRFV, *Tobamovirus*) has become a serious yield-limiting factor for tomato and pepper production in Spain. Although tobamoviruses are mechanically transmitted, beneficial insects have been reported to contribute in some way to its spread under greenhouse conditions. However, little is known on whether other insects present in greenhouses, such as secondary pest or natural enemies, may contribute to virus spread. In regard to pepper and tomato production, the mirid predators *Nesidiocoris tenuis* and *Macrolophus pigmaeus* have been extensively used as biocontrol agents to manage insect vectors of plants viruses and, secondary pests, such as the pentatomid *Nezara viridula*, have become a pest in such crops. Thus, the aim of this work was to evaluate the potential role of *N. tenuis*, *M. pigmaeus* and *N. viridula* in the spread and transmission of ToBRFV in pepper and tomato plants. We conducted different types of virus transmission assays to evaluate potential ToBRFV transmission by *N. viridula* and *N. tenuis*: *type 1*) standard virus transmission assays with set AAP on a source virus plant and further passage of insects to a healthy test plant, *type 2)* virus transmission assays with insect labium observation during feeding and passage to a healthy plant, *type 3*) insect virus acquisition (AAP=48h) and further dispersal on healthy plants for 72h (IAP), and *type 4*) insect release on virus source and healthy plants simultaneously (AAP/IAP of 72h). Transmission of ToBRFV by *N. viridula* was only observed when the insects were released onto infected and recipient plants within the same cage, allowing them to move freely. The transmission rate obtained in both tomato and pepper was 4.2%. On the other hand, *N. tenuis* was able to transmit ToBRFV on all transmission experiments conducted. While a virus transmission rate of 6.7% was observed for standard transmission tests, transmission increased up to 12.5% when insects were allowed to freely move between the plants. Experiments with *M. pygmaeus* are underway. These results demonstrate that both *N. tenuis* and *N. viridula* are able to spread ToBRFV among tomato and pepper crops but with low efficacy, representing a challenge in current greenhouse biosecurity. The spread of ToBRFV by predatory mirids and secondary pests shifts virus control strategies from solely mechanical to a vector-based epidemiology focus. Further studies are needed to clarify whether such transmission is associated with the insects' feeding behavior or is simply due to mechanical spread by contact.

Financiado por Research funded by the project 'Virus-vector interactions, transmission mechanisms and integrated pest management in tomato and pepper crops' funded by Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades (Grant: PID2024-157406OB-C21). Authors also thank 'Programa Atracción de Talento César Nombela, Comunidad de Madrid' (Grant: 2025-T1/BIO-36326).

P.42: Dinámica estacional de *Xylella fastidiosa* en variedades de almendro tradicionales de Baleares

Silvia Barbé Martínez[1], Félix Morán Villamizar[1], Miriam Simó-Esquivel[2], Luis Felipe Arias Giraldo[1], Inmaculada Navarro-Herrero[1], Adela Monterde[1], Alicia Nieto López[3], Francesc Adrover[3], Diego Olmo García[3], Ester Marco-Noales[1]

[1] *Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias (IVIA), Moncada, Valencia.*

[2] *Tragsa, Empresa de Transformación Agraria, Delegación de Valencia.*

[3] *Institut de Recerca i Formació Agroalimentària i Pesquera de les Illes Balears (IRFAP), Palma, Illes Balears.*

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: sintomatología; aislamiento; tejidos leñosos; pecíolo; fenología; persistencia sistémica

Resumen: El seguimiento de *Xylella fastidiosa* en condiciones de campo es clave para comprender su epidemiología y optimizar estrategias de diagnóstico. En este estudio se evaluó la evolución temporal de la sintomatología y la capacidad de aislamiento de la bacteria en 16 árboles pertenecientes a once variedades tradicionales de Baleares a lo largo de un año, durante el periodo de junio de 2023 a julio de 2024. Se realizaron muestreos periódicos, analizando tejido de pecíolo/nervio y madera, y registrando el nivel de sintomatología mediante una escala de 0 a 5. Los resultados mostraron una marcada variabilidad estacional. En junio de 2023 predominaban niveles bajos de sintomatología (0–2), mientras que en septiembre se observó un incremento significativo, con valores de hasta 4 en varias variedades. En octubre se detectaron síntomas en brotación nueva tras el verano, así como defoliación intensa en algunos árboles, aunque con hojas nuevas aparentemente sanas en determinados casos. Durante los meses de invierno y principios de primavera, la ausencia de hojas limitó la evaluación visual y el muestreo de tejidos foliares. El aislamiento bacteriano fue posible a lo largo de todo el periodo de estudio, confirmando la persistencia del patógeno en los árboles analizados y se identificaron a nivel de subespecie y tipo genético. Del mismo modo, los aislados fueron secuenciados mediante Oxford Nanopore Technology. La madera mostró una mayor consistencia como tejido para aislamiento en comparación con el pecíolo, probablemente debido a la dependencia de este último de la fenología del cultivo. En conjunto, los resultados evidencian que la sintomatología está fuertemente influenciada por la estacionalidad, con máximos tras el verano, mientras que *X. fastidiosa* persiste de forma sistémica independientemente de la expresión de síntomas. Estos hallazgos subrayan la importancia de considerar tanto el momento del muestreo como el tipo de tejido en programas de vigilancia y diagnóstico.

Financiado por Este trabajo ha sido posible gracias al proyecto Euphresco Xf-DORM (Diagnosis of *Xylella fastidiosa*: detection on dormant plants, important for Mediterranean countries), al Proyecto HORIZON-CL6-2021-FARM2FORK-01 BeXyl (Beyond *Xylella*, estrategias de gestión integrada para mitigar el impacto de la *Xylella fastidiosa* en Europa; n.º 101060593); y al Proyecto IVIA-GVA 52202D del Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias (proyecto susceptible de ser cofinanciado por la Unión Europea a través del Programa FEDER 2021-2027 de la Comunitat Valenciana).

P.43: Linking virome composition to genetic structure of *Aphis gossypii* populations across cucurbit agroecosystems

Marta Campillo Lizán[1], Mónica A. Hurtado Ruiz[2], Miguel Juárez Gómez[3], Inmaculada Ferriol Safont[4], Celia de Moya-Ruiz[1], Pedro Gómez López[1]

[1] *Centro de Edafología y Biología Aplicada del Segura (CEBAS), CSIC. Departamento de Biología del Estrés y Patología Vegetal. Murcia.*

[2] *Unitat Associada d'Entomologia UJI-IVIA, Departament de Ciències Agràries i del Medi Natural, Universitat Jaume I (UJI). Castelló de la Plana.*

[3] *Centro de Investigación e Innovación Agroalimentaria y Agroambiental (CIAGRO), Universidad Miguel Hernández de Elche. Alicante.*

[4] *Instituto de Ciencias Agrarias (ICA), CSIC, Madrid*

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: *Aphis gossypii*; population genetics; microsatellites; RNA-Seq; metatranscriptomics; virome; insect-specific viruses; vector competence; cucurbits.

Resumen: Aphids (*Aphis gossypii* Glover) are among the most damaging agricultural pests of cucurbit crops, exerting a dual affect as direct phloem feeders and as primary vectors of viral diseases. Current epidemiological studies have documented a rising incidence of aphid-transmitted viruses in the recent seasons, with recurrent mixed viral infections. However, the ecological factors governing vector competence and viral transmission remain poorly understood. In particular, whether the population genetic structure of *A. gossypii* populations, with potential intrinsic biological characteristics, could be relate to the composition of their associated virome is unknown. To this end, we characterized 32 *A. gossypii* populations collected from different host plants within cucurbit-producing regions of Spain, and assigned each population to a genetic cluster and to an associated virome profile. Population genotyping was performed using 14 microsatellite (SSR) loci, while virome profiling relied on RNA-Seq data analysis. Aphid genotyping analyses revealed four distinct genetic clusters, three of them consistent with the presence of cucurbit-associated local biotypes. Virome profiling uncovered a rich viral diversity, comprising plant-infecting viruses (with a marked prevalence of known members of the genera *Polerovirus* and *Potyvirus)*, including the identification of novel species belonging to genera *Polerovirus* and Coguvirus, in addition to insect-specific viruses (particularly of the *Dicistroviridae* family), mycoviruses and bacteriophages. This dual characterization is under multivariate ecological and statistical approaches to evaluate potential links between aphid genetic cluster identity and virome composition. These analysis aim to determine whether aphid differentiated biotypes carry distinct viral communities, which would implicate aphid biotypes as a biological driver of differential vector competence and viral spread across cucurbit agroecosystems.

Financiado por Este trabajo ha sido financiado por el proyecto PID2022-141108OB-I00, financiado por MCIN/AEI/10.13039/501100011033 y por el Fondo Europeo de Desarrollo Regional (FEDER, UE).

P.44: Nuevas especies de *Rosenbergiella* y *Agrococcus* asociadas a plantas de girasol

Silvia Barbé Martínez[1], Miriam Simó-Esquivel[2], Adela Monterde[1], Inmaculada Navarro-Herrero[1], Luis Felipe Arias Giraldo[1], Carlos Sellés-Ribera[1], Ester Marco-Noales[1]

[1] *Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias (IVIA), Moncada, Valencia*

[2] *Tragsa, Empresa de Transformación Agraria, Delegación de Valencia*

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: genómica comparativa; filogenómica; secuenciación híbrida; microbioma; colonizadores oportunistas; delimitación de especie

Resumen: Las especies del género *Rosenbergiella* están descritas como bacterias asociadas al néctar, flores e insectos polinizadores. En este trabajo se describe una nueva especie de este género, aislada a partir de embriones de girasol. Estos embriones, sometidos a condiciones de estrés por la acidificación del agua utilizada durante la germinación, presentaban necrosis. Sin embargo, la detección de la bacteria en un embrión asintomático sugiere que su presencia no está necesariamente asociada directamente al desarrollo de síntomas. Posteriormente, se realizaron aislamientos a partir de hojas y tallos de plantas desarrolladas procedentes del mismo material vegetal, que mostraban manchas necróticas foliares y oscurecimiento interno de los haces vasculares en el tallo. En estos tejidos, la identificación inicial mediante secuenciación del 16S rRNA, permitió asignar los aislados a los géneros *Agrococcus* y *Rosenbergiella*. Se obtuvieron los genomas de dos aislados de cada género mediante secuenciación híbrida, obteniéndose ensamblajes de alta calidad que permitieron cerrar los genomas. Los aislados presentan tamaños similares (~3,4 Mb), con un contenido GC del 47,6% en *Rosenbergiella* y del 72,5% en *Agrococcus* y entre 3.270–3.310 CDSs. Los genomas de *Rosenbergiella* sp. presentaron 71–78 tRNAs, 22 rRNAs y 22 ncRNAs, sin detección de CRISPR y con un número reducido de pseudogenes (10–11), mientras que los de *Agrococcus* sp. mostraron 45 tRNAs, 6 rRNAs y 2 pseudogenes, también sin sistemas CRISPR. El análisis filogenómico reveló que los aislados de ambos géneros presentan alta similitud entre sí, pero valores de ANI inferiores al 95% respecto a especies descritas, formando clados diferenciados dentro de cada género. Asimismo, los valores de dDDH fueron inferiores al 70% frente a especies conocidas, lo que respaldaría la delimitación de estas nuevas especies. Adicionalmente, los aislados fueron caracterizados fenotípicamente mediante morfología colonial y celular, perfiles bioquímicos y metabólicos y análisis de ácidos grasos. La capacidad de inducir respuesta hipersensible en tabaco fue evaluada, observándose su ausencia y apoyando su papel como colonizadores no patogénicos. Estos resultados sugieren que estos aislados representan una nueva especie confirmada dentro de cada género. Ambas bacterias, detectadas en tejidos de girasol sometidos a estrés, podrían actuar como colonizadores oportunistas capaces de proliferar en tejidos debilitados y formar parte de comunidades microbianas asociadas al estrés vegetal.

Financiado por Este trabajo ha sido posible gracias al Proyecto IVIA-GVA 52202D del Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias (susceptible de cofinanciación por la Unión Europea a través del Programa FEDER 2021–2027 de la Comunitat Valenciana).

P.45: Detección temprana de la infección por *Xylella fastidiosa* mediante sensores proximales: identificación de una respuesta fisiológica común en olivo, almendro y vid

Miguel Román-Écija, Rocío Calderón Madrid, José Luis Trapero-Casas, Guillermo León-Ropero, Fatima Zohra Benhalima, Juan Carlos Rivas-Romero, Concepción Olivares-García, Blanca B. Landa, Juan Antonio Navas-Cortés

Instituto de Agricultura Sostenible (IAS), Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), 14004 Córdoba, Spain

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: infección asintomática; detección temprana; sensores proximales; índices de vegetación; respuesta fisiológica; interacción planta-patógeno

Resumen: La detección de *Xylella fastidiosa* (*Xf*) antes de la aparición de síntomas visibles es fundamental para optimizar la vigilancia epidemiológica y favorecer un control temprano de plantas potencialmente infectadas. En este trabajo se han combinado ensayos en condiciones controladas y evaluaciones en campo con el objetivo de identificar, mediante sensores proximales, indicadores fisiológicos y bioquímicos foliares potencialmente asociados a la infección por *Xf* en distintos cultivos leñosos. Para ello, se inocularon artificialmente diferentes cepas de *Xf* representativas de los brotes europeos en olivo, almendro y vid, y se evaluó la respuesta de las plantas durante el proceso de infección en condiciones controladas. Por otro lado, se seleccionaron plantas de almendro y vid naturalmente infectadas por *Xf* en la isla de Mallorca, evaluándose hojas asintomáticas en ramas no infectadas, infectadas asintomáticas e infectadas sintomáticas, en las que se confirmó el estado de infección mediante qPCR. Se utilizaron cuatro sensores proximales: un sensor Dualex, un porómetro LI-COR y dos espectrofotómetros PolyPen que cubren las regiones espectrales visible e infrarroja cercana (400–1000 nm). El análisis de los 105 índices de vegetación y parámetros fisiológicos mostró patrones espectrales capaces de discriminar plantas sanas de plantas infectadas por *Xf* en las tres especies estudiadas. Dependiendo de la fecha de evaluación y de la especie huésped, se seleccionaron entre 13 y 21 índices con capacidad discriminante entre los distintos estados sanitarios de las ramas. Los modelos de aprendizaje automático (Random Forest, XGBoost, SVM y PLS-DA) alcanzaron una precisión de clasificación superiores al 70,1 %, valores del coeficiente kappa de Cohen superior a 0,40 y valores de AUC superior a 0.76. Los índices que contribuyeron en mayor medida a la discriminación de plantas infectadas, incluidas las asintomáticas, estuvieron principalmente relacionados con carotenoides, xantofilas, fluorescencia de la clorofila y estrés hídrico. Estos resultados indican la existencia de una respuesta fisiológica común en hojas frente a la infección por *Xf*, detectable mediante indicadores espectrales compartidos entre distintas especies huésped. La identificación de indicadores fisiológicos comunes asociados a la infección podría optimizar las estrategias de vigilancia y mejorar la detección de infecciones asintomáticas sin depender de respuestas específicas de una especie o cultivar. Asimismo, estos indicadores fisiológicos tempranos podrían contribuir a los programas de mejora genética al facilitar la evaluación rápida de la respuesta de los huéspedes frente a *Xf* en cultivos donde el desarrollo de síntomas es lento.

Financiado por BeXyl (Grant ID 101060593, EU-Horizon Europe), Proyectos PIE202340E021 y KODA, PID2024-161564OB-I00, PTI-SolXyl, Qualifica QUAL21-023 IAS, y Programa Momentum del CSIC e iniciativa Generación D de Red.es (fondos Next Generation de la Unión Europea).

P.46: ToFBV y PeVYV: evidencia de transmisión por semilla y localización de viriones en tejido seminal

Violeta Martínez Bernal, Álvaro Gutiérrez Erizo, Ana Alfaro Fernández, Esmeralda Sanahuja Edo, María Isabel Font San Ambrosio

Instituto Agroforestal Mediterráneo. Universitat Politècnica de València

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: cubierta; hipocótilo; *Capsicum annuum*; radícula; *Solanum lycopersicum*; transmisión vertical.

Resumen: El tomate y el pimiento son dos cultivos de solanáceas estratégicos en España por su importancia en producción y superficie cultivada. Ambos se ven afectados por virus que comprometen el rendimiento y la calidad del fruto, como el tomato fruit blotch virus (ToFBV) y el pepper vein yellows virus (PeVYV). ToFBV se transmite en la naturaleza por el ácaro vasates (*Aculops lycopersici*) y presenta una translocación sistémica lenta, induciendo síntomas principalmente en los frutos de tomate. Por su parte, PeVYV es un polerovirus transmitido de forma persistente por pulgones, que causa amarilleamiento foliar, falta de coloración y deformación de los frutos de pimiento. Sin embargo, hasta el momento no se había descrito su transmisión por semilla. El objetivo de este trabajo fue evaluar la posible transmisión por semilla de ToFBV y PeVYV, así como determinar la localización de los viriones en el tejido seminal. Para ello, se obtuvieron semillas de frutos positivos y se sembraron un total de 320 semillas de tomate y 298 de pimiento, este último procedentes de dos lotes diferentes. Las plántulas desarrolladas se mantuvieron en condiciones fitosanitarias controladas y se analizaron mediante RT-PCR en grupos de 5 transcurridos 1 y 2 meses tras la siembra. En ambos casos no se detectaron ni ToFBV ni PeVYV en plantas de 1 mes, pero sí a los 2 meses tras la siembra. Los resultados de este trabajo evidencian la transmisión por semilla de ambos virus, con una tasa del 1,95 % para ToFBV y entre el 0,8 y el 2,2 % para PeVYV. Para estudiar la localización de los viriones en el tejido seminal, se sembraron semillas sobre papel humedecido en fiambreras de plástico mantenidas en cámara de cultivo a 25 °C. Tras la germinación, se separaron las cubiertas y el eje radícula–hipocótilo en grupos de 5. La mitad de las muestras se lavaron con fosfato trisódico al 10 % durante 10 minutos. El análisis mediante RT-PCR detectó ambos virus tanto en cubiertas como en el eje radícula–hipocótilo, en muestras lavadas y no lavadas, lo que sugiere la presencia de partículas virales no solo en la superficie, sino también en tejidos internos de las semillas.

Financiado por Financiación propia del Grupo de Virología del Instituto Agroforestal Mediterráneo de la Universitat Politècnica de València.

Área: Gestión de Enfermedades

P.47: Interacción *Penicillium rubens* cepa 212 (PO212)-raíces de tomate: una aproximación transcriptómica

Elena Requena Galindo[1], María Ruíz Navarro[2], María Inmaculada Larena Nistal[1]

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

[2] *Universidad Complutense de Madrid, Madrid*

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: Biocontrol; PO212; *Penicillium rubens*; tomate; RNA-Seq; Expresión Diferencial de Genes

Resumen: La cepa 212 de *Penicillium rubens* (PO212) es un eficaz agente de control biológico (ACB) capaz de proteger cultivos hortícolas frente a diversas enfermedades, entre ellas la marchitez vascular del tomate causada por *Fusarium oxysporum* f.sp. *lycopersici*. El principal modo de acción de PO212, es la inducción de resistencia en las plantas huésped. Tras la interacción de PO212 con la planta, se activa una respuesta transcripcional que prepara a la planta para responder de forma más eficiente ante un posterior ataque de patógenos. Nuestro objetivo es hacer un análisis transcripcional de las raíces de plantas de tomate en contacto con conidias de PO212 que nos permita caracterizar los patrones de expresión génica asociados a esta interacción planta–ACB. Para ello, se llevó a cabo un análisis comparativo de RNA-Seq en muestras de raíces expuestas a una suspensión de conidias de PO212 en una solución de Hoagland con sacarosa (1M) y en muestras de raíces control en solución de Hoagland con sacarosa (1M). Las muestras se recogieron a las 24 y 48 horas desde el comienzo de la interacción. El análisis de expresión génica diferencial reveló la existencia de genes sobreexpresados de manera sostenida en ambos tiempos de muestreo. Entre ellos, se identificó un clúster de genes implicado en la síntesis de aceites esenciales que podría estar implicado en la inducción de resistencia vegetal. Estos resultados serán discutidos.

Financiado por Investigación subvencionada por el Proyecto PID2021-123594OR-C21 financiado por MCIN/AEI/10.13039/501100011033/FEDER, UE; y por el proyecto PID2024-158958OR-C31 financiado por MICIU/AEI/10.13039/501100011033/FEDER, UE. E. Requena tuvo un contrato laboral en el proyecto PID2021-123594OR-C21 financiado por MCIN/AEI/10.13039/501100011033/FEDER, UE. M. Ruíz-Navarro recibió una beca de Introducción a la Investigación JAE INTRO 2024 (JAEINT24_EX_0851) del CSIC (MICIU, España).

P.48: Actividad antifúngica *in vitro* de compuestos fenólicos contra hongos causantes de enfermedades de poscosecha de fruta de hueso

Gianmarco Amorico[1], Rodrigo Rojas Carmona[1], Paloma Quintanilla[2], María Bernardita Pérez-Gago[1], María Teresa Cháfer Nácher[3], Amparo Chiralt[3], Lluís Palou Vall[1]

[1] *Institut Valencià d'Investigacions Agràries (IVIA), Valencia*

[2] *Universitat Politècnica de València (UPV), Valencia*

[3] *Institut FoodUPV, UPV, Valencia*

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: Fruta de hueso; enfermedades de poscosecha; compuestos fenólicos; inhibición *in vitro*; ácidos ferúlico; gálico; tánico

Resumen: Las podredumbres fúngicas pueden ser responsables de más del 40% de las pérdidas en poscosecha de frutas, lo que pone de manifiesto la necesidad urgente de estrategias de control eficaces, seguras y sostenibles. En este contexto, los compuestos fenólicos naturales, especialmente aquellos obtenidos a partir de subproductos de la industria agroalimentaria, pueden representar una alternativa prometedora a los fungicidas sintéticos. En el presente estudio se evaluó la actividad antifúngica *in vitro* de tres compuestos fenólicos [ácido tánico (disuelto en etanol y en agua) y ácido gálico y ácido ferúlico (disueltos en etanol al 50 %)] frente a los principales patógenos fúngicos causantes de enfermedades de poscosecha en fruta de hueso: *Monilinia fruticola* (MF), *Botrytis cinerea* (BC), *Penicillium expansum* (PE), *Alternaria alternata* (AA) y *Colletotrichum gloesporioides* (CG), a las concentraciones de 2,4, 1,8, 1,2, 0,6 y 0,1 mg L^{-1}. El método utilizado fue la determinación del crecimiento fúngico en microplacas de 96 pocillos con medio de cultivo Caldo Patata Dextrosa (PDB), midiendo la densidad óptica a 600 nm durante 4 días de incubación a 25 °C. Los resultados revelaron una buena actividad antifúngica *in vitro* de todos los compuestos a concentraciones muy bajas. Tras 72 y 96 h de incubación se observó la inhibición total de MF, BC y PE con ácido ferúlico, de BC y PE con ácido gálico, y de PE con ácido tánico disuelto en etanol, todos a una concentración de 0,1 mg L^{-1}. También se obtuvo una inhibición total de AA y CG con ácido ferúlico a una concentración de 0,6 mg L^{-1}. En conjunto, estos resultados *in vitro* ponen de manifiesto el alto potencial de los compuestos fenólicos evaluados como agentes antifúngicos naturales para el control sostenible de enfermedades de poscosecha de fruta de hueso, si bien su eficacia deberá ser validada mediante ensayos *in vivo*.

Financiado por Proyecto IVIA 52201I, cofinanciado por el programa de la UE FEDER Comunitat Valenciana 2021-2027. La contratación de G. Amorico ha sido financiada por el programa Marisa Badenes del IVIA, cofinanciado por el programa de la UE FSE+ Comunitat Valenciana 2021-2027.

P.49: Eficacia de una formulación de un desinfectante a base de extractos vegetales y enzimas en el control de enfermedades fúngicas de producción y postcosecha

Gemma Roselló[1], Laura Montesinos Barreda[1], Pau Miralles[2], Torben Jahrmann[2], Anna Bonaterra[1], Emilio Montesinos Seguí[1]

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

[2] *Ametller Origen, Olèrdola, Barcelona.*

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: Actividad antifúngica; postcosecha; plantas de tomate; *Botrytis cinerea*; *Alternaria alternata*; *Penicillium expansum*

Resumen: Con la estrategia «Farm to Fork», la Unión Europea pretende reducir el uso de fitosanitarios químicos con el objetivo de lograr una agricultura más sostenible. En este contexto, ha aumentado la demanda de productos fitosanitarios alternativos y se ha impulsado el interés por el desarrollo de nuevas soluciones sostenibles, de bajo impacto ambiental y biodegradables. En este sentido, los productos formulados con principios activos de origen vegetal y enzimático se presentan como buenos candidatos. En este trabajo se ha estudiado un producto basado en extractos vegetales y compuestos enzimáticos que ha demostrado un amplio espectro de acción frente a diversos microorganismos, actuando además como desinfectante. Inicialmente, se determinó la actividad antifúngica de cuatro formulaciones del producto *in vitro* con el test de incorporación en agar contra *Botrytis cinerea* y *Alternaria alternata*. Aunque las 4 formulaciones presentaron una concentración mínima inhibitoria (CMI) de 0.01-0.05%, se escogió la formulación donde se observó un menor crecimiento fúngico. A continuación, se estudió la eficacia de esta formulación empleando distintas estrategias de aplicación en el control de las infecciones de postcosecha causadas por *B. cinerea* en fresón y en el control de las infecciones causadas por *A. alternata* en plantas de tomate. La estrategia de aplicación preventiva y curativa fue la que presentó mayor reducción de la severidad de las infecciones causadas por estos hongos fitopatógenos. Finalmente, se estudió la eficacia de esta formulación del producto empleando la estrategia de aplicación preventiva-curativa en el control de las infecciones causadas por *Penicillium expansum* en uva de mesa. La eficacia que presentó esta formulación fue similar a la presentada por los productos comerciales incluidos en el ensayo. **Además, actualmente se está estudiando su actividad como viricida en el control del virus del rugoso del tomate (ToBRFV).** Se concluye que la formulación presenta un elevado potencial para ser utilizada como bioplaguicida.

Financiado por *Actuació del Pla estratègic de la PAC 2023-2027 cofinançada per:* Ministerio de Agricultura, Pesca y Alimentación, por la Unión Europea y la Generalitat de Catalunya. Actuación vinculada al Grupo Operativo: ACC_2023_EXP_SIA004_03_0000378 “Desenvolupament d’una nova estratègia sostenible pel control de *Botrytis* i *Alternaria* en fruiters i hortalisses”.

P.50: Estrategias de manejo químico para el control de *Pyrenophora teres* f. *teres* en cebada

Malena Alemany, Matias Van den Dorpel, María Palladino

Facultad de Agronomía - Universidad de la Republica, Paysandú, Uruguay

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: mancha en red tipo red; curasemilla; fungicidas foliares; bioestimulantes

Resumen: La mancha en red tipo red (MRtr), causada por *Pyrenophora teres* f. *teres* (Ptt), es una de las principales enfermedades foliares de la cebada, afectando la calidad y el rendimiento del grano. El objetivo de este trabajo fue evaluar estrategias de manejo químico para el control de MRtr, considerando el uso de fungicidas curasemillas, fungicidas foliares y bioestimulantes, así como el momento de aplicación y su interacción con cultivares de distinto comportamiento sanitario frente a MRtr. Durante la zafra 2024 se realizaron dos ensayos a campo en la Estación Experimental “Dr. Mario A. Cassinoni” de la Facultad de Agronomía, Paysandú. En el primer ensayo se analizó la interacción entre el tratamiento curasemilla y el momento de aplicación de una mezcla de fungicidas foliares en dos cultivares con comportamiento sanitario contrastante frente a Ptt. En el segundo ensayo se evaluó la relación entre el uso de fungicidas curasemilla y distintos momentos de aplicación de mezclas de fitosanitarios foliares en un cultivar susceptible a Ptt. En ambos ensayos se registraron variables epidemiológicas y productivas, como severidad, área bajo la curva del progreso de la enfermedad (ABCPE), rendimiento en grano y peso de mil granos (PMG). En el ensayo uno, los resultados mostraron que las estrategias químicas evaluadas redujeron significativamente la severidad, expresada como ABCPE, respecto al testigo enfermo. Los tratamientos que integraron curasemilla y aplicaciones foliares en momentos estratégicos mostraron mayor eficiencia de control de MRtr. Sin embargo, en varios casos la disminución de la severidad no se tradujo en diferencias significativas en el rendimiento. En cuanto al PMG, se observaron interacciones significativas entre la variedad y el fungicida, indicando respuestas diferenciales según el comportamiento sanitario del material genético. En el segundo ensayo, el manejo integrado que combina resistencia genética, uso de curasemilla y aplicaciones foliares estratégicas constituyó una estrategia eficaz para reducir la severidad de MRtr. No obstante, bajo ciertas condiciones ambientales, la reducción del progreso de la enfermedad no necesariamente se reflejó en incrementos significativos del rendimiento. Estos resultados resaltan la importancia de considerar el momento de infección, la susceptibilidad del cultivar y las condiciones climáticas al diseñar estrategias de control químico, así como la necesidad de continuar investigando la relación entre el control epidemiológico y el impacto en la productividad.

Financiado por sin finnciamiento.

P.51: Evaluación de PO212 para el control de *Fusarium oxysporum* f. sp. *lactucae* aplicado en campo

Maria del Mar Guerrero Díaz[1], Carmen María Lacasa Martínez[1], Sandra Alcázar Carrasco[1], Ana Veronica Martínez Izquierdo[1], Angel Campillo Pastor[1], Belén Guijarro Díaz-Otero[2], Yolanda Herranz[2], Paloma Melgarejo[2], María Inmaculada Larena Nistal[2]

[1] *IMIDA Murcia*

[2] *INIA-CSIC Madrid*

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: biocontrol; patógenos; hongos

Resumen: Con la detección de *Fusarium oxysporum* f. sp. *lactucae en Murcia en 2020 (Guerrero et al, 2020) el cultivo de lechuga se encontró amenazado. Dada la* importancia económica de este cultivo en la Región de Murcia cuya producción es mayor de 430.459 t (Estadística Agraria de la Región de Murcia 2021), la búsqueda de alternativas para su control se hace imprescindible. En la actualidad la presencia del hongo se ha detectado en las 5 comarcas de la Región donde se cultiva lechuga, siendo el Campo de Cartagena la última de éstas donde se ha detectado presencia del hongo recientemente donde se cultivan cerca de 4.164 ha. El agente de biocontrol PO212 *(Penicillium rubens)* desencadena los mecanismos naturales de defensa en plantas de tomate frente a *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici* (De Cal et al., 2000). Previo a este ensayo se realizaron otros para evaluar en condiciones controladas en efecto de PO212 sobre la fusariosis de lechuga. El siguiente paso ha sido su evaluación en condiciones de campo para el control de la fusariosis vascular de la lechuga provocada por *Fusarium oxysporum* f. sp. *lactucae*. En dos de los formulados ensayados el número de plantas muertas por fusarium fue menor que en el resto de formulados incluso que tusal. En cuanto a los niveles de clorofila fueron significativamente mayores en las lechugas tratadas con el agente que biocontrol en cualquiera de los formulados respecto al resto. Convendría seguir ensayando los formulados con los que mejor resultado se obtuvieron.

Financiado por PID2021-123594OR-C22, PID2024-158958OR-C32 projects (MCIN/AEI/10.13039/501100011033/FEDER, UE) and PO FEDER 2021-2027 PS lechuga.

P.52: Desinfección de suelo enarenado con isotiocianato de alilo y solarización para cultivo de pimiento de invernadero

José Ignacio Marín-Guirao[1], Felipe Peiró Peiró[1], David Arrescurrenaga[1], Miguel Talavera Rubia[2], Miguel de Cara García[1]

[1] *IFAPA Centro La Mojonera. La Mojonera (Almería).*

[2] *IFAPA Centro Alameda del Obispo*

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: adventicias; *Capsicum anuum*; fumigación; *Fusarium*; *Meloidogyne*; producción

Resumen: Se ha evaluado el papel desinfectante de un formulado de isocianato de alilo (AITC) (Agroarena®) sobre las poblaciones de nematodos fitoparásitos (NFP) del suelo, hongos del género *Fusarium*, y adventicias, en un suelo enarenado de invernadero de Almería cultivado con pimiento. El experimento contó con un diseño en cuatro bloques al azar con cuatro tratamientos: AITC (baja) (200 L/ha), AITC (alta) (300 L/ha), metam sodio (300 L/ha) y control (agua). Los tratamientos se aplicaron en julio de 2024 previa colocación en los suelos del plástico de solarización totalmente impermeable (TIF). A finales de septiembre se trasplantó un pimiento tipo "dulce italiano", que no recibió ningún tratamiento fungicida ni nematicida durante el cultivo. Se cuantificó en los suelos la presencia de nematodos fitoparásitos (extracción de formas móviles) y *Fusarium* (análisis microbiológico con medio semiselectivo) antes de las aplicaciones, tras retirar el plástico TIF, y al finalizar el cultivo de pimiento. Las adventicias se computaron hasta 60 días desde el trasplante, anotando el porcentaje de goteros con presencia de adventicias por parcela experimental. También se evaluó la producción de pimiento total durante los 5 meses que duró el ciclo. Respecto de la eficacia nematicida, no se observaron diferencias significativas entre tratamientos, resultando el tratamiento con AITC el que mayor mortalidad provocó (73%) y la solarización con agua el menos letal (48%). En todos los casos las poblaciones de NFP alcanzaron al finalizar el cultivo niveles similares a los previos a los tratamientos. El control de *Fusarium* fue muy alto en todos los tratamientos incluido el de solarización con agua. Las poblaciones de este género fúngico se mantuvieron muy bajas hasta la finalización del cultivo. En cuanto al control de adventicias, la solarización con agua no permitió un control comparable al de los otros tratamientos ($p=0,0008$), siendo igualmente herbicidas las dos dosis de AITC y el metam sodio. La producción de pimientos fue mayor donde se aplicó AITC, tanto a dosis baja como alta, con producciones superiores a la del tratamiento con metam sodio (entre 69-72% respecto de AITC) y al de solarización con agua (entre 62-64% respecto de AITC) ($p=0,0003$). El isocianato de alilo (AITC) ha mostrado a las dosis evaluadas una eficacia nematicida, fungicida y herbicida equiparable a la del único fumigante autorizado en la actualidad en cultivos de invernadero, mejorando el resultado final de producción en cultivo de pimiento conducido en suelo enarenado.

Financiado por Convenio IFAPA-AGROQUÍMICOS DEL LEVANTE (CEM 073/2022).

P.53: Rotación y biodesinfección con *Crotalaria* y *Sorghum* para el control de poblaciones de *Fusarium* en suelo de invernadero

José Ignacio Marín-Guirao[1], Mariló Vela Delgado[2], Felipe Peiró Peiró[1], David Arrescurrenaga[1], Miguel Talavera Rubia[3], Miguel de Cara García[1]

[1] *IFAPA Centro La Mojonera*

[2] *IFAPA Centro Rancho la Merceed*

[3] *IFAPA Centro Alameda del Obispo*

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: biosolarización; *C. juncea*; *F. oxysporum*; F. solani; F. equiseti; pasto de Sudán.

Resumen: Se ha evaluado la evolución de tres poblaciones de *Fusarium* con formas patógenas de diferentes cultivos hortícolas: *F. oxysporum*, *F. solani* y *F. equiseti*, en el suelo de un invernadero experimental ubicado en Chipiona (Cádiz). El experimento ha seguido una distribución al azar en 4 bloques, con tres tratamientos que se reprodujeron en las campañas 2024/25 y 2025/26, a saber, TC: rotación de *Crotalaria juncea* seguida de biosolarización del suelo con la biomasa autogenerada, TP: rotación de pasto de Sudán (*Sorghum sudanense* x *S. bicolor*) seguida de biosolarización con la biomasa autogenerada, TT: testigo sin rotación y sin desinfección del suelo. Tras los tratamientos se condujeron sendos cultivos de pepino. Los suelos fueron analizados mediante la técnica de Warcup empleando medio de cultivo semiselectivo para *Fusarium*, identificando las especies por morfología y morfometría en medio carnation-leaf-agar, y realizando el cómputo de unidades formadoras de colonia activas. Se tomaron muestras en 7 momentos: situación de partida antes de la primera rotación (M1), y en ambos años al finalizar el cultivo de la rotación (M2, M5), al finalizar la biosolarización del suelo (M3, M6), y al finalizar el cultivo de pepino (M4, M7). Respecto de *F. oxysporum*, desde el primer ciclo de rotaciones (M2) el suelo testigo presentó poblaciones mayores que los otros tratamientos, aunque sólo se marcaron diferencias estadísticamente significativas en el último muestreo (M7, *p=0*) (TC=0 ufc/g, TP=4±8 ufc/g, TT=122±45 ufc/g). Con las poblaciones de *F. solani* se ha observado en la segunda campaña un descenso continuado en los suelos TC y TP, marcando diferencias con el TT tras la segunda biosolarización (M6, *p=0,0237*) (TC=59±67 ufc/g, TP=83±101 ufc/g, TT=962±607 ufc/g) y a la finalización del segundo cultivo de pepino (M7, *p=0,0007*) (TC=333±210 ufc/g, TP=323±269 ufc/g, TT=3.255±824 ufc/g). En el caso de *F. equiseti*, la diferencia entre tratamientos ha sido más continuada aún, con poblaciones superiores en TT respecto a TC y TP en cinco momentos (M2, M3, M4, M6 y M7), destacando las diferencias tras la segunda biosolarización (M6, *p=0,0006*) (TC=46±37 ufc/g, TP=50±33 ufc/g, TT=3.787±1.617 ufc/g) y a finalización del segundo cultivo de pepino (M7, *p=0,0002*) (TC=152±166 ufc/g, TP=93±65 ufc/g, TT=2.776±558 ufc/g). La implementación de la rotación seguida de biosolarización con *Crotalaria* o pasto de Sudán ha ofrecido resultados satisfactorios al reiterarse en dos años seguidos, permitiendo el control de las especies de *Fusarium* estudiadas, erigiéndose como una alternativa eficaz a la fumigación de suelos para cultivos en invernadero mediterráneo.

Financiado por Proyecto OPTIMSOIL (PID2021-125545OR-C21): MICIU/AEI/10.13039/501100011033 y FEDER, UE. Ayuda PRE2022-105683: MICIU/AEI /10.13039/501100011033 y FSE+, UE.

P.54: Inheritance of ZYMV resistance in *Cucurbita*: evidence from a backcross population

Cristina Esteras[1], Miguel Leiva-Brondo[1], Candela González del Rio[1], Alicia Sifres Cuerda[1], Carmelo López del Rincón[1,2]

[1] *Instituto de Conservación y Mejora de la Agrodiversidad Valenciana (COMAV-UPV), Universitat Politècnica de València, Camino de Vera, s/n 46022 Valencia*

[2] *Universitat Politècnica de València*

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: *Potyvirus*; QTL; Virus resistance; plant breeding; Cucurbit; backcross

Resumen: Several diseases can affect cultivated species within the genus *Cucurbita*, including squashes, pumpkins, and gourds. These diseases may be caused by fungi, bacteria, or viruses. Virus-caused diseases are particularly problematic, as control measures are often ineffective. Consequently, genetic resistance is the most suitable strategy employed in plant breeding programs. Zucchini yellow mosaic virus (ZYMV) is one of the most damaging viruses affecting the genus *Cucurbita*, capable of causing total loss of commercial yield. Although several resistance genes have been identified, breeding efforts are still ongoing. Resistance was identified in an accession of the wild relative *Cucurbita ecuadorensis*, although genetic control has not been completely determined. Previous to this work, multiple segregating generations have been evaluated, and several putative QTLs associated with resistance have been identified employing a segregant population derived from the *C. ecuadorensis* accession PI 432443 and the *Cucurbita maxima* accession BGV004558, the major one in chromosome 3 (4.5 – 8.7 Mbp in *C. maxima* genome assembly v1.1). Resistance is currently being introgressed into this *C. maxima* accession. In the present study, a backcross generation derived from a cross between the F_1 and the susceptible parent *C. maxima* was evaluated for virus infection and for the presence of previously detected QTLs with the aim to confirm the involvement of these genomic regions in their differential response against infection. Plantlets were grown in a climatic chamber. Symptoms assessment was carried out after mechanical inoculation at 14, 21 and 28 days after inoculation and also, RT-qPCR was performed to estimate viral accumulation. Genotyping of SNPs designed in the regions of these potential QTLs in chromosomes 3, 1 and 5 was carried out through HRM technique. Results indicate a complex, polygenic genetic control, though one previously identified QTL in chromosome 3 shows a consistent association with resistance. These findings contribute to understanding the genetic basis of ZYMV resistance and will support future plant breeding efforts in *Cucurbita*.

Financiado por This work was supported by grants PID2021-125787OR-C33 and PID2024-155251OR-C33 funded by MICIU/AEI/10.13039/501100011033 and by FEDER, UE, and by Conselleria de Innovación, Universidades, Ciencia y Sociedad Digital (Generalitat Valenciana) through the EMERGENTE project GV/2020/025.

P.55: Evaluación de Timol, Carvacrol y Eugenol contra hongos causantes de enfermedades de la madera de la vid

Cristina Pinedo Rivilla[1], Yesli E. García[1], Inmaculada Izquierdo Bueno-Reina[2]

[1] *Departamento de Química Orgánica, Facultad de Ciencias, Universidad de Cádiz, Puerto Real 11510, Cádiz, Spain.*

[2] *Departamento de Biomedicina, Biotecnología y Salud Pública, Facultad de Ciencias del Mar y Ambientales, Universidad de Cádiz, Puerto Real, 11510 Cádiz, Spain.*

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: EMVs; hongos fitopatógenos; *Eutypa*; *Seimatosporium*; *Diplodia*

Resumen: Las enfermedades de la madera de la vid (EMVs) son una de las principales amenazas para la viticultura a nivel mundial, causando pérdidas económicas significativas y reduciendo la longevidad y productividad de los viñedos. Estas enfermedades son provocadas por hongos fitopatógenos que colonizan los tejidos vasculares de la vid, generando síntomas como necrosis, marchitez, reducción del vigor y, en casos avanzados, la muerte de la planta[1]. Actualmente, los métodos de control se basan principalmente en la prevención, dado que los fungicidas convencionales tienen eficacia limitada y están sujetos a regulaciones ambientales[2]. En este contexto, los aceites esenciales y sus compuestos bioactivos han surgido como alternativas prometedoras por sus propiedades antimicrobianas y su menor impacto ambiental. El presente estudio se centró en evaluar la actividad antifúngica de tres compuestos fenólicos presentes en aceites esenciales: **carvacrol, timol y eugenol**, frente a cuatro especies de hongos responsables de las EMVs: *Eutypa lata*, *Diplodia seriata*, *Seimatosporium vitis-viniferae* y *Didymosphaeria variabile*[3,4]. Se realizaron ensayos de inhibición del crecimiento fúngico mediante la técnica de envenenamiento del medio[5], evaluando su eficacia a lo largo del tiempo. Además, se llevó a cabo un análisis preliminar de la capacidad de los hongos para metabolizar y destoxificar estos compuestos mediante fermentaciones en medio líquido con técnicas cromatográficas. Los resultados indicaron que el carvacrol y el timol fueron los compuestos más eficaces, logrando inhibiciones superiores al 90% a 200 ppm, con un efecto sostenido en el tiempo. Ambos compuestos alteraron significativamente la morfología de los hongos. En contraste, el eugenol mostró menor actividad antifúngica, con una inhibición máxima del 79%, y su eficacia disminuyó más rápidamente, sugiriendo que ciertos hongos pueden desarrollar mayor tolerancia a este compuesto. Los ensayos de destoxificación revelaron que algunos de los hongos estudiados fueron capaces de metabolizar los compuestos fenólicos, especialmente en el caso del timol y el eugenol, lo que sugiere la necesidad de estudios adicionales para caracterizar estos productos de degradación y evaluar su impacto en la persistencia del tratamiento en campo. Los hallazgos de este estudio refuerzan el potencial del carvacrol y el timol como alternativas viables para el control de las EMVs, proporcionando una estrategia más sostenible para la protección de los viñedos y reduciendo la necesidad de fungicidas sintéticos, alineándose con las tendencias actuales hacia una agricultura más ecológica y sostenible.

Referencias

1. F. Fontaine, F. P. Trouillas, J. Armengol and A. Eskalen, Annu. Rev. Phytopathol., 2025, 63, 577–602.
2. V. Mondello, A. Songy, E. Battiston, C. Pinto, C. Coppin, P. Trotel-Aziz, C. Clément, L. Mugnai and F. Fontaine, Plant Dis., 2018, 102, 1189–1217.
3. K. Štůsková, V. Mondello, E. Hakalová, D. Tekielska, F. Fontaine and A. Eichmeier, Phytopathol. Mediterr., 2023, 62, 307–319.
4. J. Zhang, S. Ma, S. Du, S. Chen and H. Sun, J. Food Sci. Technol., 2019, 56, 2611–2620.
5. C. Pinedo-Rivilla, J. Moraga, G. Pérez-Sasián, A. Peña-Hernández, I. G. Collado and J. Aleu, Plants, 2020, 9, 1–11.

Financiado por Proyecto FEDER-UCA-2024-A2 -57 cofinanciado por el Programa Operativo FEDER Andalucía 2021-2027 y por la Consejería de Universidad, Investigación e Innovación de la Junta de Andalucía.

P.56: Integrated Prevention and Biocontrol Solutions for most devastating *Citrus* Pests (CITRUSBUSTERS)

Genoveva Arques Verdú[1], Julián Calleja Cabrera[1], Ibai Lenitz Etxaburu[1], Rodrigo Rocha Latado[2], Valdenice Moreira Novelli[2], Letícia Maria Ferreira[2]

[1] *AINIA, Paterna, España*

[2] *Sylvio Moreira Citrus Center, Agronomic Institute (IAC), Cordeirópolis, São Paulo, Brasil*

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: plagas; HLB; biocontrol; iRNA; endolisinas

Resumen: El proyecto **CITRUSBUSTERS** tiene como objetivo desarrollar soluciones innovadoras y sostenibles para proteger el cultivo de cítricos frente a dos de las amenazas fitosanitarias más relevantes a nivel mundial: por un lado, el Huanglongbing (HLB), una enfermedad bacteriana devastadora asociada a *Candidatus Liberibacter* spp. y transmitida por insectos vectores como *Diaphorina citri* y *Trioza erytreae*, y por otro, la mancha negra de los cítricos, causada por el hongo *Phyllosticta citricarpa*, responsable de importantes pérdidas económicas y restricciones comerciales. Para abordar estos problemas, el proyecto integra diferentes herramientas biotecnológicas orientadas a reducir el uso de fitosanitarios convencionales y avanzar hacia un modelo más sostenible. Entre las estrategias desarrolladas destacan las basadas en ARN interferencia (iRNA) para el control de los insectos vectores del HLB. En este enfoque, se han identificado genes esenciales en *Diaphorina citri* y se han diseñado moléculas de dsRNA capaces de interferir en funciones vitales del insecto. Estas moléculas han sido sintetizadas y evaluadas en ensayos de letalidad, mostrando efectos variables en la mortalidad según la diana seleccionada, con algunos genes presentando un alto potencial. Sin embargo, aún existen limitaciones importantes relacionadas con la eficiencia de entrega y absorción del dsRNA. Paralelamente, se están desarrollando recursos genómicos para aplicar esta estrategia también a *Trioza erytreae*. De forma complementaria, el proyecto explora el uso de endolisinas como herramienta para el control del microorganismo causante del HLB. Estas enzimas han sido producidas y purificadas con éxito en *E. coli* y han mostrado ausencia de actividad frente a microorganismos no diana. Su validación se realizará en el futuro en un sistema *in vitro* con *Candidatus Liberibacter*; mientras tanto, los ensayos se están llevando a cabo utilizando *Liberibacter crescens* como organismo modelo. Además, en las siguientes fases del proyecto se abordará el desarrollo y evaluación de compuestos bioactivos con actividad antifúngica frente a *Phyllosticta citricarpa*, mediante su producción biotecnológica, caracterización y validación, con el objetivo de identificar nuevas alternativas sostenibles para el control de la mancha negra de los cítricos. En conjunto, estas estrategias representan aproximaciones prometedoras para el control específico y sostenible de plagas y enfermedades en cítricos, con especial enfoque en el HLB y la mancha negra, aunque todavía requieren optimización para su transferencia efectiva a condiciones de campo.

Financiado por European Union's Horizon Europe Research executive agency (REA), **Grant Agreement N° 101181709.**

P.57: Eficacia de la solarización con isotiocianato de alilo para cultivo enarenado de tomate

José Ignacio Marín-Guirao[1], David Arrescurrenaga[1], Felipe Peiró Peiró[1], Miguel Talavera Rubia[2], Miguel de Cara García[1]

[1] *IFAPA Centro La Mojonera (Almería)*

[2] *IFAPA Centro Alameda del Obispo (Córdoba)*

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: adventicias; fumigación; *Fusarium*; *Meloidogyne*; producción; *Solanum lycopersici*; suelo

Resumen: El cultivo de tomate de invernadero es una de las actividades agrarias que más empleo y riqueza genera en Andalucía. Este cultivo se hace en suelos comúnmente enarenados, con escaso o nulo laboreo, siendo la norma cultivos con producciones de otoño/invierno año tras año, con o sin rotación primaveral con cucurbitáceas. Durante varias semanas en verano, el suelo queda inculto y se suele desinfectar mediante solarización con plástico transparente, que implica el riego del suelo hasta alcanzar capacidad de campo. Este riego puede incluir la aplicación de un fumigante. El isocianato de alilo (AITC) es una materia activa con actividad biocida, que se puede formular para aplicaciones de fumigación al suelo. En este trabajo se evaluó el efecto de un formulado de AITC (Agroarena®) sobre las poblaciones de nematodos fitoparásitos (NFP) del suelo, hongos del género *Fusarium*, y adventicias, en un suelo enarenado de invernadero de Almería. El experimento contó con un diseño en cuatro bloques al azar con cuatro tratamientos: AITC (baja) (200 L/ha), AITC (alta) (300 L/ha), metam sodio (300 L/ha), control (agua). Se aplicaron los tratamientos en julio de 2023 previa colocación en los suelos del plástico de solarización totalmente impermeable (TIF). A finales de septiembre se trasplantó un cultivo de tomate de ciclo de seis meses. Se cuantificó en los suelos la presencia de NFP (extracción de formas móviles) y *Fusarium* (análisis microbiológico con medio semiselectivo) antes de las aplicaciones, tras retirar el plástico de solarización, y al finalizar el cultivo de tomate. Las adventicias se computaron hasta 60 días desde el trasplante, anotando el porcentaje de goteros con adventicias respecto del total. Se obtuvo la producción de tomate total y comercial durante el ciclo de cultivo completo. Los resultados han evidenciado un buen control con cualquiera de las dos dosis evaluadas de isotiocianato de alilo (AITC) para los tres grupos de organismos objeto de estudio, es decir: nematodos fitoparásitos, *Fusarium* e hierbas adventicias, alcanzando grados de mortalidad y control comparables a las observadas en el tratamiento con metam sodio, y siempre superiores a las obtenidas con la solarización con agua ($p=0,0012$; $p=0,0074$; $p=0$ para cada grupo de organismos respectivamente). Independientemente del grado de control de los organismos estudiados, las producciones totales de tomate no mostraron diferencias significativas entre tratamientos, aunque en el caso del tratamiento con metam sodio sí hubo menor producción de tomate comercial que en el resto de tratamientos ($p=0,0011$).

Financiado por Convenio IFAPA-AGROQUÍMICOS DEL LEVANTE (CEM 073/2022).

P.58: Comparación del control de hongos edáficos mediante solarización en suelo de invernadero enarenado y no enarenado

José Ignacio Marín-Guirao, David Arrescurrenaga, Felipe Peiró Peiró, Miguel de Cara García

IFAPA Centro La Mojonera (Almería)

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: *Acremonium*; *Fusarium*; micobiota cultivable; saprofitos; tres años.

Resumen: Se ha estudiado en tres años consecutivos el efecto de la solarización (60 días, agosto-septiembre) con plástico TIF en dos invernaderos experimentales tipo raspa y amagado ubicados en el centro IFAPA La Mojonera (Almería). Como única diferencia, uno presentaba suelo enarenado (TA) y el otro suelo sin arenar (TS). Cada invernadero se dividió en 12 parcelas elementales de 50 m^2, cuyos suelos fueron muestreados antes y después de solarizar en 2023, 2024 y 2025, y analizados mediante diluciones sucesivas en medio agarizado. Se determinaron las densidades de inóculo de los ocho géneros fúngicos más representativos de las muestras, que se agruparon como tres variables: (a) *Fusarium*, (b) *Acremonium*, (c) Saprofitos (incluyendo *Aspergillus*, *Cladosporium*, *Chaetomium*, *Humicola*, *Mortierella* y *Penicillium*). Se han comparado las densidades de inóculo de las variables considerando tres factores: (1) año, (2) antes/tras solarizar, (3) TA /TS. El control de *Fusarium* fue muy elevado, alcanzando niveles de cero analítico tras la solarización en ambos invernaderos y en los tres años, exceptuando TA en 2025. En este caso la población de *Fusarium* spp. se redujo de 9.469±346 a 200±346 ufc/g tras la solarización (*p=0,0079*). En el caso de *Acremonium* los resultados fueron similares, alcanzándose también el cero analítico tras la solarización, excepto en TS en 2025, donde se pasó de 27118±60586 a 333±779 ufc/g (*p=0,0007*). En cuanto a los hongos considerados Saprofitos, independientemente de que el suelo estuviera enarenado o no, sus poblaciones se redujeron significativamente tras la solarización en los tres años, evidenciando su impacto sobre la micobiota no fitopatógena. Sin embargo, a diferencia de *Fusarium* y *Acremonium*, los niveles de los Saprofitos nunca se acercaron al cero analítico tras solarizar, resultando en los años 2023, 2024 y 2025 respectivamente, en 74.167±87.480, 2.527±8.652 y 16.200±24.132 ufc/g en TA, y de 17.575±23.425, 14.894±23.768 ufc/g y 30.250±27.262 ufc/g en TS. Cabe mencionar que todos los hongos estudiados estaban presentes en los suelos antes de solarizar en los tres años, con poblaciones, en promedio, aproximadamente dos órdenes de magnitud superiores en *Fusarium* (*p*= 0,0000) y tres órdenes de magnitud superiores en *Acremonium* (*p*= 0,0327). Los Saprofitos descendieron en promedio de 81.948±62.599 a 13.587±11.018 ufc/g al solarizar (*p=0,0000*). Se puede concluir que el enarenado no influyó en la eficacia de la solarización en los meses de verano en invernaderos mediterráneos, permitiendo el control de *Fusarium* y *Acremonium*, y preservando en general las poblaciones de hongos saprofitos más representativas de los suelos estudiados.

Financiado por Proyecto PROSUELO (CAICEM 024/128).

P.59: Desarrollo de una plataforma de RNAi escalable para el control específico de *Meloidogyne incognita*: desde la selección génica hasta la producción a escala piloto

Julián Calleja Cabrera, Teresa Lull Bueno, Ana Torrejón Cabello

AINIA. Paterna.

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: RNAi; *Meloidogyne incognita*; Biopesticida; Agricultura sostenible; Expresión Heteróloga; Escalable

Resumen: El nemátodo formador de agallas *Meloidogyne incognita* (*M. incognita*) representa una amenaza significativa para la agricultura global, lo que pone de manifiesto la necesidad de desarrollar estrategias de control sostenibles y específicas. Desde AGRO4AGRI, hemos desarrollado un enfoque integral basado en el ARN de interferencia (ARNi), que combina la selección de genes diana, el diseño y la evaluación de ARN de doble cadena (ARNdc), y la producción escalable de ARN en horquilla (*hpRNA*) para el control de este nemátodo fitoparásito. En un primer lugar, se identificaron genes esenciales para la viabilidad e infectividad del nemátodo mediante análisis *in silico* y validados en cuanto a especificidad utilizando herramientas de predicción de efectos en organismos no diana. Los ARNdc seleccionados se sintetizaron *in vitro* mediante el uso de la polimerasa T7 y se evaluaron en ensayos de infección con *Arabidopsis thaliana*. Los juveniles de segundo estadio (J2) se trataron con ARNdc en presencia de octopamina para estimular su captación. Varios genes diana produjeron reducciones significativas en la infestación, destacando cuatro candidatos que lograron reducciones de hasta el 95% en plantas crecidas tanto en maceta como en medio Murashige y Skoog (MS). Para abordar las limitaciones de estabilidad, estas dianas se rediseñaron como construcciones de *hpRNA* y se produjeron en *Escherichia coli* (*E. coli*) mediante un sistema basado en un único promotor T7. La optimización del proceso de producción y escalado permitió identificar y solventar cuellos de botella en la síntesis de la molécula. Asimismo, se desarrolló un protocolo de purificación basado en principios de *Safe and Sustainable by Design (SSbD)*, empleando extracción acuosa, que permitió obtener ARN de alta calidad evitando el uso de reactivos peligrosos. Los bioensayos confirmaron una elevada actividad nematicida del *hpRNA*, sin efectos significativos sobre nemátodos no diana, lo que demuestra una alta especificidad. Finalmente, la síntesis del *hpRNA* seleccionado, en base a su capacidad nematicida y su eficiencia de producción, se escaló con éxito desde condiciones de laboratorio hasta escala piloto (200 L), alcanzando aproximadamente 10 g totales de *hpRNA*. En conjunto, este trabajo establece una plataforma robusta y escalable para el desarrollo de biopesticidas basados en ARNi, constituyendo una alternativa prometedora a los nematicidas convencionales y avanzando en la implementación de tecnologías de protección vegetal sostenibles.

Financiado por European Union's Horizon Europe Research and Innovation programme, Grant Agreement N° 101130890.

P.60: Péptidos y peptaiboles derivados de Trichogina GA IV como agentes antimicrobianos frente a *Xylella fastidiosa*

Sergi Llanet Ferrer[1], Jordi Lamata[1], Beatriz Gascón[2], Mireia Serrat[1], Emilio Montesinos Seguí[2], Marta Planas[1], Lidia Feliu[1], Anna Bonaterra[2]

[1] *Laboratorio de Innovación en Procesos y Productos de Síntesis Orgánica (LIPPSO), Instituto de Tecnología Agroalimentaria, Departamento de Química, Universidad de Girona*

[2] *Laboratorio de Patología Vegetal-Centro de Innovación y Desarrollo en Sanidad Vegetal (CIDSAV), Instituto de Tecnología Agroalimentaria, Universidad de Girona*

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: Péptidos antimicrobianos; peptaiboles; Trichogina GA IV; *Xylella fastidiosa*

Resumen: La bacteria *Xylella fastidiosa* constituye una grave amenaza para numerosos cultivos agrícolas debido a su impacto sobre la salud vegetal y la productividad. Ante la necesidad de desarrollar estrategias sostenibles frente a esta bacteria, los compuestos antimicrobianos de origen natural han despertado un interés creciente. En este contexto, los peptaiboles, una familia de peptaibióticos producidos por *Trichoderma* spp, emergen como candidatos prometedores para el control biológico de *X. fastidiosa*. Concretamente, estudios recientes han demostrado el potencial antimicrobiano del peptaibol Trichogina GA IV frente a diversos fitopatógenos, sugiriendo su aplicación como agente de biocontrol sostenible [1,2]. En este trabajo se centró en el desarrollo de una quimioteca de péptidos y peptaiboles derivados de Trichogina GA IV (Oct-Aib-Gly-Leu-Aib-Gly-Gly-Leu-Aib-Gly-Ile-Lol, Oct: octanoílo) incorporando entre dos y tres residuos de Lys en la secuencia peptídica. Se postuló que la presencia de estos residuos podría favorecer la actividad antimicrobiana de estos compuestos contra *X. fastidiosa*. En primer lugar, se diseñaron análogos por introducción de modificaciones estructurales dirigidas a mejorar el perfil biológico de estos compuestos, incluyendo la sustitución del grupo octanoílo N-terminal por un grupo acetilo o butanoílo, y la derivatización del extremo C-terminal mediante amidación. Posteriormente, se diseñó una segunda colección de derivados. En estos análogos se sustituyeron residuos de Aib por valinas, se incorporaron D-aminoácidos, y se modificó el extremo C-terminal en forma de ácido carboxílico o el extremo N-terminal con una cadena de PEG acetilada. Se prepararon un total de unos 50 compuestos siguiendo procedimientos estándar de síntesis de péptidos en fase sólida. Esta quimioteca fue evaluada *in vitro* contra *X. fastidiosa*, determinándose además su hemólisis y fitotoxicidad. Las tres secuencias con mejor perfil biológico fueron posteriormente ensayadas realizando una aplicación preventiva *in planta* utilizando *Nicotiana benthamiana* como modelo experimental. Los resultados obtenidos fueron prometedores, observando reducciones de los niveles poblacionales de *X. fastidiosa* respecto al control no tratado. Además, mediante microscopía electrónica de barrido (SEM) se observó una reducción significativa de las acumulaciones de biofilm en los vasos del xilema tras la aplicación de los péptidos. Los resultados obtenidos ponen de manifiesto el potencial de estas secuencias como agentes antimicrobianos para el control de *X. fastidiosa*.

Referencias

1. Caracciolo, R., Sella, L., De Zotti, M., Bolzonello, A., Armellin, M., Trainotti, L., Favaron, F., & Tundo, S. (2023). Microorganisms, 11(2), 480. https://doi.org/10.3390/microorganisms11020480
2. Zhang, Y. Q., Zhang, S., Sun, M. L., Su, H. N., Li, H. Y., Zhang, Y. Z., Chen, X. L., Cao, H. Y., & Song, X. Y. (2022). Frontiers in Microbiology, 13, 1034779. https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.1034779

Financiado por Ministerio de Ciencia e Innovación, Agencia Estatal de Investigación, Fondo Europeo de Desarrollo Regional (MICINN/AEI/FEDER, UE) (Ref: PID2022-140040OB-C21 y C22) y la beca predoctoral FPU (FPU23/01933).

P.61: Control de hongos causantes de enfermedades en la vid mediante radiación ultravioleta

Beatriz Gascón[1], Xavier Bordes[2], Daniel García[2], Joan Esteve[2], Emilio Montesinos Seguí[1]

[1] *Institut de Tecnologia Agroalimentària, Universitat de Girona*

[2] *Raventós Codorniu, Raimat*

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: actividad antifúngica; vid; UV; *Erysiphe necator*

Resumen: Uno de los retos más importantes que presenta la viticultura mundial es el control de enfermedades de la vid. Para afrontar estos retos se requieren estrategias de manejo integrado cada vez más sostenibles debido a las restricciones en el uso de fitosanitarios y el impacto en el medio ambiente. En este trabajo se ha estudiado el efecto que presenta la radiación UV-C frente a patógenos causantes de enfermedades de la vid como *Botrytis* sp., *Phaeomoniella* sp., *Phaeoacremonium* sp., *Cylindrocarpon* sp, *Erysiphe necator* o *Plaspomara viticola*. Para ello se diseñó y construyó un prototipo de cabina equipada con luz ultravioleta para la aplicación de los tratamientos en el laboratorio, siguiendo estrictas medidas de seguridad. El equipo consta de 4 lámparas, UV-C TUV 15W SLV/25 253,7 nm (TUV T8 Philips) y un controlador electrónico para determinar el tiempo de exposición. Para ajustar la dosis se utilizó un radiómetro (VILBER VLX-3W). En una primera fase se estudió el efecto de la luz UV-C *in vitro* frente a 6 patógenos fúngicos: *Phaeomoniella chlamydospora*, dos cepas de *Phaeoacremonium aleophilum*, *Cylindrocarpon liriodendri*, *Cylindrocarpon macrodidymum* y *Botrytis cinerea*. Los resultados mostraron que dosis entre 75 y 200 J/m^2 mostraron una mortalidad entre el 60 - 100 % en todos los patógenos estudiados. En una segunda fase, se estudió como afectaba a la germinación la exposición del patógeno *Erysiphe necator* a la luz UV-C a diferentes dosis, observándose que a dosis entre 75 y 200 J/m^2 el patógeno pierde capacidad de germinación respecto al control no tratado. Además, se estudió la fitotoxicidad que presentaba la luz UV a diferentes dosis de radiación en hojas de vid, determinando que a partir de 200 J/m^2 se ocasionaban daños en las hojas presentando niveles importantes de deshidratación. Estos resultados de laboratorio han sido implementados en un prototipo de campo en parcelas experimentales, remolcado por un tractor, en el proyecto de investigación que se lleva a cabo en colaboración con el grupo Raventós Codorníu (Raimat, Lleida), obteniendo un efecto significativo del control del oídio.

Financiado por [UV-Vinya] Control de hongos y otros agentes patogénicos del viñedo mediante radiación ultravioleta (UV), Ref. NUCLIS ACE 100/23/000039.

P.62: Eficiente transmisión mecánica en campo del *Potyvirus* Morrocan watermelon mosaic virus

Israel Guerrero-Cózar, Gustavo Cebrián, Pedro Gómez, Dirk Janssen, Carmen García, Leticia Ruiz García

IFAPA, Centro La Mojonera, Camino de San Nicolás 1, 04745 La Mojonera (Almería), Spain.

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: MWMV; transmisión mecánica; medidas de control; calabacín

Resumen: Moroccan watermelon mosaic virus (MWMV) es un potyvirus que infecta diversas cucurbitáceas, entre ellas calabacín, calabaza, sandía y melón, provocando mosaicos severos, deformaciones foliares y alteraciones en los frutos que afectan directamente al rendimiento y a la calidad comercial de los cultivos. Considerado un virus emergente en la cuenca mediterránea, MWMV representa una amenaza creciente para la producción de cucurbitáceas, especialmente para el cultivo de calabacín. MWMV se transmite con alta eficiencia por diferentes especies de pulgones de forma no persistente. En ausencia de cultivares resistentes, las estrategias de manejo de la enfermedad se han centrado principalmente en el control de los insectos vectores y de las fuentes de inóculo presentes tanto en cultivos de cucurbitáceas como en la flora arvense. En condiciones experimentales, el virus es capaz de transmitirse mecánicamente, aunque hasta la fecha no existían trabajos que demuestren su transmisión por contacto o mediante savia en condiciones de cultivo, un aspecto de gran importancia para productores y asesores de campo. Con el objetivo de evaluar esta vía de dispersión, se estudió la transmisión mecánica de MWMV en plantas de calabacín utilizando frutos y herramientas de corte contaminados con el virus. Para ello, se establecieron grupos de cinco plantas con cuatro repeticiones por tratamiento, en los que se realizaron las siguientes operaciones: i) corte de fruto infectado seguido de corte de fruto sano; ii) corte de fruto infectado seguido de corte de hoja sana; iii) corte de fruto sano con cuchillo previamente inoculado con MWMV; y iv) corte de planta sana con cuchillo previamente inoculado con MWMV. Todos los ensayos se llevaron a cabo en los invernaderos de IFAPA La Mojonera, donde se mantuvo un estricto control de la presencia de insectos vectores. Tres semanas después de la inoculación se evaluó la aparición de síntomas y se recogieron muestras individuales para la detección y cuantificación viral mediante RT-qPCR. Tanto los resultados fenotípicos como los análisis moleculares demostraron que MWMV puede transmitirse con alta eficiencia a través de prácticas culturales habituales, alcanzándose porcentajes de infección de hasta el 100 % en algunos tratamientos y repeticiones. Estos resultados ponen de manifiesto que el manejo de la enfermedad no debe basarse exclusivamente en el control del vector, sino que debe incorporar medidas estrictas de higiene, desinfección y manejo de herramientas, con el fin de minimizar la transmisión mecánica del virus y reducir su propagación a todo el cultivo.

Financiado por Cofinanciado por la Unión Europea a través del Programa Interreg VI-A España-Portugal (POCTEP) 2021-2027.

P.63: ARNi y control químico: una aproximación sinérgica frente a la multirresistencia en *Botrytis cinerea*

Alba López Laguna[1,2], Virginia Mota-Maldonado[1,2], Yandira Morales[1,2], Alejandro Pérez-García[1,2], Dolores Fernández-Ortuño[1,2]

[1] *Facultad de Ciencias, Universidad de Málaga, Málaga*

[2] *Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea (IHSM), Málaga*

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: multirresistencia; transportadores eflujo; fludioxonil; SIGS; biofungicidas

Resumen: *Botrytis cinerea*, agente causal del moho gris, representa una grave amenaza para los cultivos hortícolas a nivel mundial y se considera un patógeno de alto riesgo en cuanto al desarrollo de resistencia a fungicidas. Entre los mecanismos que confieren resistencia a fungicidas en *B. cinerea*, destacan principalmente las mutaciones puntuales en genes diana de fungicidas y la sobreexpresión de transportadores de eflujo de fármacos, lo que da lugar a la resistencia a múltiples fármacos (MDR). En este estudio, se evaluó el silenciamiento génico inducido por pulverización (SIGS) dirigido a *Bcmrr1*, un regulador transcripcional del transportador ABC *BcatrB*, como una estrategia novedosa para el control de aislados de *B. cinerea* sensibles a fungicidas y con fenotipo MDR. Inicialmente, se ensayaron ARN de doble cadena (ARNdc) dirigidos a *Bcmrr1* y *BcatrB* en condiciones *in vitro* y en ensayos con hojas cortadas de tomate. Ambos ARNdc inhibieron eficazmente la germinación de las esporas y redujeron el desarrollo de lesiones en las hojas de tomate, la biomasa fúngica y la expresión de los genes diana. Sin embargo, el ARNdc dirigido a *Bcmrr1* proporcionó de forma consistente una protección superior y más estable. La aplicación foliar del ARNdc-*Bcmrr1* confirió una supresión eficaz de la enfermedad hasta 14 días después del tratamiento, asociada a una disminución de la colonización fúngica y a una represión transitoria de *Bcmrr1*. Se observaron efectos protectores comparables en frutos de manzana, lo que confirmó su eficacia en distintos hospedadores. Además, cabe destacar que la coaplicación de ARNdc-*Bcmrr1* con el fungicida fludioxonil logró reducir en mayor medida la germinación de las esporas y restauró parcialmente la sensibilidad al fungicida en aislados MDR, demostrando una interacción sinérgica entre estrategias de control basadas en ARNi y control químico. Finalmente, los análisis interespecíficos revelaron una elevada conservación de la secuencia de *Bcmrr1* dentro del género *Botrytis* y una inhibición significativa de *B. fragariae* y *B. pseudocinerea*, lo que pone de manifiesto el potencial de amplio espectro de este enfoque. En conjunto, estos resultados identifican a *Bcmrr1* como una diana prometedora para el desarrollo de biofungicidas basados en ARNi para el manejo sostenible de *B. cinerea* y superar la resistencia a múltiples fármacos.

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

P.64: Fortalecimiento de la cooperación científica en el sector agroalimentario transfronterizo España-Portugal a través del proyecto ATIDRAI_AGRO

Jaime Cubero, Antonieta de Cal y Cortina, Belén Guijarro Díaz-Otero, María Inmaculada Larena Nistal, Carmen López, Cristina Redondo, Pilar Sandín-España, Salvador Sastre, Susana Pascual

Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria (INIA/CSIC)

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: protección vegetal; sostenibilidad; cooperación científica; redes de conocimiento

Resumen: El sector agroalimentario en la región transfronteriza entre España y Portugal se enfrenta a importantes desafíos, entre los que destaca la necesidad de garantizar un suministro continuo de alimentos saludables, seguros y accesibles, en un contexto caracterizado por la creciente orientación de las preferencias de los consumidores hacia modelos de producción local y sostenible. En este marco se inscribe el proyecto 584_ATIDRAI_AGRO_6_E – Alianza estratégica transfronteriza para el impulso y desarrollo de redes de conocimiento de investigación, desarrollo e innovación en el sector agroalimentario, financiado a través del programa POCTEP (Programa de Cooperación Transfronteriza España-Portugal). Dentro de la Actividad 2 del proyecto, dirigida a fomentar estrategias para la mejora de la Sanidad Vegetal en esta región, el grupo del INIA-CSIC aborda un enfoque multidisciplinar centrado en el estudio integrado de patógenos, plagas y malas hierbas de interés agrícola con el fin de mejorar la detección, caracterización y control de las principales amenazas fitosanitarias en ambos territorios. Entre las acciones previstas, destaca el desarrollo de protocolos estandarizados para la identificación y caracterización de organismos dañinos asociados a cultivos de interés transfronterizo, junto con la evaluación comparativa de distintas metodologías analíticas y diagnósticas. Asimismo, se llevará a cabo un análisis epidemiológico que permitirá determinar la incidencia de enfermedades en diferentes cultivos, así como identificar factores de riesgo comunes. El proyecto incorpora herramientas para la caracterización de factores implicados en la patogenicidad, la resistencia y las poblaciones de organismos perjudiciales. En paralelo, se desarrollarán y evaluarán estrategias de control sostenibles orientadas a la reducción del uso de productos agroquímicos, incluyendo el uso de bioplaguicidas microbianos y programas de manejo integrado de enfermedades. De forma complementaria, se abordará la evaluación de residuos de herbicidas en matrices medioambientales del cultivo del arroz mediante el desarrollo y validación de metodologías analíticas avanzadas acordes con las normativas europeas. Asimismo, se estudiará la composición de comunidades de artrópodos asociadas a infraestructuras ecológicas, evaluando su diversidad y su potencial como agentes de control biológico. Se espera que los resultados contribuyan a mejorar la detección temprana, la gestión integrada de plagas y enfermedades y la resiliencia de los cultivos, así como a impulsar la colaboración científica y la transferencia de conocimiento en el ámbito de la protección vegetal en regiones transfronterizas. Este enfoque multidisciplinar permitirá avanzar hacia sistemas agrícolas más sostenibles, eficientes y respetuosos con el medio ambiente

Financiado por Este trabajo está financiado por el proyecto de investigación 584_ATIDRAI_AGRO financiado a través del programa POCTEP.

P.65: Susceptibilidad de variedades de olivo cultivadas en Girona a *Colletotrichum* spp.

Jesús Francés[1], Simón Casanovas[2,3], M. Ángeles Casanovas[2], Adrià Pico[1], Emilio Montesinos Seguí[1], Anna Bonaterra[1]

[1] *Instituto de Tecnología Agroalimentaria de la Universitat de Girona*

[2] *Empordàlia, Empresa Cooperativa Agraria de la DOP Oli de l'Empordà*

[3] *DOP Oli de l'Empordà, Girona*

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: Olivo; Antracnosis; Cultivares; Susceptibilidad; aceituna jabonosa

Resumen: En el Empordà (noreste de España-Girona) la antracnosis del olivo se empezó a detectar hace casi tres décadas. Actualmente, con las condiciones climáticas cambiantes que se están dando, de temperaturas otoñales suaves, humedades relativas muy altas (superior al 90%), lluvias previas a recolección y olivares con ataque de mosca, se está detectando, con mayor frecuencia. En el momento de la recolección, aparecen, en algunas variedades cultivadas de la DOP Aceite de l'Empordà, aceitunas podridas por especies del género *Colletotrichum spp*., que causan pérdidas económicas significativas en producción y calidad del aceite extraído de las aceitunas afectadas. El presente trabajo se enmarcó en el conocimiento de la susceptibilidad a la antracnosis o mancha jabonosa de las variedades de aceituna autóctonas, tradicionales y locales, cultivadas en las localidades pertenecientes a la DOP Aceite de l'Empordà (Girona). Los objetivos que se plantearon en este trabajo, a petición de la DOP Aceite de l'Empordà, fueron los siguientes: Determinación de los géneros de hongos causantes de podredumbres y su frecuencia, en las aceitunas recolectadas de fincas comerciales de la DOP Aceite de l'Empordà, al principio y final de campaña. Determinación de la sensibilidad varietal (de aceitunas recolectadas de diferentes zonas de cultivo de la DOP Aceite de l'Empordà) a la podredumbre natural causada por el hongo *Colletotrichum spp*. Determinación de la tolerancia a podredumbre causada por la inoculación de *Colletotrichum spp*., en función del grado de madurez de las aceitunas. Los resultados de esta investigación muestran que *Colletotrichum spp*. fue uno de hongos que con mayor frecuencia apareció en aceitunas podridas en todas las variedades estudiadas, junto con *Botrytis* spp. y *Alternaria* spp. Los niveles de susceptibilidad a *Colletotrichum spp* varían significativamente en función de la zona-finca estudiada. Se encontraron diferencias significativas de susceptibilidad entre los cultivares estudiados, tanto al principio de campaña como al final. La severidad causada por la inoculación del patógeno fue significativamente menor en aceitunas en estado fenológico verde que en las aceitunas con un índice de madurez superior.

Financiado por Este trabajo se ha desarrollado en el marco de un contrato con la DOP Oli de l'Empordà. Financiado en parte por la Diputación de Girona, Consell social UdG i Girona *Regió del Coneixement* (CVOE-UdG). Con la colaboración de las oficinas comarcales del Alto y Bajo Empordà, del Departamento de Agricultura de la Generalitat de Catalunya.

P.66: Bacterias de suelo agrícola y compost con potencial para el biocontrol de hongos fitopatógenos

María Belén Álvarez Ortega, Beatriz Meza-Manzaneque, Jessica González, Sergio Díez-Pascual, Carolina Mancho, Mar Gil-Díaz, M. Carmen Lobo

Instituto Madrileño de Investigación y Desarrollo Rural, Agrario y Alimentario (IMIDRA)

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: aislado bacteriano; patógeno vegetal; control químico; control biológico; antagonismo; sostenibilidad

Resumen: La sostenibilidad agraria tiene entre sus objetivos satisfacer la demanda mundial de alimentos mediante el uso eficiente de los recursos naturales, mejorando el medio ambiente y apoyando el desarrollo rural. También puede ayudar a mitigar el impacto ocasionado en las condiciones del suelo por la aplicación continuada de plaguicidas. El control químico de enfermedades contamina el entorno y favorece la aparición de resistencias microbianas y la emergencia de patógenos oportunistas. Una alternativa ecológica y respetuosa para la recuperación del equilibrio pueden ser las estrategias basadas en microorganismos. En este trabajo se aisló una colección de bacterias a partir de muestras de suelo agrícola y de compost obtenido de lodos de depuradora y restos de poda, tras la fase termófila. Con ellas se ensayó su capacidad para la inhibición del crecimiento de hongos fitopatógenos por producción de compuestos antimicrobianos tanto difusibles en medio de cultivo como volátiles en atmósfera cerrada (VOCs, *Volatile Organic Compounds*). La identificación molecular de los aislados bacterianos, realizada mediante amplificación parcial del gen *16S rRNA*, reveló que la mayoría eran bacterias de especies diferentes del género *Bacillus*, tanto en suelo agrícola como en compost, junto con especies de otros géneros minoritarios. Los hongos fitopatógenos se aislaron de muestras vegetales y se identificaron molecularmente por amplificación de la región ITS (*Internal Transcribed Spacer*). En los ensayos de antagonismo con los aislados bacterianos se observó inhibición del crecimiento fúngico tanto por producción de compuestos difusibles como por volátiles. De las especies de hongos fitopatógenos ensayadas, hubo antagonismo por difusibles frente a *Diplodia seriata*, *Fusarium oxysporum*, *F. pseudograminearum*, *Neofusicoccum parvum* y/o *Verticillium dahliae* en hasta 30 de los aislados. Dos de los que inhibieron a *V. dahliae* también produjeron VOCs frente a este patógeno. Cuatro de los aislados presentaron actividad antagonista por VOCs frente a *F. oxysporum* y *F. pseudograminearum*; tres de los aislados frente a *F. oxysporum* y *V. dahliae*, y otros tres frente a *F. pseudograminearum* y *V. dahliae*. *D. seriata* y *N. parvum*, ambos *Botryosphaeriaceae*, no mostraron sensibilidad a la producción de VOCs por parte de los aislados bacterianos. Los resultados muestran el potencial de estas bacterias para el control biológico de estos patógenos. Las actividades e interacciones de microorganismos beneficiosos pueden contribuir de manera sostenible a la protección de cultivos, el aumento del rendimiento agrícola y la obtención de alimentos seguros en un agroecosistema.

Financiado por Proyecto FP24-NANO4AGRO (IMIDRA, Comunidad de Madrid) y TEC-2024/ECO-69 (Comunidad de Madrid).

P.67: Host Plant Switching and Viral Infections Reshape the Microbiome of the Aphid Vector *Aphis gossypii*

Celia de Moya-Ruiz[1], Inmaculada Ferriol Safont[2], Miguel Juárez Gómez[3], Mónica Hurtado-Ruiz[4], Pedro Gómez López[1]

[1] *CEBAS-CSIC. Murcia*

[2] *ICA-CSIC. Madrid*

[3] *Universidad Miguel Hernández. Orihuela*

[4] *Universidad Jaime I. Castellón*

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: aphid–virus control; *Aphis gossypii*; *Arsenophonus*; bacterial symbionts; CABYV; WMV

Resumen: Insect-associated microbiomes constitute a crucial component of the physiological fitness of insects. Thus, the structure and composition of the bacterial community may have important implications for the performance of insect pest vectors, and in turn, for plant crops. However, the relative effects of the transition between host plants and feeding on virus-infected plants remain unclear. In this study, we examined the bacterial community structure and composition of the cotton-melon aphid, *Aphis gossypii* Glover, in response to transitions between cucurbit plant species and melon plants infected by persistent (cucurbit aphid-borne yellows virus, CABYV) and non-persistent (watermelon mosaic virus, WMV) transmitted plant viruses in single and mixed infections. Our 16S rRNA gene sequencing analysis revealed that bacterial diversity was greater in aphids feeding on melon than those feeding on cucumber, and re-established when returned to melon. This microbiome structure alteration was mainly driven by shifts in the relative abundance of facultative symbionts, such as *Arsenophonus* and *Sphingomonas*. Furthermore, viral infections significantly reduced microbiome diversity compared with those in healthy plants, with the lowest diversity observed in aphids feeding on mixed-infection melon plants with CABYV and WMV. A notable negative correlation between *Buchnera* and *Arsenophonus* abundance was identified and validated by quantitative RT-PCR in viruliferous aphids, suggesting a compensatory mechanism whereby viral infections may modulate endosymbiont interactions. These findings highlight dynamic shifts in the aphid microbiome and suggest a potential role of *Arsenophonus* in plant virus transmission. Current work is focused on exploring how the presence and absence of *Arsenophonus* affect aphid biology and virus transmission, opening new avenues for microbial-based strategies to control aphid pests and associated viral diseases in agriculture.

Financiado por PID2022-141108OB-I00 (MCIN/AEI/10.13039/501100011033/FEDER (EU)). C. De Moya-Ruiz was supported by Fundación Séneca within a PhD program (SENECA 21417/FPI/20).

P.68: Primer cóctel europeo de bacteriófagos líticos de *Xanthomonas euvesicatoria* pv. *euvesicatoria* eficaz en pimiento

Elena G. Biosca[1], Isabel Salas-Lastres[1], José F. Català-Senent[1], Félix Morán[1], Ana Palacio-Bielsa[2,3], María Belén Álvarez Ortega[1,4,5]

[1] *Departamento de Microbiología y Ecología, Universitat de València, Valencia*

[2] *Departamento de Sistemas Agrícolas, Forestales y Medio Ambiente, Centro de Investigación y Tecnología Agroalimentaria de Aragón (CITA), Zaragoza*

[3] *Instituto Agroalimentario de Aragón - IA2 (CITA-Universidad de Zaragoza), Zaragoza*

[4] *Instituto Madrileño de Investigación y Desarrollo Rural, Agrario y Alimentario (IMIDRA)*

[5] *Área de Investigación Agroambiental, Instituto Madrileño de Investigación y Desarrollo Rural, Agrario y Alimentario (IMIDRA), Madrid*

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: bacteria fitopatógena; fago; biocontrol; mancha bacteriana; *Beograduvirus*; sostenibilidad

Resumen: La mancha bacteriana del pimiento y del tomate es una de las enfermedades más problemáticas causadas por *Xanthomonas* spp., ya que afecta a cultivos hortícolas de amplio consumo. *X. euvesicatoria* pv. *euvesicatoria* (Xee), principal agente causal de la mancha bacteriana en el pimiento, provoca importantes pérdidas de rendimiento a nivel mundial y se está detectando cada vez con mayor frecuencia en el sur de Europa, incluyendo España. Las estrategias de manejo actuales se basan principalmente en compuestos a base de cobre, cuya eficacia es limitada debido al desarrollo de resistencias, y suponen un riesgo ambiental y de salud. Los bacteriófagos (fagos) representan una alternativa ecológica prometedora, segura y sostenible. En este estudio se aislaron fagos líticos de Xee a partir de parcelas de pimiento afectadas por la mancha bacteriana en dos regiones distantes de España. El análisis genómico y taxonómico de cinco fagos seleccionados los clasificó como pertenecientes al género *Beograduvirus* y confirmó su naturaleza lítica y seguridad para su uso como agentes de biocontrol. Tres de los fagos se investigaron con mayor profundidad debido a su capacidad para infectar múltiples cepas del patógeno, manteniendo una alta especificidad. Estos fagos exhibieron morfología tipo miovirus y se mantuvieron estables en condiciones de temperatura y pH relevantes para su aplicación en campo. El cocultivo *in vitro* de las bacterias diana con los tres fagos, bien individualmente o combinados, reveló que el cóctel de los tres fagos controló el crecimiento de las cepas del patógeno de forma significativamente mejor que los tratamientos con un solo fago. En plantas de pimiento, la aplicación foliar del cóctel de fagos mediante inmersión o pulverización redujo notablemente los síntomas de la enfermedad tras la inoculación con Xee, obteniéndose los resultados más consistentes mediante pulverización, independientemente de la cepa bacteriana ensayada. Este es el primer cóctel de fagos europeo capaz de controlar eficazmente Xee en plantas de pimiento, lo que pone de manifiesto su potencial como herramienta práctica para el manejo integrado de esta enfermedad.

Financiado por Ayuda PID2021-123600OR-C44, financiada por MICIU/AEI/10.13039/501100011033 y por "FEDER Una manera de hacer Europa".

P.69: CHAMP-UV: evaluación de radiación UV-B para el control de enfermedades fúngicas en el cultivo de champiñón (*Agaricus bisporus*) y apoyo diagnóstico mediante MALDI-TOF

Maria Luisa Tello Martín[1], Esther Uribe-Echeverría[1], Emilio Rascón Pérez[1], Margarita María Pérez Clavijo[1], Carmen Olarte[2], Raquel Hidalgo-Sanz[2], Rafael Tomas Lasheras[2], Encarnación Nuñez[2], Javier Martínez-Abaigar[2], Francisco Flor[3]

[1] *Centro Tecnológico de Investigación del Champiñón en La Rioja (CTICH)*

[2] *Universidad de La Rioja*

[3] *Danica Desarrollos SLU*

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: champiñón; UV-B; *Agaricus*; *Cladobotryum*; MALDI-TOF.

Resumen: Las enfermedades fúngicas representan una de las principales amenazas sanitarias en el cultivo comercial de champiñón. La creciente limitación en el uso de fungicidas y la aparición de resistencias hacen necesario el desarrollo de estrategias sostenibles de control. En el marco del proyecto CHAMP-UV, se evaluó la eficacia de tratamientos con radiación UV-B con una lámpara prototipo, para reducir la carga fúngica de *Cladobotryum mycophilum* en tierra de cobertura. Se prepararon placas Petri con 35–40 g de turba, incluyendo controles negativos (turba limpia), controles positivos (turba infectada sin tratamiento) y muestras infectadas sometidas a radiación UV-B a dos distancias (15 y 30 cm) y diferentes tiempos de exposición: 5 s, 15 s, 30 s, 60 s y 5 min. Tras el tratamiento, las muestras fueron incubadas durante una semana en medio rico en malta para favorecer el crecimiento fúngico. Posteriormente se realizó extracción de ADN y detección específica mediante qPCR TaqMan para *C. mycophilum*, estimando los Ct (*Cycle threshold*) necesarios para su detección. Los controles infectados sin tratamiento mostraron valores Ct medios cercanos a 23,4, mientras que las muestras irradiadas alcanzaron Ct de hasta 25,3, indicando una reducción moderada de la carga detectable del patógeno. El incremento observado de aproximadamente 1–2 ciclos Ct sugiere una disminución parcial del ADN fúngico, equivalente a reducciones aproximadas de 3–4 veces respecto al control infectado. La tendencia fue más consistente a 15 cm de distancia, observándose un aumento progresivo del Ct con el tiempo de exposición. No obstante, incluso los tratamientos más largos no lograron eliminar completamente la detección del patógeno, lo que indica que las condiciones ensayadas podrían ser insuficientes para una desinfección eficaz de la turba y que podrían requerirse mayores tiempos o dosis de irradiación. Estos resultados complementan estudios recientes que muestran una elevada sensibilidad de esporas de hongos micopatógenos a la radiación UV-B, aunque con menor eficacia sobre micelio desarrollado y materiales orgánicos complejos como la turba. Paralelamente, la Universidad de La Rioja está ampliando mediante tecnología MALDI-TOF (Bruker) una librería específica de mohos micopatógenos asociados al cultivo de champiñón utilizando, inicialmente, cepas de referencia procedentes de la colección del CTICH. Esta herramienta permitirá mejorar la identificación rápida y precisa de patógenos fúngicos de interés agrícola y facilitará futuras estrategias integradas de diagnóstico y manejo sanitario en cultivo de hongos.

Financiado por Unión Europea a través del Fondo Europeo Agrario de Desarrollo Rural (FEADER), por el Ministerio de Agricultura, Pesca y Alimentación y por la Consejería de Agricultura, Ganadería, Mundo Rural y Medio Ambiente del Gobierno de La Rioja, en el marco del Plan Estratégico de la PAC 2023-2027.

P.70: Control of *Glomerella* Leaf Spot Caused by *Colletotrichum chrysophilum*

Carla Sánchez[1], Borja Aramburu[1], Erick Zúñiga[2], Aina Baró Sabé[3], Jordi Luque[3], Jordi Cabrefiga Olamendi[1,4]

[1] *IRTA, Programa de Protección Vegetal Sostenible, La Tallada d'Empordà*

[2] *IRTA, Programa de Protección Vegetal Sostenible, Lleida*

[3] *IRTA, Programa de Protección Vegetal Sostenible, Cabrils*

[4] *IRTA Mas Badia*

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: *Colletotrichum chrysophilum*; *Glomerella* leaf spot; integrated disease control; inoculum management

Resumen: *Colletotrichum chrysophilum*, the causal agent of *Glomerella* Leaf Spot (GLS), has recently emerged as a significant threat to apple production in some European regions, particularly affecting late-season cultivars, from 'Golden Delicious' to 'Cripps Pink'. In Spain, the pathogen was first reported in 2020 in Girona (northeastern Iberian Peninsula). GLS is characterized by necrotic foliar lesions leading to premature defoliation, as well as small fruit lesions (2–3 mm diameter) that may progress to severe pre- and post-harvest rots. Although fairly widespread in various apple-producing regions such as Brazil, USA, and Uruguay, GLS remains an emerging disease in Europe. The limited availability of effective control tools under European regulatory conditions highlights the need to improve knowledge on GLS epidemiology and to develop and optimize management strategies. This study presents the results of efficacy trials of several products conducted under controlled conditions. In addition, different field trials were developed to validate and implement a risk prediction model, as well as to evaluate inoculum management strategies based on leaf removal and ground fungicide applications. Additionally, field "window trials" were conducted to identify critical infection periods in order to optimize timing of interventions. In selected trials, spores release dynamics was monitored using molecular tools and plant traps. Results showed that captan-, dithianone- and fludioxonil-based products provided the highest levels of efficacy. The implementation of risk prediction models enabled a reduction in the number of fungicide applications while maintaining an effective disease control. Regarding inoculum management, winter leaf removal proved to be the most effective strategy, while application of copper compounds and *Trichoderma* also significantly reduced disease incidence and severity, supporting orchard sanitation as a key complementary approach to GLS management. Window trials identified late May to early June as the highest infection risk. These findings are currently being transferred to the sector and progressively implemented under commercial conditions to enhance GLS management.

Financiado por Departamento de Agricultura, Ramaderia, Pesca y Alimentación de la Generalitat de Catalunya, y los programas operativos de las organizaciones de productores del sector de frutas y hortalizas de las cooperatives Fructícola Empordà, Girona Fruits i Giropoma Costabrava.

P.71: Evaluación de materias activas para el control de *Cladobotryum mycophilum* en cultivo de champiñón (*Agaricus bisporus*) en el proyecto LESSPIDEMIC

Margarita María Pérez Clavijo, Maria Luisa Tello Martín, Emilio Rascón Pérez

Centro Tecnológico de Investigación del Champiñón de La Rioja (CTICH)

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: Syngenta; champiñón; *Agaricus*; *Cladobotryum*; control.

Resumen: El control de *Cladobotryum mycophilum*, agente causal de la enfermedad de la telaraña o pelo, constituye uno de los principales retos fitosanitarios en el cultivo de *Agaricus bisporus*. En el marco del proyecto LESSPIDEMIC (Estrategias Innovadoras de Monitoreo y Control en el Cultivo de Champiñón), se evaluó la eficacia de materias activas, en ensayos realizados en colaboración con Syngenta en dos condiciones productivas diferenciadas: Centro Tecnológico de Investigación del Champiñón en La Rioja (CTICH) y un cultivo tradicional. Los ensayos se llevaron a cabo utilizando sustrato de hongos comercial elaborado a partir de paja de trigo, gallinaza, yeso y agua. Se emplearon bloques de 0,50 × 0,40 × 0,17 m (~20 kg de compost Fase II). El sustrato fue inoculado con micelio de *A. bisporus* (7 $L \cdot t^{-1}$ de Fase I) y cubierto con 4–5 cm de tierra de cobertura (80 turba rubia y 20% turba negra). Las condiciones ambientales fueron controladas mediante sistema automatizado (Fancom System®) en CTICH, mientras que en el cultivo tradicional se utilizaron condiciones estándar de cultivo, permitiendo validar la consistencia de los resultados en ambos sistemas. Los tratamientos se aplicaron vía pulverización tras la cobertura, evaluándose pydiflumetofen, solatenol, azoxistrobin y difenoconazol, con metrafenona como referencia y agua como control. Posteriormente, se realizó una inoculación controlada con conidios de *C. mycophilum*. La eficacia se determinó mediante la incidencia de la enfermedad (número de focos) y el rendimiento productivo, calculándose la eficacia mediante la fórmula de Abbott. Asimismo, se analizaron residuos en los cuerpos fructíferos, observándose variabilidad entre materias activas y floradas en ausencia de LMR específicos para champiñón. Los resultados mostraron diferencias claras entre tratamientos, destacando pydiflumetofen por su elevada eficacia en la reducción de la enfermedad, con un control consistente en ambas localizaciones y un impacto positivo en el rendimiento. El resto de materias activas presentó eficacias interesantes, poniendo de manifiesto la importancia de la selección de herramientas fitosanitarias en este sistema de cultivo. Estos resultados posicionan a pydiflumetofen como una alternativa prometedora para el control de la enfermedad de la telaraña, contribuyendo al desarrollo de estrategias más eficaces y sostenibles en el cultivo de champiñón.

Financiado por Este trabajo fue financiado por el Fondo Europeo de Desarrollo Regional (FEDER), concedido a la Comunidad Autónoma de La Rioja en el marco de los Programas Operativos del FEDER 2021-2027 (Número de proyecto: CT24_04).

P.72: Actividad antifúngica *in vitro* de fracciones líquidas obtenidas mediante licuefacción y carbonización hidrotermal de residuos agroindustriales

Paula Serrano-Pérez[1], Aitor Barbero-López[2], Bryan Chiguano-Tapia[3], Elena Díaz[3], Antii Haapala[2], Ángel Fernández Mohedano[3,4], Jaime Carrasco[5,6], Mikel Cebadero[1], María del Carmen Rodríguez-Molina[1]

[1] *Centro de Investigaciones Científicas y Tecnológicas de Extremadura (CICYTEX). Centro de Agricultura Ecológica y de Montaña (CAEM), Avenida de España nº 43, 10600, Plasencia, Cáceres, España*

[2] *Department of Chemistry and Sustainable Technology, University of Eastern Finland, P.O. Box 111, Joensuu 80101, Finlandia*

[3] *Departamento de Ingeniería Química, Universidad Autónoma de Madrid, 28049, Madrid, España*

[4] *Institute for Advanced Research in Chemistry (IAdChem), Universidad Autónoma de Madrid, 28049, Madrid, España*

[5] *IRIAF – Agri-food and Forestry Regional Research and Development Centre, CIAF - Agroforestry Research Centre, Carretera Toledo-Cuenca km 174, 16194, Cuenca, España*

[6] *Institute of Natural Resources and Agrobiology of Salamanca, Cordel de Merinas 40-52, 37008 Salamanca, España*

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: *Fusarium oxysporum*; *Gnomoniopsis smithogilvyi*; HTC; HTL; *Phytophthora cinnamomi*; valorización de biomasa.

Resumen: La valorización de residuos agroindustriales mediante tecnologías hidrotermales constituye una alternativa sostenible para la obtención de productos de interés agrícola. Entre estos residuos destacan los procedentes de la producción de aceite esencial de lavandín (*Lavandula* × intermedia) y los sustratos agotados de cultivo de hongos (SMS), cuya gestión supone un reto ambiental debido a su elevada generación y contenido en humedad. El objetivo de este trabajo fue evaluar la actividad antifúngica *in vitro* de fracciones líquidas obtenidas mediante carbonización hidrotermal (HTC) y licuefacción hidrotermal (HTL) a partir de estos residuos. Se estudiaron cuatro fracciones líquidas: dos obtenidas mediante HTC a partir de SMS de *Pleurotus ostreatus* y *Agaricus bisporus* (210 ºC, 60 min) y dos mediante HTL a partir de residuos de lavandín variedad Super y SMS de *A. bisporus* (300 ºC, 90 min). La actividad antifúngica se evaluó frente a *Fusarium oxysporum*, *Gnomoniopsis smithogilvyi* y *Phytophthora cinnamomi* mediante ensayos de inhibición del crecimiento miceliar en medio PDA suplementado con diferentes concentraciones de las fracciones líquidas. Todas las fracciones mostraron actividad antifúngica, siendo las obtenidas mediante HTL más eficaces que las procedentes de HTC. La fracción HTL obtenida a partir de residuos de lavandín destacó por presentar los mayores porcentajes de inhibición y efecto fungitóxico frente a las tres especies evaluadas. *P. cinnamomi* fue la especie más sensible, seguida de *G. smithogilvyi* y *F. oxysporum*. Las fracciones HTC mostraron una eficacia moderada, especialmente a bajas concentraciones, aunque algunos tratamientos alcanzaron elevados niveles de inhibición a dosis altas. Los resultados evidencian el potencial de las fracciones líquidas obtenidas mediante procesos hidrotermales, especialmente las derivadas de lavandín, como fuente de compuestos bioactivos con posible aplicación en estrategias sostenibles de manejo de enfermedades vegetales. Asimismo, ponen de manifiesto el interés de estas tecnologías para la valorización de residuos agroindustriales dentro de modelos de economía circular.

Financiado por Niemi Foundation (20220070), North Karelia Regional Fund (55241403), Programa AGROALNEXT, MCIN/AEI y NextGenerationEU (PRTR-C17.I1; RYC2021-032796-I; PID2022-138632OB-I00; PREP2022-000792); Comunidad de Madrid (TEC-2024/BIO-177); Proyecto MIP3, Programa Operativo FEDER Extremadura 2021-2027 (Actuación 1A1103).

P.73: Evaluación de crucíferas biofumigantes para el control de patógenos del suelo en condiciones de cultivo de Extremadura. Aplicación a la fusariosis vascular del tabaco

María del Carmen Rodríguez-Molina[1], Esther Verdejo[2], Mikel Cebadero[1], Ana De Santiago Roldán[3], Paula Serrano-Pérez[1]

[1] *Centro de Investigaciones Científicas y Tecnológicas de Extremadura (CICYTEX). Centro de Agricultura Ecológica y de Montaña (CAEM). Plasencia*

[2] *Servicio de Sanidad Vegetal. Consejería de Agricultura, Ganadería y Medio Natural de la Junta de Extremadura*

[3] *Centro de Investigaciones Científicas y Tecnológicas de Extremadura (CICYTEX). Instituto de Investigaciones Agrarias Finca La Orden-Valdesequera. Guadajira*

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: *Fusarium oxysporum*; *Phytophthora nicotianae*; Brassicaceae

Resumen: La biofumigación con los denominados *cultivos biocidas* se plantea como una alternativa a los fumigantes químicos del suelo, de uso cada vez más restringido y sujetos en muchos casos a autorizaciones excepcionales. Esta técnica está contemplada en los Planes Estratégicos de la PAC como práctica medioambiental en distintos sistemas de cultivo. Sin embargo, varios factores influyen en la eficacia de las distintas especies biofumigantes, como las condiciones agroclimáticas, los patógenos *objetivo* y los sistemas de cultivo. En este trabajo se pretende evaluar la adaptación de varias especies de crucíferas biofumigantes a las condiciones de cultivo en Extremadura, su eficacia *in vitro* frente a patógenos de cultivos de interés (*Fusarium oxysporum* en tabaco y tomate, *Phytophthora nicotianae* en pimiento y tomate) y su aplicación en campo al manejo de la fusariosis vascular del tabaco. Se evaluaron cuatro especies de Brassicaceae (*Brassica nigra*, *Sinapis alba*, *Raphanus sativus* y *Eruca sativa*) mediante ensayos *in vitro* y un ensayo de campo en una parcela comercial de tabaco con historial de fusariosis vascular. Las crucíferas se sembraron en otoño 2023 y se incorporaron al suelo en la primavera 2024, con una zona sin cultivo como testigo. Posteriormente se plantaron dos variedades de tabaco con diferente susceptibilidad a la enfermedad (PVH2310 y C241), realizándose un seguimiento de los síntomas durante todo el ciclo de cultivo. En los ensayos de inhibición de crecimiento miceliar *in vitro* con material vegetal recogido en la parcela de ensayo en la fecha de incorporación de los biofumigantes se observaron diferencias de eficacia dependiendo de la interacción biofumigante/patógeno. En el ensayo de campo se determinó la producción de biomasa de cada especie biofumigante, que osciló entre 5.392 ± 393 y 9.957 ± 645 kg/ha, así como el efecto de su incorporación en las poblaciones de *Fusarium* spp. del suelo y en diversas actividades enzimáticas relacionadas con su calidad biológica. En la variedad sensible PVH2310 no se observaron diferencias de incidencia de fusariosis vascular entre tratamientos, con una incidencia final del 100%. Pero en la variedad tolerante C241 sí se detectaron diferencias entre tratamientos, destacando *S. alba*, con una incidencia final cercana al 45%, frente a valores próximos al 85% en el resto de los tratamientos. Los resultados sugieren diferencias entre especies de crucíferas en su capacidad para contribuir al manejo de la fusariosis vascular del tabaco en las condiciones de Extremadura, siendo *S. alba* la alternativa más prometedora. No obstante, dado que los resultados corresponden a una única campaña y localización, será necesario ampliar los ensayos para confirmar su potencial y establecer recomendaciones agronómicas para el sector productor.

Financiado por Programa AGROALNEXT, MCIN con fondos de la Unión Europea NextGenerationEU (PRTR-C17.I1) y el Programa Operativo FEDER Extremadura 2021-2027. Actuación 1A1103 (Proyecto MIP3) y AGA001 (GR2116).

P.74: Los hongos endófitos nativos proporcionan un biocontrol eficaz contra *Phytophthora plurivora* asociada al declive del aliso en el norte de España

Genevieve Kuyanyim Adeyiga[1,2,3], Alba Diez-Galán[1,2,3], Eduardo Pastor-Durantez[1,2,3], Raquel Del Campo Calvo[1,2,3], Beatriz Cuenca-Valera[4], José Carlos Bueno Gómez[5], Julio Javier Diez Casero[1,2,3]

[1] *Catedra One Health. Universidad de Valladolid, Palencia, Spain*

[2] *Instituto Universitario de Investigación en Gestión Forestal Sostenible (IuFOR), Universidad de Valladolid, Palencia, Spain*

[3] *Departamento de Producción Vegetal y Recursos Forestales, Escuela Técnica Superior de Ingenierías Agrarias (ETSIIAA), Universidad de Valladolid, Palencia, Spain*

[4] *Vivero de Maceda Empresa de Transformación Agraria SA, SME, M.P., (TRAGSA), Spain*

[5] *Confederación hidrográfica del Mino-Sil, ˜ Galicia, O.A. Ourense, Spain*

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: *Alnus lusitanica*; control biológico; endófitos; patógeno oomiceto; decadencia ribereña; *Trichoderma*; patología forestal

Resumen: *Phytophthora plurivora* se ha convertido en uno de los principales agentes causantes de la decaída del aliso en Europa, representando una amenaza crítica para las poblaciones de *Alnus lusitanica* en el norte de España. Actualmente, siguen siendo escasas las medidas de control eficaces y sostenibles frente a este patógeno oomiceto, especialmente en ecosistemas ribereños donde las opciones químicas resultan inapropiadas. Este estudio evaluó el potencial de control biológico de hongos endófitos nativos asociados a individuos sintomáticos de *A. lusitanica*. Se aislaron *P. plurivora* y 43 hongos endófitos a partir de árboles afectados distribuidos en seis sistemas fluviales. De los 43 aislados endófitos, nueve mostraron resultados prometedores y fueron seleccionados para ensayos de antagonismo dual. Estos ensayos revelaron que ocho de los nueve aislados inhibieron el crecimiento del patógeno mediante sobrecrecimiento, destacando las especies de *Trichoderma* por sus marcados efectos micoparasíticos y competitivos. Tres candidatos de especial interés (*Trichoderma harzianum*, *Trichoderma citrinoviride* y *Clonostachys solani*) fueron seleccionados para ensayos posteriores de patogenicidad en invernadero utilizando plántulas de *A. lusitanica*. *T. citrinoviride* proporcionó la protección más eficaz, reduciendo significativamente la progresión de la necrosis en comparación con los demás tratamientos y el control. Este estudio aporta la primera evidencia experimental de que los hongos endófitos nativos, en particular *T. citrinoviride*, pueden suprimir la infección por *P. plurivora* en aliso. Estos resultados ponen de manifiesto el potencial de los hongos mutualistas nativos como herramientas sostenibles para la gestión del decaída causada por oomicetos en ecosistemas ribereños vulnerables. Este estudio demuestra el potencial de los hongos endófitos nativos como agentes de control biológico contra *P. plurivora*. Entre los aislados evaluados, *T. citrinoviride* exhibió una fuerte actividad antagonista contra *P. plurivora*, que combina la producción de metabolitos secundarios inhibidores con comportamiento micoparasitario. Este es el primer informe que lo demuestra la supresión eficaz de *P. plurivora* por *T. citrinoviride*, ampliando el potencial de biocontrol reconocido de esta especie. Estos hallazgos respaldan el desarrollo de estrategias de base biológica para el manejo del aliso decadencia.

Financiado por MEDFOR Máster Programme on Mediterranean Forestry and Natural Resources Management (Erasmus+: Erasmus Mundus Joint Master Degrees, Project Reference 619801-EPP-1-2020-1-PT-EPPKA1-JMD-MOB), servicio de aislamiento e identificación del complejo de oomicetos en muestras de chancros, raíz y suelo y puesta a punto del test de Evaluación de tolerancia de brinzales de *Alnus* spp. Ref TSA0074433 TRAGSA company Spain, the project grant https://doi.org/10.13039/501100004837 from the Ministry of Science and Innovation in Madrid, Spain. Research Project (Resiliencia del Ministerio) TED2021-130790 B-C31 and the grant from “Operativo Fondo Europeo de Desarrollo Regional (FEDER) para el periodo 2021 -2027 fue aprobada mediante Decisión C (2022) 9470, de 12 de diciembre”.

P.75: Evaluación de la termoterapia para el control de *Phytophthora cinnamomi* en semillas de aguacate

Leandro de León Guerra[1], Dara Viruega Herrera[1], Ana Rodríguez Pérez[1], Felipe Siverio de la Rosa[2,3]

[1] *Departamento de Bioquímica, Microbiología, Biología Celular y Genética. Área de Microbiología. Universidad de La Laguna. Apartado 456. 38200. San Cristóbal de La Laguna, S/C de Tenerife, España.*

[2] *Unidad de Protección Vegetal, Instituto Canario de Investigaciones Agrarias (ICIA), 38270 Valle de Guerra, San Cristóbal de La Laguna, España.*

[3] *Laboratorio de Sanidad Vegetal, Dirección General de Agricultura. Consejería de Agricultura, Ganadería, Pesca y Soberanía Alimentaria. Gobierno de Canarias 38270 Valle de Guerra, San Cristóbal de La Laguna, España.*

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: *Phytophthora cinnamomi*; aguacate; termoterapia; semillas; germinación; sanidad vegetal.

Resumen: La podredumbre radicular causada por *Phytophthora cinnamomi* constituye uno de los principales problemas fitosanitarios del cultivo del aguacate. La capacidad de este patógeno para colonizar las semillas confiere relevancia fitosanitaria a los portainjertos obtenidos a partir de ellas, ya que pueden actuar como vía de diseminación de la enfermedad. En Canarias, la producción de portainjertos de aguacate se realiza mayoritariamente mediante semillas, que deben someterse a tratamientos térmicos para garantizar la inactivación del patógeno. Sin embargo, la información disponible sobre la eficacia de estos tratamientos y su impacto en la germinación sigue siendo limitada. Con el fin de optimizar la desinfección térmica de semillas de aguacate, se evaluó: (i) la capacidad de *P. cinnamomi* para colonizar frutos y semillas de aguacate a partir de suelo infestado; (ii) la sensibilidad térmica del patógeno *in vitro*; y (iii) la eficacia de la termoterapia, mediante inmersión en agua caliente, para su inactivación en semillas inoculadas experimentalmente. Para ello, se utilizaron semillas de diferentes variedades y patrones utilizados en Canarias que fueron sometidas a distintos tratamientos térmicos. Una vez tratadas, las semillas fueron analizadas mediante inspección visual, detección molecular por qPCR para verificar la presencia de *P. cinnamomi* y aislamiento en medio selectivo para determinar su viabilidad. Paralelamente, se evaluó el efecto de dichos tratamientos sobre la germinación en cama caliente. Los resultados obtenidos confirmaron que *P. cinnamomi* es capaz de colonizar tanto la pulpa como los tejidos seminales de los frutos de aguacate, evidenciando el potencial de las semillas como vía de dispersión del patógeno. Por su parte, los ensayos de sensibilidad térmica *in vitro* mostraron que tratamientos de 43 °C durante 30 min fueron suficientes para inactivar tanto el micelio como las clamidosporas de *P. cinnamomi*. En los ensayos de termoterapia, los resultados demostraron que tratamientos de 45-49 °C durante 30 min permitieron la inactivación del patógeno en semillas de todas las variedades ensayadas. Sin embargo, en algunas de ellas, las temperaturas más elevadas afectaron negativamente a la germinación. Estos resultados confirman la eficacia de la termoterapia para reducir el riesgo de dispersión de *P. cinnamomi* a través de semillas de aguacate. Además, proporcionan una base experimental para optimizar los protocolos de desinfección empleados en los viveros de aguacate de Canarias y adaptar las condiciones de tratamiento a la sensibilidad térmica de cada variedad.

Financiado por Servicio de Sanidad Vegetal de la Dirección General de Agricultura de la Consejería de Agricultura, Ganadería, Pesca y Soberanía Alimentaria del Gobierno de Canarias.

P.76: Alternativas a la desinfestación química de suelos en fresa en la provincia de Huelva

Berta de los Santos[1], Juan Jesús Medina[2], José Antonio Gómez-Mora[2], Miguel Talavera[3], Francisco Mora[4], David Ruano[1], Luis Miranda[2]

[1] *Centro IFAPA Las Torres. Alcalá del Río (Sevilla)*

[2] *Centro IFAPA Huelva. Huelva*

[3] *Centro IFAPA Alameda del Obispo. Córdoba*

[4] *Departamento de Ciencias Agroforestales, Universidad de Huelva. Huelva*

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: patógenos edáficos; solarización; fumigación; podredumbre carbonosa; fusariosis

Resumen: El cultivo de la fresa representa un motor económico y social para la provincia de Huelva. Por sus características de monocultivo intensivo es altamente dependiente de la desinfestación del suelo en pre-plantación. La situación normativa actual de las sustancias químicas ha dejado a los agricultores sin herramientas para la desinfestación de suelos, siendo necesario generar alternativas viables desde el punto de vista medioambiental y económico. En una parcela ubicada en San Bartolomé de la Torre (Huelva), se han evaluado tres alternativas físicas y dos químicas de desinfestación de suelo, más un control no tratado. Se estableció un diseño de bloques al azar con tres repeticiones y los tratamientos: metam sodio (MeNa) (300 L/ha); solarización; biosolarización con BIOFENCE® (2000 kg/ha); desinfestación anaeróbica con HERBIE® (5500 kg/ha) y aplicación de isocianato de alilo (AGROARENA®) (300 L/ha). Los objetivos de este ensayo eran: determinar la eficacia de distintos tratamientos de desinfestación en el control de patógenos de suelo; analizar su influencia en el vigor y rendimientos de las plantas y realizar el análisis de coste-beneficio de los tratamientos aplicados. Las plantas más vigorosas fueron las crecidas en suelos tratados con AGROARENA, que junto a las crecidas en suelos tratados con MeNa y HERBIE presentaron rendimientos significativamente superiores al control, mientras que el tratamiento con SOLARIZACIÓN obtuvo los rendimientos más bajos y los mayores porcentajes de frutos de segunda categoría. En cuanto a la mortalidad, la incidencia de podredumbre carbonosa fue significativamente más alta en el tratamiento de SOLARIZACIÓN, no detectándose en plantas crecidas en suelos tratados con MeNa, BIOFENCE y AGROARENA. La incidencia más alta de fusariosis fue en las parcelas control. Las densidades de *Pratylenchus penetrans* más bajas tras la aplicación de los tratamientos correspondieron a los suelos tratados con BIOFENCE, HERBIE y AGROARENA. Todos los tratamientos incrementaron la mortalidad de este nematodo de forma significativa con respecto al control, siendo los más eficaces los citados, con una mortalidad superior al 80%. Los mayores beneficios económicos correspondieron a los tratamientos con AGROARENA y MeNa, mientras que la SOLARIZACIÓN implica unas pérdidas cercanas a los 20.000 euros. Los tratamientos con HERBIE y BIOFENCE proporcionan beneficios económicos respecto a la no desinfestación de suelo, pero inferiores que los que se obtienen con los tratamientos químicos, debido a que su coste es superior y las producciones menores.

Financiado por Proyecto PP.TRA2023.010, financiado al 80% con fondos FEDER. PP. AVA2023.005, financiado al 80% con fondos FEDER. CEM175/2024 IFAPA-FRESHUELVA.

P.77: Análisis del efecto de fungicidas en el control de *Macrophomina phaseolina* en fresa

Berta de los Santos[1], Juan Jesús Medina[2], José Antonio Gómez-Mora[2], Luis Miranda[2], David Ruano[1]

[1] *Centro IFAPA Las Torres. Alcalá del Río (Sevilla)*

[2] *Centro IFAPA Huelva. Huelva*

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: fumigación; podredumbre carbonosa; rendimientos; Signum; Score; metan sodio

Resumen: El objetivo de este trabajo fue determinar, en condiciones de campo con suelos naturalmente infestados, la eficacia de dos fungicidas en el control de *Macrophomina phaseolina* (agente causal de podredumbre carbonosa en fresa) y su influencia en parámetros productivos del cultivo. Los fungicidas utilizados se escogieron por su eficacia en el control *in vitro* de este y otros patógenos fúngicos, estando ambos autorizados en el cultivo para su uso mediante pulverización. La propuesta actual aborda su aplicación vía riego, como posibles alternativas a la fumigación química. El ensayo se llevó a cabo en la Finca Experimental El Cebollar (Moguer, Huelva). Los tratamientos utilizados fueron: control no tratado, metam sodio (MeNa), 300 l/ha, Score® (Difenoconazol 20%, 0,5 l/ha p.f., vía cinta de riego), y Signum® (Boscalida 26,7 % + Piraclostrobin 6,7 %, 2,20 kg/ha p.f., vía cinta de riego), con un diseño experimental consistente en una distribución al azar en tres bloques. Las dosis de los fungicidas se determinaron mediante la extrapolación de la DL_{50} obtenida en los ensayos i*n vitro*, aplicándose tres veces, una previa a la plantación, y otras dos a lo largo del ciclo de cultivo. Los resultados mostraron que los tratamientos fungicidas no redujeron el vigor de las plantas, siendo los rendimientos similares a los obtenidos en suelos tratados con MeNa. Los tratamientos con MeNa y Signum® redujeron de forma significativa la mortalidad acumulada al final de la campaña con respecto al control no tratado, siendo la incidencia de podredumbre carbonosa significativamente inferior al control en ambos tratamientos, pero no en el caso de Score®.

Financiado por Proyecto PP.AVA2023.010, financiado al 80% con fondos FEDER.

P.78: Estrategias sostenibles contra la estemfiliosis del peral mediante biosoluciones y modelos de riesgo

Rubén Rufo Gómez[1], Erick Zúñiga[1], Óscar Crespo[1], Jordi Cabrefiga Olamendi[2]

[1] *IRTA Agrónomos (Lleida)*

[2] *IRTA Mas Badia (Girona)*

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: *Pyrus communis*; *Stemphylium vesicarium*; control integrado; biosoluciones; modelo predictivo; epidemiología

Resumen: La estemfiliosis del peral (*Pyrus communis*), causada por el hongo necrótrofo *Stemphylium vesicarium* (Sv), es una de las enfermedades más limitantes del cultivo en el sudoeste de Europa, siendo capaz de comprometer gravemente la viabilidad económica de las explotaciones. Con el fin de reducir los fitosanitarios químicos de síntesis, se evaluaron diversas estrategias orientadas a optimizar el control de la enfermedad bajo un enfoque sostenible. En un primer estudio se evaluaron diferentes estrategias de gestión del inóculo invernal, contenido especialmente en la hojarasca y cubierta vegetal, para reforzar la estrategia convencional (EC) basada en tratamientos según calendario. Los diferentes ensayos realizados mostraron que el trabajo mecánico del suelo y cubierta, la quema controlada de esta y la aplicación en suelo de *Trichoderma*, disminuyeron significativamente la incidencia de Sv tanto en hojas como en frutos. En un segundo estudio se evaluó el uso de modelos predictivos de riesgo epidemiológico para optimizar las aplicaciones de fitosanitarios convencionales. Los resultados indicaron que el posicionamiento guiado por el modelo mejoró significativamente el control de Sv, registrando menor incidencia y severidad con menor número de tratamientos químicos que la EC. Finalmente, en un tercer estudio, se evaluó una estrategia combinada basada en la aplicación *Trichoderma* para el control del inóculo primario con diferentes tratamientos foliares con productos biológicos (extracto de *Equisetum arvense* y dos cepas de *Bacillus* sp.) guiados por el modelo de riesgo epidemiológico. Los tratamientos se compararon con un control no tratado, la estrategia convencional de la finca y un fitosanitario químico de síntesis como referencia de alta eficacia. Los resultados apoyan la viabilidad técnica de integrar biosoluciones dirigidas al suelo y a la parte aérea dentro de estrategias de manejo más sostenibles, destacando la importancia de reducir la presión de inóculo primario durante el ciclo biológico del patógeno y la optimización de las aplicaciones aéreas mediante el uso de un modelo predictivo.

Financiado por BioSolUDOE (Interreg Sudoe cofinanciado por FEDER) y por el Grupo Operativo ESTEMPERA (Intervención 7161, Plan Estratégico de la PAC 2023-2027/AEI-Agri).

P.79: Nanoparticle-assisted delivery of ToBRFV coat protein dsRNA enhances uptake, siRNA production, and protection against tomato brown rugose fruit virus in pepper

Josemaría Delgado Martín[1,2], Luis Galipienso Torregrosa[1], Modesto del Pino Pérez[3], Leonardo Velasco Arjona[4], Luis Rubio Miguélez[1], Reza Almasi[4]

[1] *Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias (IVIA), 46113 Moncada, Valencia*

[2] *Modoru Biotech, 46980 Paterna, Valencia*

[3] *Instituto Murciano de Investigación y Desarrollo Agrario y Alimentario (IMIDA), 30150 La Alberca, Murcia*

[4] *Instituto Andaluz de Investigación y Formación Agraria (IFAPA), 29140 Churriana, Málaga*

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: tomato brown rugose fruit virus; pepper; double-stranded RNA; spray-induced gene silencing; carbon dots; chitosan nanoparticles

Resumen: Tomato brown rugose fruit virus (ToBRFV) is an emerging tobamovirus of major concern for tomato and pepper production because of its high infectivity, efficient mechanical and seed-associated spread, and the limited durability of available host resistance sources. Exogenous application of double-stranded RNA (dsRNA) is a promising non-transgenic antiviral strategy in plants, but its performance is often constrained by inefficient foliar uptake and environmental instability, creating a strong rationale for nanocarrier-assisted delivery. The present work evaluated ToBRFV coat protein (CP)-derived dsRNA, either applied naked or formulated with carbon dots (CDs) or with chitosan nanoparticles (CHNPs), for delivery and antiviral activity in pepper. CDs used in this study had been previously obtained and characterized, whereas the newly generated CHNPs:dsRNA complexes were analyzed by XPS, FT-IR, dynamic light scattering, zeta potential, and TEM. The CD:dsRNA formulation showed an average particle hydrodynamic diameter of 370 nm, while CHNPs:dsRNA particles were approximately 1457 nm, with zeta potentials of -22.7 and -16.7 mV, respectively, compared with −26.0 mV of pristine dsRNA in water. After foliar application and washing of the treated surfaces, small RNA sequencing detected ToBRFV-derived siRNAs under all dsRNA treatments, with higher accumulation in nanoparticle-formulated samples than in the naked dsRNA treatment. Across three biological replicates per treatment, the average number of 18–24 nt length siRNAs aligning to ToBRFV was 595.3 for naked dsRNA, 2,583 for CD:dsRNA, and 6,093 for CHNPs:dsRNA, corresponding to 4.3-fold and 10.2-fold increases for CD:dsRNA and CHNPs:dsRNA, respectively. In two-cultivar inoculation assays (susceptible Manolo and partially resistant Segura), the analyses showed that cultivar background was the main determinant of ToBRFV symptom severity, with Segura displaying consistently low scores across treatments. In Manolo, treatment effects were most evident at 14 dpi, where both carbon-dot and chitosan nanoparticle dsRNA formulations significantly reduced symptom severity compared with the positive control and naked dsRNA, although protection was lower at 20 dpi. RT-qPCR time-course data were consistent with strong suppression of viral accumulation in nanoparticle-treated plants and with the high level of resistance in cv. Segura. Together, these data indicate that nanoparticle complexing substantially improves foliar delivery of antiviral dsRNA in pepper and that chitosan NPs-dsRNA complexes provide the greatest enhancement in siRNA production and biological protection among the formulations tested. The results support the integration of nanocarrier-enabled spray-induced gene silencing into sustainable ToBRFV management programs for pepper and other solanaceous crops.

Financiado por Funded by grants PID2024-155251OR-C31 and C32 from Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades (MICIU) and 52202J from Generalitat Valenciana, co-funded by European Regional Development Fund (ERDF). Josemaría was supported by grant INVEST/2023/353 under the Investigo Program funded by European Union (NextGenerationEU) and implemented by Generalitat Valenciana.

P.80: Caracterización de portainjertos de vid frente a *Dactylonectria torresensis*

Javier Alvarado Llerena, Andrea Villalba, Josep Armengol Fortí, Mónica Berbegal

Instituto Agroforestal Mediterráneo. Universitat Politècnica de València. Valencia.

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: *Dactylonectria torresensis*; enfermedades fúngicas de la madera; estrés hídrico; hongos del suelo; Pie negro; *Vitis vinifera*

Resumen: El Pie negro de la vid se asocia a más de 40 especies fúngicas, conocidas como "*Cylindrocarpon*-like asexual morphs". Se trata de una de las enfermedades de la madera más limitantes que afecta principalmente a vid joven, siendo *Dactylonectria torresensis* la especie prevalente. El objetivo de este estudio fue evaluar la tolerancia de cuatro portainjertos de vid (110-R, RG8, RG9 y Folla Redonda) frente a la inoculación con cinco aislados de *D. torresensis* en invernadero, observando su interacción con el estrés hídrico (condiciones de riego óptimo y restringido). Se evaluó la reducción del peso fresco y seco de la parte aérea y de las raíces respecto al control, así como la severidad de síntomas. Todos los portainjertos inoculados desarrollaron síntomas compatibles con Pie negro. El factor portainjerto resultó significativo para todas las variables, mientras que el aislado sólo mostró efectos significativos en el peso fresco, destacando 1365 y 3417 como los aislados más agresivos. Se detectaron interacciones significativas portainjerto × riego, asociadas principalmente a Folla Redonda. El patrón 110-R presentó la mayor tolerancia frente al patógeno, mientras que RG8 y RG9, mostraron susceptibilidad intermedia dependiente del aislado y las condiciones de riego. También se observó un efecto significativo de la interacción portainjerto x aislado en la severidad de síntomas, siendo Folla Redonda el portainjerto más susceptible especialmente frente al aislado 1365. Los resultados confirman la influencia del estrés hídrico en la respuesta de los portainjertos a *D. torresensis*.

Financiado por Proyecto PID2023-147360OR-C33. Funded by the European Union: Views and opinions expressed are however those of the author(s) only and do not necessarily reflect those of the European Union or the European Education and Culture Executive Agency (EACEA). Neither the European Union nor EACEA can be held responsible for them.

P.81: Evaluación de biosoluciones e inductores de las defensas para el control integrado de *Erwinia amylovora* en frutales de pepita

Aina Baró Sabé[1,2,3], Rubén Rufo Gómez[4], Sara Tianna DuPont[3], Jordi Cabrefiga Olamendi[5]

[1] *Institut de Recerca i Tecnologia Agroalimentàries (IRTA)*

[2] *IRTA, Programa de Protección Vegetal Sostenible, 08348 Cabrils, Barcelona, España*

[3] *College of Agricultural, Human, and Natural Resource Sciences, Tree Fruit Research and Extension Center, Washington State University, Wenatchee, WA, 98801, USA*

[4] *IRTA, Programa de Protección Vegetal Sostenible, 25198 Lleida, España*

[5] *IRTA, Programa de Protección Vegetal Sostenible, 17134 Canet de la Tallada, Girona, España*

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: *Erwinia amylovora*; frutales de pepita; control integrado; biosoluciones; fitosanitarios de bajo impacto; inductores de las defensas

Resumen: El fuego bacteriano, causado por *Erwinia amylovora* (Ea), constituye una de las enfermedades fitopatológicas más devastadoras para los frutales de pepita en España. La actual crisis del sector ha puesto de manifiesto la limitada disponibilidad de productos realmente eficaces, lo que refuerza la necesidad de desarrollar y aplicar alternativas funcionales. En este escenario, se promueve el diseño y validación de estrategias de Manejo Integrado de Enfermedades (IDM), priorizando el uso de biosoluciones y fitosanitarios de bajo impacto. En este contexto, se desarrollaron dos ensayos en el Baix Segrià (Lleida, España), región con histórico de fuego bacteriano en peral (*Pyrus communis*) focalizados en la floración. El primer ensayo se realizó en condiciones de semi-campo, con la aplicación individual de cada tratamiento en campo y la posterior inoculación del patógeno en condiciones controladas de laboratorio. El segundo ensayo se realizó en condiciones de campo, donde se evaluaron varias estrategias basadas principalmente en biosoluciones y con las aplicaciones guiadas mediante un modelo de predicción de riesgo. Los resultados obtenidos en ambos ensayos evidenciaron la eficacia de varios tratamientos y programas, resaltando aquellos basados en la aplicación de preventiva de *Aureobasidium pullulans* seguida de dosis muy bajas de cobre. Por otro lado, se llevaron a cabo ensayos en East Wenatchee (Washington State, U.S.A.) en manzano (*Malus domestica*), en los que se evaluaron distintas estrategias con el fin de limitar el desarrollo del fuego bacteriano durante la fase de crecimiento vegetativo. Los resultados demostraron el potencial de herramientas basadas en la inducción de defensas y la regulación del crecimiento para el control de esta enfermedad. En condiciones de campo, cuatro aplicaciones semanales de prohexadiona-cálcica (ProCa) mostraron una reducción significativa en la incidencia y severidad del fuego bacteriano en brotes, asociada a la inducción sostenida de genes de defensa (*PR1*, *PR2*, *PR4*, *PR14* y *JAA*). Asimismo, la combinación de bajas dosis de ProCa con acibenzolar-*S*-metil (ASM) mostró efectos aditivos en la activación de respuestas defensivas y en el control de la enfermedad, lo que sugiere una alternativa prometedora para plantaciones jóvenes. En conjunto, estos resultados demuestran la viabilidad de programas integrados de control de Ea basados en biosoluciones y fitosanitarios de bajo impacto, capaces de proporcionar una protección eficaz y sostenible incluso en condiciones de alta presión epidémica.

Financiado por “BioSolUDOE” - Interreg Sudoe cofinanciado por FEDER, y “Comprehensive Fire Blight Management Systems for the United States (2020-51181-32158)” - Instituto Nacional de Alimentos y Agricultura de los Estados Unidos.

P.82: Evaluación de *Bacillus* spp. para el control de la Fusariosis vascular en tomate

Manuel Ruiz-Platón[1,2], Josep Armengol Fortí[1], José Juan Mateo[2], Mónica Berbegal[1]

[1] *Instituto Agroforestal Mediterráneo, Universitat Politècnica de València, Valencia*

[2] *Departament de Microbiologia i Ecologia, Facultat de Ciències Biològiques, Universitat de València, Burjassot*

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: *Bacillus* spp.; consorcio bacteriano; control biológico; hongos vasculares; *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici*; tomate

Resumen: La Fusariosis vascular causada por *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici* (FOL) es una enfermedad importante en el cultivo de tomate con opciones limitadas para su gestión. El objetivo de este trabajo fue evaluar el potencial de un consorcio formado por tres especies de *Bacillus* —dos aislados de *Bacillus subtilis* y uno de *Bacillus amyloliquefaciens*— como agentes de control biológico frente a FOL en tomate, mediante ensayos *in vitro* e *in planta*. Los ensayos *in vitro* se realizaron mediante cultivos duales en medio PDA, cuantificándose el porcentaje de inhibición del crecimiento del hongo utilizando análisis de imagen. Los ensayos *in planta* se llevaron a cabo en plantas de tomate inoculadas con suspensiones de esporas de FOL (10^6 esporas/ml) mediante riego, y con suspensiones bacterianas (10^8 UFC/ml) por inmersión de las raíces. Se evaluó la eficacia del consorcio en el control de la enfermedad mediante dos estrategias de aplicación: preventiva, inoculando las bacterias 5, 3 y 1 días antes de la inoculación con FOL; y curativa, inoculando las bacterias 0, 1, 3 y 5 días después de la inoculación con FOL. La incidencia y severidad de la enfermedad se monitorizaron semanalmente durante un mes. Los resultados de los ensayos *in vitro* mostraron que el consorcio de *Bacillus* posee actividad antagonista frente al patógeno, reduciendo su crecimiento hasta en un 32 % respecto al control. Los resultados *in planta* indicaron que únicamente la aplicación preventiva del consorcio bacteriano redujo significativamente la severidad de la enfermedad en comparación con las plantas inoculadas exclusivamente con FOL. Adicionalmente, los aislamientos realizados a partir de raíces inoculadas confirmaron el establecimiento del consorcio bacteriano en la superficie radicular. En conjunto, los resultados obtenidos ponen de manifiesto el potencial de este consorcio de *Bacillus* como una herramienta preventiva para la gestión sostenible de la Fusariosis vascular en tomate.

Financiado por Financiación propia.

P.83: Evaluación de productos fitosanitarios autorizados frente a Botryosphaeriaceae del aguacate en condiciones controladas

David Hernández Hernández[1], Elena Trujillo Martín[1], Santiago Perera González[2], Felipe Siverio de la Rosa[1,3]

[1] *Unidad de Protección Vegetal. Instituto Canario de Investigaciones Agrarias (ICIA), 38270 San Cristóbal de La Laguna, S/C de Tenerife, España*

[2] *Servicio Técnico de Agricultura y Desarrollo Rural del Cabildo Insular de Tenerife, 38007 Santa Cruz de Tenerife, España*

[3] *Sección de Laboratorio de Sanidad Vegetal. Dirección General de Agricultura. 38270 San Cristóbal de La Laguna, S/C de Tenerife, España*

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: aguacate; *Bacillus subtilis*; bicarbonato potásico; Botryosphaeriaceae; control químico; fosetil Al; fosfonato potásico; *Lasiodiplodia*; *Neofusicoccum*; oxicloruro de cobre.

Resumen: Las enfermedades asociadas a hongos de la familia Botryosphaeriaceae representan una amenaza para el cultivo del aguacate en Canarias, donde especies como *Lasiodiplodia brasiliensis*, *Neofusicoccum australe*, *N. cryptoaustrale*, *N. luteum*, *N. parvum* y *N. stellenboschianum* se han asociado con síntomas de decaimiento, dieback y podredumbres de fruto. Debido a la escasa información disponible sobre la eficacia de los productos fitosanitarios autorizados en España frente a estos patógenos para su control en aguacate, el objetivo de este trabajo fue evaluar estos productos mediante ensayos *in vitro* e *in planta*. En los ensayos *in vitro* se evaluaron los productos fosetil-Al, oxicloruro de cobre, fosfonato potásico, bicarbonato potásico, *Bacillus subtilis* y un corrector nutricional cúprico frente a aislados representativos de todas las especies de Botryosphaeriaceae obtenidas de plantas de aguacate afectadas en Tenerife. Los ensayos *in planta* se realizaron utilizando un aislado patogénico de *N. luteum*, seleccionado por su capacidad para causar necrosis severas en plántulas de aguacate. En los ensayos *in vitro*, los productos se incorporaron a medio PDA a las dosis máximas y mínimas recomendadas, calculándose el porcentaje de inhibición del crecimiento micelial (PIC) respecto al control no tratado. Los mayores niveles de inhibición se observaron con *Bacillus subtilis* y fosetil-Al, ambos con valores medios próximos al 98%, seguidos del bicarbonato potásico (83%). El corrector cúprico mostró una eficacia intermedia, mientras que el oxicloruro de cobre y el fosfonato potásico presentaron escasa inhibición del crecimiento micelial. Los ensayos *in planta* se realizaron sobre plántulas de aguacate cv. Hass inoculadas artificialmente mediante discos de micelio o suspensiones de conidios del aislado *N. luteum*. Los tratamientos se aplicaron antes o después de la inoculación para comparar estrategias preventivas y curativas. La longitud de las necrosis externas e internas se midió cuatro semanas después de la inoculación. En general, el efecto de los tratamientos fue limitado, ya que las longitudes medias de las lesiones fueron similares a las registradas en los controles, especialmente en las inoculaciones con micelio. Sin embargo, en plantas inoculadas con conidios se observó, en general, una mayor eficacia de los tratamientos preventivos, que presentaron menores longitudes de necrosis externas e internas que los curativos. No obstante, el análisis estadístico no reveló diferencias significativas entre tratamientos ni respecto al control positivo. En conjunto, *Bacillus subtilis*, fosetil-Al y bicarbonato potásico destacaron por su actividad *in vitro*; sin embargo, los resultados obtenidos en planta ponen de manifiesto la necesidad de optimizar la metodología experimental empleada.

Financiado por Proyecto CAIA2024-0002-04 y Contrato FPI-PRE2020-095122. MCIN/ AEI/ 10.13039 /501100011033 y Fondo Social Europeo (FSE).

P.84: Influencia de factores de manejo y conservación sobre la podredumbre apical del bulbo de la cebolla durante el almacenamiento

Laura Gálvez Patón[1], Moisés de León Ramos[1], Iván Herránz[1], Esther Hernández-Montes[2], José Carlos Martínez-Ávila[3]

[1] *Laboratorio de Protección Vegetal, Departamento de Producción Agraria, Escuela Técnica Superior de Ingeniería Agronómica, Alimentaria y de Biosistemas, Universidad Politécnica de Madrid, Madrid, España*

[2] *Departamento de Producción Agraria, Escuela Técnica Superior de Ingeniería Agronómica, Alimentaria y de Biosistemas. Universidad Politécnica de Madrid. Madrid*

[3] *Departamento de Economía Agraria, Estadística y Gestión de Empresas, Escuela Técnica Superior de Ingeniería Agronómica, Alimentaria y de Biosistemas, Universidad Politécnica de Madrid, Madrid, España*

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: daño interno; Allium cepa; longitud del cuello; fecha de cosecha; antibrotación; refrigeración

Resumen: La cebolla constituye uno de los cultivos hortícolas de mayor relevancia económica en España, destacando especialmente las variedades tardías destinadas al almacenamiento prolongado y a la exportación hacia los mercados europeos. La conservación de la calidad de los bulbos durante el periodo de almacenamiento resulta esencial para mantener la competitividad del sector y minimizar las pérdidas comerciales asociadas a alteraciones postcosecha. La podredumbre apical del bulbo de cebolla, denominada comercialmente “daño interno”, es una alteración postcosecha asociada a la degradación progresiva de los tejidos internos del bulbo. Debido a la frecuente ausencia de síntomas externos, su detección resulta compleja durante las operaciones de clasificación y comercialización, pudiendo ocasionar importantes pérdidas económicas durante el almacenamiento y la venta del producto. La aparición de esta alteración depende de múltiples factores relacionados con el manejo agronómico, las condiciones de cosecha y las estrategias de conservación, dificultando la identificación de los principales factores de riesgo implicados en el desarrollo de la enfermedad. El objetivo de este trabajo fue evaluar la influencia de diferentes factores de manejo y conservación sobre la incidencia de daño interno en cebolla durante el almacenamiento. Para ello, se estableció un ensayo experimental en cuatro bloques aleatorios completos en La Roda (Albacete) durante la campaña de cultivo 2025, utilizando la variedad comercial ‘Citation’. Se estudiaron diferentes factores potencialmente implicados en el desarrollo de la enfermedad, incluyendo la longitud del cuello, el tratamiento antibrotación, el momento de cosecha y las condiciones de conservación. La incidencia y gravedad del daño interno se evaluaron durante el periodo de almacenamiento en febrero de 2026, registrándose además diferentes parámetros relacionados con la calidad comercial de los bulbos, como el peso, el diámetro del bulbo, el diámetro del cuello y la presencia de brotación. El análisis de los datos permitirá identificar aquellos factores con mayor influencia sobre la aparición y evolución del daño interno durante el almacenamiento, así como profundizar en las relaciones existentes entre esta alteración y distintos parámetros de calidad del bulbo. La información generada contribuirá a mejorar la comprensión de los procesos implicados en el desarrollo de esta enfermedad y servirá de base para el diseño de estrategias de manejo orientadas a reducir su incidencia.

Financiado por Asociación de Productores de Cebollas de Castilla-La Mancha (PROCECAM) bajo el proyecto P2520290339.

P.85: Efecto de temperaturas extremas sobre la supervivencia, el crecimiento y la capacidad de recuperación de *Xylella fastidiosa*

Miguel Román-Écija, Concepción Olivares-García, Juan Antonio Navas-Cortés, Blanca B. Landa

Instituto de Agricultura Sostenible (IAS), Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC),14004 Córdoba, Spain

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: estrés térmico; termoterapia; winter curing; viabilidad bacteriana; supervivencia bacteriana

Resumen: La temperatura es un factor clave en la biología, ecología y epidemiología de *Xylella fastidiosa* (*Xf*). Aunque esta bacteria puede adaptarse a distintas condiciones ambientales y tiene un amplio rango óptimo de crecimiento, el efecto de eventos térmicos extremos sobre su supervivencia ha sido poco estudiado. En este trabajo se evaluó el efecto de diferentes tratamientos térmicos (TTs) sobre la viabilidad, el crecimiento posterior y la formación de biopelículas en varias cepas de *Xf* representativas de distintas subespecies. Las suspensiones bacterianas se expusieron a altas temperaturas (42, 44, 45, 46, 47, 48 y 50°C) durante incubaciones cortas de 20 y 60 minutos. Asimismo, se evaluaron temperaturas bajo cero (-2 y -8°C) durante esos mismos periodos, así como temperaturas extremas de -15 y -20°C durante 48, 96 y 168 h. La supervivencia bacteriana tras los TTs se estimó mediante el seguimiento del crecimiento en cultivo líquido, recuento de unidades formadoras de colonias (UFC), capacidad de formación de biopelículas y cuantificación de células viables mediante un ensayo de viabilidad acoplado a qPCR. Los TTs superiores a 42°C mostraron efectos variables en exposiciones cortas. A 42 y 44°C se observó una reducción moderada (P<0.05) de la población bacteriana (aproximadamente -1 log UFC) en la mayoría de las cepas. En cambio, a partir de 45 °C se observó una disminución significativa del crecimiento y de la formación de biopelículas, con reducciones superiores al 90 % en la mayoría de las cepas. Las temperaturas superiores a 47 °C inhibieron completamente (P 47°C, la supervivencia se redujo drásticamente, con porcentajes de células viables entre el 0,99 y el 7,38 %. No obstante, se detectó una pequeña fracción de células viables incluso en TT en los que no se observó crecimiento ni formación de biopelículas. La exposición a -2 y -8 °C durante 20 y 60 minutos redujo notablemente la viabilidad celular en un 55–79 %, aunque parte de las células supervivientes recuperaron el crecimiento y la formación de biopelículas tras incubarlas a 28 °C. En cambio, las exposiciones prolongadas a -15 y -20 °C afectaron significativamente al crecimiento bacteriano a partir de las 96 horas de tratamiento, although some strains were able to growth at -15°C. Estos resultados aportan información útil para parametrizar modelos de evaluación del riesgo asociados a *Xf* y la optimización de tratamientos térmicos en viveros como medida fitosanitaria complementaria para garantizar la producción y el movimiento de material vegetal de propagación libre de la bacteria.

Financiado por BeXyl (Grant ID 101060593, EU-Horizon Europe), PIE202340E021 y KODA Projects, y PTI-SolXyl of CSIC.

P.86: Pullulan edible films as carriers of biocontrol agents for postharvest disease management in fruit

Guillem Cuenca, Neus Teixidó, Carla Casals, Cristina Solsona, Cèlia Sánchez, Marcela Miranda

IRTA, Postcollita Fruitcentre, 25194 Lleida

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: antagonists; carrier matrices; microbial viability; brown rot; active coatings; active films

Resumen: Microbial biocontrol agents (BCAs) are being investigated as sustainable alternatives for managing postharvest diseases, and their incorporation into edible films offers opportunities to develop active packaging and edible coatings. In this study, a pullulan-based edible film was developed and evaluated as a carrier for BCAs against *Monilinia fructicola*, the causal agent of brown rot in stone fruits. Two BCA candidates, *Pseudomonas syringae* and *Metschnikowia pulcherrima*, were evaluated at two concentrations for their antifungal activity on nectarines. BCA, associated with the lowest incidence of *M. fructicola* infection, was selected for incorporation into the film matrix. The viability of the selected BCA was assessed in pullulan dispersions formulated with or without glycerol, as well as in the corresponding dried films. *In vitro* assays were subsequently conducted using the optimized film formulation to evaluate its antifungal activity against the pathogen. Among the BCAs evaluated, *P. syringae* was selected for film incorporation, based on its association with the lowest incidence of *M. fructicola* infection on nectarines. Disease incidence reached 17% after 7 days of incubation, whereas the control treatment showed an incidence of 95%. Pullulan dispersions, regardless of glycerol addition, maintain *P. syringae* viability for up to 48 hours. Consequently, the formulation with glycerol was chosen for film production due to its plasticizing effect on film properties. Following film drying, the *P. syringae* population showed a reduction of less than 0.5 log units relative to the liquid dispersion. Despite this reduction, viable cell counts remained above the concentration previously determined to effectively control *M. fructicola*. *In vitro*, the active film delayed the onset of visible fungal growth until day 5, whereas the inactive film showed growth by day 3. Overall, pullulan-based films proved suitable carriers for microbial biocontrol agents, preserving their viability and antifungal activity and supporting their application as active edible films and coatings for postharvest disease control.

Financiado por Government of Spain (PID2023-149464OR-I00) and 'Generalitat de Catalunya' (SGR: 2021SGR01477, Programa CERCA).

P.87: *Fusarium oxysporum* vs. *Verticillium dahliae*: control de la verticilosis en tomate con endófitos fúngicos

José María Díaz Mínguez, Luis Fernández Martínez, José María García Fernández, Ernesto Pérez Benito, Virginia Casado del Castillo

Universidad de Salamanca-CIALE. Salamanca

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: *Verticillium dahliae*; *Fusarium oxysporum*; endófitos; tomate; verticilosis; biocontrol

Resumen: España es uno de los principales productores de hortalizas en la Unión Europea. En particular es el octavo productor mundial de tomate cultivado en invernadero. Este cultivo se ve seriamente afectado por diversas enfermedades fúngicas que determinan mermas en la producción global, siendo las enfermedades vasculares las que más preocupan por las dificultades existentes para su control derivadas de la propia naturaleza del agente causal. Los hongos del género *Verticillium*, en particular las especies *V. dahliae* y *V. albo-atrum*, se encuentran entre los principales patógenos vasculares del tomate. Dada la relevancia del cultivo a nivel mundial y los efectos devastadores del patógeno sobre la producción final, la disponibilidad de métodos de control de la enfermedad es crucial para mantener unos niveles de producción que cubran las demandas del mercado. Actualmente los agricultores se enfrentan a un reto derivado de las restricciones impuestas por la Unión Europea para el empleo de agroquímicos en el manejo de los cultivos. En este contexto, resulta de la máxima importancia disponer de alternativas eficaces al uso de fungicidas. Nuestro grupo cuenta con una amplia colección de aislados de *Fusarium oxysporum* de naturaleza endofítica recuperados de campos de judía sanos. Algunos de estos endófitos han mostrado una excelente capacidad para controlar la fusariosis vascular en un amplio número de cultivos de interés, entre ellos el tomate. Hemos seleccionado los endófitos que han mostrado mejor efecto protector para estudiar su efecto frente a la verticilosis en tomate. La coinoculación de la estirpe JR2 de *V. dahliae* con endófitos individuales en una relación 1:1 permite limitar de forma significativa el desarrollo de la enfermedad, mientras que el empleo de una relación 10:1 patógeno:endófito no frena el avance del patógeno, observándose una sintomatología similar a la causada por JR2 en los controles positivos. Sin embargo, es posible recuperar la capacidad de biocontrol observada con las relaciones 10:1 utilizando combinaciones de al menos dos endófitos. Este resultado indica que la utilización simultánea de varios endófitos muestra un efecto sinérgico potenciador de la capacidad de biocontrol. La conclusión a efectos prácticos es que puede conseguirse una adecuada reducción de la enfermedad, sin recurrir al empleo de dosis masivas del organismo de biocontrol, utilizando combinaciones de al menos dos endófitos de *F. oxysporum*.

Financiado por Junta de Castilla y León (proyecto SA073P24) y Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades (proyectos PID2019-110605RB-100 y PID2022-139876NB-I00).

P.88: Caracterización morfofisiológica de *Clonostachys* spp. y evaluación *in vitro* de su potencial para el biocontrol de patógenos de vid y nogal

Yuramis Quesada Mola, Raúl Andrés Cordero Fuentes, Tamara Andrea Villagrán Vega, Valentina Paz Salgado Roa, Fernanda Beatriz Núñez Abarca, Paulina Lorena González Sepúlveda, Mauricio Alberto Lolas Caneo

Universidad de Talca. Talca, Chile

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: control biológico; enfermedades de la madera; *Clonostachys*; vid; nogal; cultivo dual; antagonismo

Resumen: Las enfermedades de la madera de vid (GTDs) representan una de las principales limitaciones fitopatológicas de la viticultura a nivel mundial. Hongos asociados a las familias Botryosphaeriaceae, Diatrypaceae y Diaporthaceae se relacionan con cancros, muerte regresiva y declinación de los viñedos, mientras que especies de *Diaporthe* también se han asociado a enfermedades en tejidos leñosos de nogal. Actualmente no existen tratamientos curativos efectivos contra estos patógenos; por ello, el uso preventivo de protectores de heridas de poda constituye la principal estrategia de manejo. En este contexto, el control biológico representa una alternativa prometedora para el manejo sostenible de estas enfermedades. El objetivo de este estudio fue caracterizar aislados nativos de *Clonostachys* spp. y evaluar su capacidad de biocontrol *in vitro* frente a *Neofusicoccum parvum*, *Diaporthe australafricana*, *D. patagonica* y *Eutypa lata*. Los aislados de *Diaporthe* spp. fueron obtenidos de nogal, mientras que *N. parvum* y *E. lata* se obtuvieron de vid. Cuatro aislados de *C. rosea* y uno de *C. rhizophaga*, provenientes de vid, manzano y kiwi en la Región del Maule, se evaluaron en diferentes medios de cultivo a temperaturas de 10, 20 y 25 °C. Se registraron el crecimiento radial y las características macroscópicas de las colonias. La actividad antagonista se evaluó mediante ensayos de cultivo dual en medio PDA. Los resultados mostraron que el crecimiento micelial fue influenciado por la temperatura, el medio de cultivo y el aislado evaluado. A 10 °C el crecimiento se observó limitado, mientras que las temperaturas de 20 y 25 °C resultaron óptimas. Asimismo, las tasas de crecimiento, la morfología de las colonias y la capacidad de expansión mostraron diferencias entre los aislados. En los ensayos duales, la actividad antagonista varió según el patógeno evaluado. La mayor actividad antagonista se observó frente a *Diaporthe* spp., alcanzando valores de inhibición entre 80 -95% frente a *D. australafricana* y entre 74 -85% frente a *D. patagonica*. El aislado CrUtal4 de *C. rosea* presentó la inhibición más estable durante el período de evaluación frente a estos patógenos. En contraste, los valores de inhibición de *E. lata* y *N. parvum* fluctuaron entre 51 -65%. En algunas interacciones se observó sobrecrecimiento del antagonista en las colonias del patógeno. Estos resultados demuestran el potencial de aislados nativos de *Clonostachys* spp. para el control de patógenos asociados a GTDs, en particular frente a *Diaporthe* spp.

Financiado por ANID (Agencia Nacional de Investigación y Desarrollo), Beca de Doctorado Nacional, Folio 21232092. Proyecto Fondecyt 1230662.

P.89: Variedades resistentes y agentes preventivos de la transmisión mecánica para la gestión de ToBRFV

Ana Alfaro Fernández[1], Daniel Andrés Clavijo[1], Eldina Gresia[1], Ahmed Adamson[1], Julio Esteso Couque[1], Silvia Martín Vizcaino[1], Violeta Martínez Bernal[1], Esmeralda Sanahuja Edo[1], Martín Hernández[2], María Isabel Font San Ambrosio[1]

[1] *Instituto Agroforestal Mediterráneo. Universitat Politècnica de València. Valencia*

[2] *Agrosan. Mazarrón*

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: resistencia genética; manejo integrado; variedades de tomate; inóculo; virus del fruto rugoso marrón del tomate; DAS-ELISA; RT-qPCR

Resumen: El virus del fruto rugoso marrón del tomate (ToBRFV) es un patógeno que afecta a cultivos de tomate y pimiento. Provoca síntomas que reducen la calidad y el rendimiento de los cultivos. Su alta estabilidad y eficiente transmisión mecánica durante las labores del cultivo favorecen su dispersión y dificultan el control de la enfermedad. El uso de variedades resistentes y la aplicación de medidas higiénicas constituyen herramientas clave para su manejo. Uno de los objetivos de este trabajo fue evaluar si la resistencia genética de variedades de tomate con resistencia intermedia (IR) y alta resistencia (HR) frente a ToBRFV es suficiente para evitar la infección tras la manipulación con tijeras y guantes contaminados. Asimismo, se estudió si estas variedades pueden actuar como reservorio del virus una vez infectadas y se analizó la eficacia de distintas sustancias proteicas lácteas (leche desnatada al 20 %, suero de leche al 3 %, caseína al 3 %), así como de lejía doméstica al 1,5 %, como agentes preventivos de la transmisión mecánica en herramientas y guantes. Para ello se realizaron tres ensayos. En el primero, se contaminaron tijeras y guantes que posteriormente se utilizaron para manipular plantas sanas de variedades HR, IR y susceptibles (S). En el segundo, se inocularon mecánicamente plantas de una variedad S utilizando inóculo procedente de plantas infectadas de variedades HR, IR y S. En el tercero, tijeras y guantes contaminados se sumergieron en las distintas sustancias evaluadas antes de emplearse en la manipulación de plantas S. En todos los ensayos se evaluaron los síntomas a los 15 y 30 días post-inoculación (dpi) y las plantas se analizaron a los 30 dpi mediante DAS-ELISA y/o RT-qPCR. Los resultados mostraron que las variedades HR no se infectaron tras la manipulación con tijeras y guantes contaminados, mientras que la variedad S presentó infección en todos los casos. En las variedades IR, la infección fue generalizada cuando se utilizaron guantes contaminados, mientras que con tijeras la respuesta dependió de la variedad. Además, las variedades IR y S actuaron como fuentes de inóculo, mientras que las variedades HR infectadas no transmitieron el virus mediante inoculación mecánica artificial. Ninguna de las sustancias proteicas lácteas evaluadas logró una inhibición de la infección completa; sin embargo, la leche desnatada al 20% fue la más eficaz en guantes, mientras que la caseína al 3% y la lejía doméstica al 1,5% ofrecieron los mejores resultados en tijeras.

Financiado por Financiación propia del Grupo de Virología del Instituto Agroforestal Mediterráneo. Universitat Politècnica de València.

P.90: Eficacia *in vitro* de productos con y sin cobre en el control de *Pantoea agglomerans*

Antonio Vicente Sanz Ros, José Martínez Olmedo, David Montes, Miriam López, Raquel Valdés Illán, Pedro Antonio Palazón Monreal

Ideargro. Lorquí, Murcia

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: Control químico; Control biotecnológico; frutales; *Lactobacillus*; extracto de yuca; *Saccaromyces cerevisiae*

Resumen: *Pantoea agglomerans* es un microrganismo que muestra funciones muy diferentes en la naturaleza. Está descrita como bacteria patógena de varias especies de frutales y ornamentales, aunque también lo está como promotora del crecimiento vegetal e incluso como agente de control biológico, todo ello dependiendo de la cepa y del hospedante. En este estudio el objetivo fue el control de una cepa patogénica de plantas, obtenida de un frutal sintomático y, esta cepa fue cultivada en medio líquido, el cual contenía $1,9*10^7$ ufc/ml. Este cultivo fue expuesto durante 1 hora a los diferentes productos, imitando las condiciones y el periodo de contacto que podría tener un producto mediante aplicación foliar. Las materias testadas fueron, caldo bordelés (sulfato cuprocálcico 20%), Fosetil aluminio 80%, un fermento de *Lactobacillus + extracto de yuca*, un sulfato cobre 5% + fermentación de *Saccaromyces cerevisiae*, y un producto a base de cobre 4% + paredes celulares de levadura. Además, se incluyó un tratamiento control sin producto, por lo que fueron establecidos un total de 6 tratamientos. Transcurridas 24 horas a temperatura ambiente (cerca de 23 °C) y luz ambiental, se realizaron controles microbiológicos mediante el método de las diluciones seriadas. Tras 1 hora, tres tratamientos, aquellos con sulfato cuprocálcico, con fermento de *Lactobacillus + extracto de yuca* y con sulfato cobre 5% + fermentación de *Saccaromyces cerevisiae*, eliminaron la bacteria totalmente (-100 % respecto al control). El tratamiento con Fosetil aluminio 80% mostró una reducción del 99,9997% respecto al control, y el producto a base de cobre 4% + paredes celulares de levadura mostró una del 99,9933%. Este trabajo pone de manifiesto que productos biotecnológicos que no llevan cobre, y otros que llevan considerablemente menos cobre que los usados de manera convencional para tratar bacterias, resultaron adecuados en el control *in vitro* de esta bacteria, imitando un control por aplicación foliar.

Financiado por ACS i+D.

Área: Interacción Planta-Patógeno

P.91: Efecto de las olas de calor sobre la expresión *in vivo* de genes de *Monilinia* spp. implicados en el proceso de infección en nectarinas

Laura Guerra Fernández de Velasco, Belén Guijarro Díaz-Otero, Antonieta de Cal y Cortina, María Villarino Pérez

Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria, Consejo Superior de Investigaciones Científicas (INA-CSIC), Carretera de La Coruña km 7. 28040, Madrid.

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: temperatura; podredumbre parda; patogénesis; expresión génica; CAZymes; NEP-like

Resumen: En lo últimos años, se han observado cambios drásticos en las temperaturas concretamente durante los meses de verano, se han registrado olas de calor superiores a los años anteriores. La temperatura es una de las variables climáticas más significativa relacionada con la incidencia de la podredumbre parda, causada por *Monilinia* spp. En este trabajo se evalúa el efecto de las olas de calor sobre la patogénesis de *M. laxa* y *M. fructicola* en nectarinas y sus futuras implicaciones en el desarrollo de la enfermedad en los huertos del Valle del Ebro. Para reproducir los escenarios de olas de calor registrados en el Valle del Ebro durante los meses de junio, julio y agosto en el periodo 2019–2023 se llevaron a cabo experimentos *in vivo* en una cámara climática, comparándolos con un periodo de referencia (1981–2010). Las temperaturas utilizadas reflejaban la media mensual de las temperaturas máximas y medias diarias, las olas de calor (en días) y la duración de las olas de calor (en horas) en junio, julio y agosto de la estación climática de Fermosilla (Lleida, España). Se inocularon nectarinas con una cepa de *M. fructicola* y de *M. laxa* ($1x10^5$ conidias mL^{-1}) que se incubaron en seis rangos térmicos diferentes. Durante el experimento se tomaron muestras de los frutos a los 3, 9 y 14 dpi, que se congelaron inmediatamente en nitrógeno líquido para posteriormente extraer RNA total y así poder analizar la expresión de genes de ambos hongos mediante RT-qPCR estándar y estudiar la influencia de la temperatura sobre dicha expresión. Se analizaron genes de 3 enzimas CAZymes (*Carbohydrate Active Enzymes*, *pg1*, *pme3*, *pnl2*) implicadas en la degradación de las paredes vegetales, lo que además facilita la infección y la colonización por parte del hongo y *nep2 (Necrosis- and Ethylene-inducing Protein 2)*, asociado con la codificación de proteínas efectoras fitotóxicas. Los genes seleccionados mostraron sus máximos niveles de expresión a tiempos tempranos, indicando que son necesarios en los inicios del proceso de infección. No se observó una relación significativa entre la temperatura y la regulación de la expresión de los genes evaluados. La expresión de los genes CAZYmes y de la proteína NEP2 se redujeron a lo largo del tiempo de incubación desde los 3dpi en las dos especies. En las inoculaciones sobre la variedad de nectarinas de junio (cv. Boreal), los genes presentaron para ambas especies bajos niveles de expresión sin diferencias significativas entre ellos en todos los rangos térmicos, sugiriendo cierta tolerancia. En los rangos de temperatura de julio, la expresión de *pg1* y *pme3* era mayor que la de *pnl2* y *nep2* en *M. fructicola* y *M. laxa*. En los rangos de agosto la expresión de *pg1* en *M. fructicola* era mayor que el resto de genes, llegando a igualarse a los 14 dpi. Sin embargo, durante el mismo mes, en *M. laxa* en estos rangos los genes presentaron la misma expresión a lo largo de los días estudiados.

Financiado por el proyecto PID2023-14761OB-C22/MCIN/AEI/10.13039/501100011033/FEDER, UE.

P.92: Identificación de QTL basados en haplotipos asociados a la resistencia a la podredumbre seca en patata mediante PotatoMASH

Carmen Iribar Zubiaur[1], Leire Barandalla Urtiaga[1], María de la O Leyva-Pérez[1], Lea Vexler[2], Amaia Ortiz-Barredo[1], Dan Milbourne[2], Enrique Ritter[1], José Ignacio Ruiz de Galarreta[1]

[1] *NEIKER-Instituto Vasco de Investigación y Desarrollo Agrícola. Arkaute, España.*

[2] *Teagasc- The Agriculture and Food Development Authority. Carlow, Ireland.*

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: *Solanum tuberosum* L.; resistencia; podredumbre seca; PotatoMASH; SNPs; GWAS

Resumen: La podredumbre seca, causada por especies del género *Fusarium*, constituye una de las enfermedades poscosecha más relevantes en la patata (*Solanum tuberosum L.*), ocasionando pérdidas significativas durante el almacenamiento y dificultando su manejo debido a la limitada disponibilidad de variedades resistentes. En este contexto, comprender la base genética de la resistencia resulta fundamental para el desarrollo de nuevas variedades y estrategias de mejora genética más eficientes. En este estudio se llevó a cabo un análisis de asociación de genoma completo (GWAS) en un panel diverso de 336 genotipos de patata, fenotipados para resistencia a la podredumbre seca mediante inoculación artificial con *Fusarium sambucinum*. La severidad de la enfermedad se cuantificó evaluando la penetración de la lesión en el tejido del tubérculo, siguiendo el método descrito por Lapwood *et al.* (1984). La genotipificación se realizó utilizando PotatoMASH, una plataforma de marcadores de bajo coste basada en haplotipos derivados de lecturas cortas, que permite tanto el análisis de polimorfismos de nucleótido único (SNP) como el análisis basados en haplotipos (Leyva-Pérez *et al.*, 2022). El GWAS reveló asociaciones significativas con la resistencia a la podredumbre seca en el cromosoma 12, detectadas tanto a nivel de SNP como de haplotipos. Aunque los SNP individuales mostraron un sólido soporte estadístico, los marcadores basados en haplotipos presentaron mayores niveles de asociación y una mayor relevancia fenotípica, lo que destaca la importancia de capturar el desequilibrio de ligamiento local y el contexto alélico en una especie poliploide como la patata. En conjunto, estos resultados demuestran que el enfoque de GWAS basado en haplotipos mediante PotatoMASH ofrece una mayor potencia estadística y resolución biológica en comparación con los métodos basados en marcadores individuales. Los QTL identificados constituyen objetivos prometedores para la selección asistida por marcadores y la mejora genómica orientada a incrementar la resistencia a la podredumbre seca. Este estudio resalta, asimismo, la importancia de integrar herramientas genómicas avanzadas con un fenotipado preciso para desentrañar la arquitectura genética de rasgos complejos de resistencia a enfermedades en patata.

Financiado por la Unión Europea a través del programa Horizon Europe (Grant Agreement No. 101084284, HORIZON-CL6-2022-FARM2FORK-02-two-stage). Asimismo, por el proyecto PID2023-150406OR-C21 financiado por MICIU/AEI/10.13039/501100011033 y el Gobierno Vasco.

P.93: ¿Extractos de residuos de infusiones de té para proteger a plantas frente a *Pseudomonas*?

María Luz Centeno Martín[1,2], Carlota Cerezo Antón[1,2], Ariadna González[1,2], Asier Largo Gosens[1,2]

[1] *Facultad de Ciencias Biológicas y Ambientales*

[2] *Universidad de León. León*

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: inhibidores de pectin-meilesterasas; *Arabidopsis thaliana*; catequinas; actividad antioxidante; enfermedad de la grasa

Resumen: El patógeno *Pseudomonas syringae* pv. *phaseolicola* (Pph), responsable de la enfermedad de la grasa en alubia, causa importantes pérdidas en las cosechas de Castilla y León. Pph tiene alta especificidad por el hospedador, afectando a la alubia Riñón, pero no al genotipo silvestre Col-0 de *Arabidopsis thaliana* (*At*). Sin embargo, el mutante *Atpmei3*, deficiente en un inhibidor de pectin-metilesterasas (PMEI3), sí es susceptible a Pph. Esto justifica el desarrollo de una biosolución que inhiba esta actividad para proteger a la alubia que, además, fuera una alternativa sostenible al empleo de fitosanitarios químicos. En este sentido, los extractos de té verde (*Camellia sinensis* L.) representan un buen candidato por ser muy ricos en catequinas, grupo de flavonoides con efecto inhibidor de pectin-metilesterasas probado. Por otro lado, si los extractos se obtuvieran del residuo de infusiones de té verde, esto implicaría la valorización de un subproducto de la actividad humana y situaría el desarrollo de la biosolución en el marco de una economía circular. El objetivo del trabajo fue hacer una caracterización fitoquímica de infusiones de té verde y de 2 extractos de su residuo obtenidos por reinfusión y ultrasonicación, prestando especial atención a las catequinas, así como estimar su efecto inhibidor de pectin-metilesterasas en plántulas de *A. thaliana*. Los resultados mostraron que la infusión presentó la mayor actividad antioxidante y el extracto de ultrasonidos la menor, lo que estuvo relacionado con la concentración de polifenoles y de prolina. Los dos extractos presentaron el mismo contenido total en catequinas que las infusiones, aunque se observaron algunas diferencias cualitativas y cuantitativas en los 6 compuestos detectados. De otra parte, la actividad pectin-metilesterasa fue mayor en *Atpmei3* que en Col-0 como cabía esperar dada la ausencia de PMEI3 en el mutante. Además, el tratamiento de las plántulas con las 3 soluciones a 4 mg/mL redujo dicha actividad en ambos genotipos. La inhibición fue significativa en plántulas Col-0 tratadas con la reinfusión. Así pues, los datos prueban que los extractos obtenidos de residuos de té verde presentan los mismos niveles de catequinas que la infusión y disminuyen la actividad pectin-metilesterasa en *A. thaliana*, especialmente la reinfusión. En un futuro experimento de infección con Pph se ensayará si el tratamiento de plántulas *Atpmei3* con la reinfusión recupera la resistencia al patógeno.

Financiado por Ministerio de Ciencia Innovación y Universidades (PID2024-162451OA-100). Contrato predoctoral de Cerezo C, Universidad de León (Programa Propio de Ayudas a la Realización de Estudios de Doctorado 2024).

P.94: Evaluación de la respuesta de portainjertos de *Prunus* spp. frente a inoculaciones simples y combinadas de *Pratylenchus vulnus* y *Phytophthora niederhauserii*

Carmen Luque Cruz[1], Carlos Agustí-Brisach[1], María Carmen Saigner Cruz[1], María Córdoba Sánchez[2], Juan Emilio Palomares-Rius[2]

[1] *Departamento de Agronomía, Universidad de Córdoba*

[2] *Instituto de Agricultura Sostenible (IAS), Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), Córdoba*

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: Complejos de enfermedades; nematodos fitoparásitos; oomicetos; patrones; patógenos de suelo; *Prunus dulcis*.

Resumen: El auge del cultivo intensivo de almendro (*Prunus dulcis*) en regadío ha incrementado la demanda de portainjertos adaptados a las nuevas condiciones como GF-677, Garnem® y Rootpac R, pero también la incidencia de enfermedades de origen edáfico. Entre los patógenos más relevantes destaca el nematodo lesionador de raíces *Pratylenchus vulnus*, que puede favorecer la entrada de otros patógenos y el oomiceto *Phytophthora niederhauserii*, agente causal de la podredumbre del cuello y de la muerte súbita. Este estudio evaluó la interacción entre ambos patógenos en dichos portainjertos bajo condiciones controladas. Se empleó un diseño de bloques al azar con seis repeticiones por combinación de tratamiento y portainjerto. Se establecieron cuatro tratamientos de inoculación: 1) plantas control; 2) inoculación con *Ph. niederhauserii*; 3) inoculación con *P. vulnus* (2.000 individuos/planta); 4) co-inoculación de ambos patógenos. Los resultados confirmaron que *Ph. niederhauserii* fue el principal agente causal de la muerte de plantas, especialmente en GF-677, que registró un 66,6 % de mortalidad bajo inoculación individual y un 50,0% en el tratamiento de co-inoculación. Por el contrario, Rootpac R demostró ser el portainjerto más tolerante, presentando únicamente un 16,6 % de mortalidad en la inoculación individual con *Ph. niederhauserii*. El nematodo se multiplicó cuatro veces más en GF-677 que en Rootpac R y en todos los tratamientos de co-inoculación se vio reducida su multiplicación, lo que podría deberse a la rápida destrucción de las raíces por *Ph. niederhauserii*. Se observó una interacción sinérgica entre ambos patógenos en Rootpac R y Garnem®, donde la coinoculación incrementó las lesiones en las raíces en comparación con las inoculaciones de los patógenos individualmente. En cambio, en GF-677 se detectó un posible efecto antagonista, lo que sugiere que la presencia de *P. vulnus* podría interferir en la colonización de *Ph. niederhauserii* en este hospedador. Estos resultados son relevantes para la selección de material vegetal resiliente en los nuevos escenarios de cultivo intensivo.

Financiado por Estos trabajos han sido financiados por el proyecto DECALMOND ProyExcel_00327 (Junta de Andalucía). Los autores agradecen el soporte financiero de la Unidad de Excelencia María de Maeztu 2020-24; Departamento de Agronomía de la Universidad de Córdoba (DAUCO) (Ref. CEX2019-000968-M). Los autores agradecen a F. Luque, F. González y J. Martín-Barbarroja por su apoyo técnico en el laboratorio; y al Dr. Pablo Castillo por los muestreos de *P. vulnus* en Castillo de Locubín.

P.95: Dispersión de patógenos foliares del olivo bajo lluvia simulada

Francisco Abel Guerrero-Páez[1], Rafael Campos-Figueras[1], Cristina Estudillo Cazorla[1,2], María Isabel Márquez-Pérez[1], Purificación Alcázar[3], Esteban Meca[4], Juan Moral[1]

[1] *EPICON, Departamento de Agronomía, Universidad de Córdoba, Campus de Rabanales, 14071 Córdoba, España*

[2] *Universidad de Córdoba*

[3] *Departamento de Botánica, Ecología y Fisiología Vegetal, Universidad de Córdoba, Campus de Rabanales, 14071 Córdoba, España*

[4] *Departamento de Física Aplicada, Radiología y Medicina Física, Universidad de Córdoba, Campus de Rabanales, 14071 Córdoba, España*

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: Repilo; Emplomado; *Spilocaea oleagina*; *Pseudocercospora cladosporioides*; dispersión por salpicadura; conidios

Resumen: El Repilo y el Emplomado del olivo, causados por *Spilocaea oleagina* y *Pseudocercospora cladosporioides*, respectivamente, son dos de las principales enfermedades foliares que afectan al cultivo del olivo en regiones mediterráneas. Ambos patógenos dependen exclusivamente de la dispersión de conidios como forma de propagación, siendo la lluvia el principal mecanismo de diseminación. Sin embargo, existe escasa información cuantitativa sobre cómo las características de la precipitación influyen en la dispersión de estos patógenos. En este estudio se evaluó el efecto del tamaño de gota y de la lluvia simulada sobre la dinámica de dispersión de ambos hongos en condiciones controladas. Se realizaron experimentos con gotas individuales de diferentes diámetros impactando sobre hojas infectadas, complementados con ensayos de simulación de lluvia para analizar la dispersión horizontal y vertical, el lavado progresivo de conidios durante eventos de precipitación y el inóculo residual tras la lluvia. Los resultados mostraron que las gotas de mayor tamaño generaron distancias de dispersión significativamente superiores y una mayor liberación de conidios, confirmando la importancia de la energía cinética del impacto en la dispersión del patógeno. Bajo lluvia simulada, ambos hongos presentaron gradientes marcados de dispersión horizontal, con la mayor deposición de conidios en las proximidades de la fuente de inóculo y un rápido descenso con la distancia. La exposición secuencial a la lluvia reveló que la mayor parte del inóculo disponible fue removido durante los primeros minutos del evento, reduciéndose drásticamente la deposición en tiempos posteriores. La dispersión vertical desde hojas caídas infectadas fue limitada pero detectable, lo que sugiere un posible papel del material foliar del suelo como fuente secundaria de inóculo. Además, se observaron diferencias entre ambos patógenos, probablemente asociadas a sus distintos patrones de esporulación sobre la superficie foliar. Estos resultados aportan nueva información sobre los mecanismos de dispersión mediados por lluvia en enfermedades foliares del olivo y mejoran la comprensión epidemiológica necesaria para optimizar estrategias de predicción y manejo en condiciones mediterráneas.

Financiado por Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades de España a través de un contrato predoctoral FPI (PRE2021-098203).

P.96: *Bacillus velezensis* y *Myrothecium inundatum* como agentes de biocontrol frente a la antracnosis del olivo

Luiza Sánchez-Pereira[1], Begoña I. Antón-Domínguez[2], Antonio Trapero[1], Carlos Agustí-Brisach[1]

[1] *Universidad de Córdoba*

[2] *Instituto Politécnico de Bragança*

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: Aceituna jabonosa; *Colletotrichum* spp.; control biológico; microorganismos beneficiosos; *Olea europaea*

Resumen: El uso de microorganismos beneficiosos como agentes de control biológico (ACBs) supone una alternativa eficaz para el control de la antracnosis del olivo (AO), enfermedad causada por especies del género *Colletotrichum*. El objetivo del presente trabajo fue evaluar el potencial de 20 ACBs frente a *Colletotrichum godetiae* (Col-511) y *C. nymphaeae* (Col-151), los principales agentes causales de la AO en la península ibérica. Los productos comerciales sulfato de cobre (2 g/L) y Serenade® ASO (*Bacillus subtilis* cepa QST 713) fueron empleados como controles positivos. Se determinó el efecto inhibidor de los ACBs sobre el crecimiento micelial y la producción de conidios de ambos patógenos mediante ensayos *in vitro* de cultivos duales, así como su efecto sobre el progreso de la severidad, severidad final relativa y la incidencia final mediante bioensayos en aceitunas separadas (cv. Arbequina). Seis de los 20 ACBs inhibieron el crecimiento micelial de Col-511 entre 30,8 y 42,9%; mientras que 11 mostraron capacidad inhibitoria frente a Col-151, con valores de inhibición entre 31,8 y 55,6%. Por su parte, 15 ACBs redujeron ≥50,0% la producción de conidios de Col-511, aunque solo cinco alcanzaron valores de inhibición superiores al 80,0% frente a Col-151. El sulfato de cobre y Serenade® ASO destacaron como los tratamientos más efectivos en estas condiciones. En los bioensayos en frutos separados, cuatro ACBs redujeron significativamente el progreso de la severidad causada por Col-511, entre 30,5 y 74,7%; mientras que ningún ACB mostró diferencias significativas en la reducción de los parámetros evaluados en aceitunas inoculadas con Col-151. Los ACBs más eficaces fueron las cepas bacterianas *Bacillus velezensis* PV-700 y PV-1394, y el hongo *Myrothecium inundatum* PV-329, y su efecto sobre el progreso de la incidencia, y la incidencia final se validó en frutos de plantones del cv. Arbequina en condiciones controladas. Estos tres ACBs redujeron el progreso de la incidencia entre un 40,6 y un 87,1% en ambas especies de *Colletotrichum*; mientras que el sulfato de cobre alcanzó reducciones del 71,9 y 85,5% para Col-511 y Col-151, respectivamente. Los resultados obtenidos en este estudio permiten identificar las cepas *B. velezensis* PV-700 y PV-1394, y *M. inundatum* PV-329 como candidatos prometedores para el control de la AO.

Financiado por Esta investigación ha sido financiada por el Ministerio de Ciencia e Innovación y la Agencia Estatal de Investigación (AEI) (proyecto PID2021-123645OA-I00 'BIOLIVE'), cofinanciado por los Fondos FEDER de la Unión Europea. L. Sánchez-Pereira es beneficiaria de una ayuda para la Formación de Personal Investigador financiada por la AEI (FPI; contrato n.º PRE2022-101542). B.I. Antón-Domínguez fue beneficiaria de una ayuda FPI financiada por la AEI (contrato n.º PRE2020-096038) durante todo el periodo experimental. Los autores agradecen el apoyo financiero de la AEI a través del Programa Severo Ochoa y María de Maeztu para Centros y Unidades de Excelencia en I+D (Ref. CEX2019-000968-M). Asimismo, agradecen a F. Luque, M.C. Saigner, A. Caneo, F. González, A. Valenzuela y A. Calderón por su asistencia técnica en el laboratorio.

P.97: Análisis multiómico temporal de una interacción planta–oídio

Alejandro Jiménez Sánchez[1], Dolores Fernández-Ortuño[1], Victoria Pastor[2], Álvaro Polonio[1], Alejandro Pérez-García[1]

[1] *Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias, Universidad de Málaga, Málaga*

[2] *Departamento de Biología, Bioquímica y Ciencias Naturales, Escuela Superior de Tecnología y Ciencias Experimentales, Universitat Jaume I, Castelló de la Plana*

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: oídio; biotrofia; interacción planta-patógeno; multiómica; transcriptómica; metabolómica

Resumen: Los oídios (*Erysiphaceae*) son hongos fitopatógenos biotrofos obligados capaces de colonizar una amplia variedad de cultivos de interés agrícola. Su modo de vida depende de una íntima interacción con células vivas del hospedador, sustentada por una profunda reprogramación metabólica del mismo. Sin embargo, la mayoría de los estudios sobre oídios han abordado la interacción desde aproximaciones centradas en aspectos muy concretos de la patogénesis, limitando la comprensión global de los procesos asociados a la biotrofia. Con el objetivo de superar estas limitaciones, se generó un conjunto de datos multiómicos temporales de alta resolución correspondiente al patosistema formado por *Podosphaera xanthii*, responsable del oídio de las cucurbitáceas, y *Cucumis melo*, uno de sus principales hospedadores. El muestreo se realizó cada 12 horas entre las 12 y las 144 horas postinoculación (hpi), incluyendo hojas infectadas y controles no inoculados, lo que permitió capturar la dinámica completa de la interacción. El análisis transcriptómico mediante RNA-seq generó más de 5.8 mil millones de lecturas. De forma complementaria, se realizó un análisis metabolómico no dirigido mediante UPLC-QTOF-MS/MS en modos de ionización positiva y negativa que generó alrededor de 12.000 señales metabolómicas. La integración de ambas capas ómicas proporcionó una visión global de la reprogramación molecular inducida durante la colonización de *P. xanthii*. Los resultados revelaron transiciones dinámicas durante la infección, caracterizadas por cambios coordinados en múltiples rutas biológicas del hospedador que no serían detectables mediante aproximaciones estáticas y que trascienden las respuestas clásicas de defensa y las alteraciones en los procesos fotosintéticos. Este conjunto de datos constituye un recurso de referencia para el estudio funcional de biotrofos obligados y proporciona una base sólida para el desarrollo de nuevas estrategias biotecnológicas destinadas al control sostenible del oídio de las cucurbitáceas.

Financiado por Proyecto de I+D+i PID2022-136240OB-C21 (MCIN/AEI/10.13039/501100011033/FEDER, UE).

P.98: Differential expression of volatilome-related genes in melon during ToLCNDV infection

Alicia Sifres Cuerda[1], Edurne Casas[1], Cristina Esteras[1], Carmen Grech[2], José María Bellés[2], Vicente Pallás Benet[2], Carmelo López del Rincón[1,3]

[1] *Instituto de Conservación y Mejora de la Agrodiversidad Valenciana (COMAV-UPV), Universitat Politècnica de València, Camino de Vera, s/n 46022 Valencia*

[2] *Instituto de Biología Molecular y Celular de Plantas, IBMCP, (CSIC-UPV), Universitat Politècnica de València, Camino de Vera, s/n 46022 Valencia*

[3] *Universitat Politècnica de València*

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: begomovirus; volatiles; qPCR; RNAseq; infection response

Resumen: Tomato leaf curl New Delhi virus (ToLCNDV) severely affects melon production. Since its emergence in Spain in 2012, progress has been made in understanding the genetic basis of resistance, including identification of a candidate gene underlying the major QTL on chromosome 11 encoding a DNA primase. However, the associated metabolic responses and the contribution of additional minor genes involved in defense remain poorly understood. Volatile organic compounds (VOCs) play key roles in plant defense, yet their transcriptional regulation in response to viral infection in melon is still largely unexplored. In previous studies, we have observed a differential behaviour of certain volatile compounds in melon plants in response to ToLCNDV in two contrasting melon genotypes: the resistant wild accession WM7 (India) and the susceptible cultivar PS-Pinyonet (Spain). The volatile profile suggested major differences in lipid oxidation and stress responses between resistant and susceptible cultivars during infection. In this study, we analyzed the expression of genes related to the volatilome in response to ToLCNDV in susceptible vs resistant melon genotypes. Plants were virus- or mock-inoculated and sampled at 4, 11, and 20 days post-inoculation (dpi). In addition to RNA-seq, seven candidate genes involved in VOC biosynthesis were selected based on annotation and functional relevance: four lipoxygenases (LOX), one hydroperoxide lyase (HPL), and one omega-3 fatty acid desaturase, all involved in fatty acid-derived VOC biosynthesis, and one pyruvate decarboxylase (*CmPDC1*) involved in amino acid-derived VOCs. Consistent with previous results, higher viral accumulation was observed in PS-Pinyonet, particularly at later stages, whereas WM7 maintained lower viral loads. Gene expression showed clear genotype- and time-dependent responses. LOX genes MELO14630 and MELO31318 were strongly induced in the susceptible genotype upon infection at early time points (4–11 dpi), but were downregulated at 20 dpi relative to mock controls. In contrast, the resistant genotype displayed low and stable expression across treatments and time points. Similarly, the omega-3 fatty acid desaturase and *CmPDC1* genes were induced in PS-Pinyonet at 4 dpi, while remaining low and stable in WM7. HPL showed a distinct pattern, with significant induction in the resistant genotype at 20 dpi and no induction in PS-Pinyonet, although expression levels in this genotype tended to increase over time. Overall, these results suggest that viral infection activates the oxylipin pathway mainly in the susceptible genotype, likely as a stress response rather than an effective defense. Future transcriptomic and metabolomic studies will help clarify the role of VOCs in plant–virus interactions.

Financiado por This work was supported by PID2021-125787OR-C33 and PID2024-155251OR-C33 projects funded by MICIU/AEI/10.13039/501100011033 and by FEDER, UE.

P.99: Resistance of *Tobamovirus fructirugosum* to nonsense-mediated decay

J. Daniel Guillén-Martínez, Miguel A. Aranda, Verónica Truniger

Centro de Edafología y Biología Aplicada del Segura (CEBAS). Espinardo.

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: ToBRFV; 3'UTR; NMD; resistance.

Resumen: Eukaryotic cells have developed different surveillance mechanisms to detect and eliminate aberrant RNAs, among which nonsense-mediated decay (NMD) stands out. This post-transcriptional quality control mechanism acts on RNAs containing premature stop codons, that arise through mutation or defective splicing, resulting in long 3' untranslated regions (3'-UTRs). Since the polycistronic genome of most RNA viruses also have long 3´-UTRs, these viral RNAs are targeted by this RNA quality control mechanism. Thus, viruses have evolved diverse strategies to protect their genetic materials from this host mechanism. In this context, we investigated whether NMD targets the tomato brown rugose fruit virus (ToBRFV) (*Tobamovirus fructirugosum*, family *Virgaviridae*) genome. ToBRFV is an emergent tobamovirus of major agricultural importance affecting tomato and pepper crops. Our results demonstrate that both the genomic and subgenomic RNAs of ToBRFV are resistant to NMD. A detailed analysis of the possible viral RNA elements or proteins involved in this resistance allowed to conclude that the 3´-UTR of ToBRFV, present at the 3' terminus of viral genomic and subgenomic RNAs, is responsible for protecting viral RNA from degradation through NMD.

Financiado por By grants PID2021-125010OB-100 and PRE2022-102506 (Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades).

P.100: Regulación de redes NLR y fuerte inducción de un gen asociado a defensa en la interacción *Pinus–Fusarium circinatum*

Laura Hernández Escribano[1], David Fariña-Flores[2], María Teresa Morales Clemente[1], Lee Robertson[1], Rosa Raposo[1]

[1] *Instituto de Ciencias Forestales (ICIFOR-INIA-CSIC), Madrid*

[2] *Instituto Regional de Investigación y Desarrollo Agroalimentario y Forestal de Castilla - La Mancha (IRIAF), Centro de investigación Agroambiental "El Chaparrillo" (CIAG El Chaparrillo), Ciudad Real, 13071, España*

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: NLR; inmunidad en coníferas; *Pinus pinaster*; *Fusarium circinatum*; expresión génica; interacción planta-patógeno.

Resumen: Los receptores intracelulares tipo NLR (nucleotide-binding leucine-rich repeat) constituyen un componente clave de la inmunidad desencadenada por efectores, aunque su diversidad, regulación y dinámica evolutiva en coníferas permanecen poco caracterizadas. En este trabajo se analizó el repertorio de genes NLR de *Pinus pinaster* durante la infección por *Fusarium circinatum* mediante datos transcriptómicos, identificándose 193 genes con dominio NB-ARC diferencialmente expresados. Los NLR de tipo TNL fueron mayoritarios, mientras que otros subgrupos estuvieron menos representados. La mayoría de los genes mostraron una regulación negativa, aunque un subconjunto presentó una fuerte inducción tardía, definiéndose cuatro patrones temporales de expresión. El análisis filogenético reveló una clara agrupación de los principales clados NLR, sin correlación con los perfiles de expresión, lo que sugiere una diversificación reguladora independiente de la relación evolutiva. Entre los genes inducidos, *PpRG* destacó por su elevada sobreexpresión. El análisis de su expresión en varias especies de *Pinus* mostró un patrón de inducción conservado tras la infección por *F. circinatum*, sin asociación directa con la severidad de los síntomas. En *P. pinaster*, *PpRG* se indujo de forma específica en respuesta a patógenos que afectan al tallo, pero no frente a patógenos foliares, endófitos ni factores abióticos. Los análisis funcionales y filogenéticos indican que *PpRG* presenta similitud con proteínas relacionadas con NLR, si bien la ausencia de una arquitectura canónica completa impide su asignación a una subclase específica. En conjunto, estos resultados evidencian la complejidad de la regulación de los sistemas NLR en coníferas e identifican a *PpRG* como un gen fuertemente inducido asociado a procesos de defensa y potencial biomarcador de activación de la inmunidad frente a patógenos causantes de chancros.

Financiado por MCIN/AEI/10.13039/501100011033 (reference project PID2020-118734RR-C21).

P.101: Regulación diferencial de efectores en *Monilinia* spp. durante el desarrollo de la podredumbre parda

Anselmo López Sánchez-Ortiz, Núria Vall-llaura Espinosa, Iolanda Nicolau-Lapeña, Rosario Torres Sanchis

IRTA, Postcosecha, Fruitcentre, 25194 Lleida

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: nectarina; efectores necrotróficos; expresión génica; infección; transcriptómica

Resumen: La podredumbre parda, causada por especies del género *Monilinia*, es una de las enfermedades más destructivas de la fruta de hueso, provocando importantes pérdidas tanto en precosecha como en postcosecha. Los efectores necrotróficos son determinantes clave de la patogenicidad en estos hongos; sin embargo, su papel y regulación temporal durante la infección permanecen poco estudiados. En este estudio se analizó la dinámica de expresión de genes candidatos a efectores necrotróficos en tres especies de *Monilinia* (*M. laxa*, *M. fructicola* y *M. fructigena*) durante la infección de nectarina. En primer lugar, se analizaron datos transcriptómicos (RNA-seq) de *M. laxa* para identificar patrones de expresión dependientes del tiempo y del tejido (fruta inmadura o madura) durante la infección. A partir de estos resultados, se seleccionó un conjunto de genes candidatos conservados y se llevó a cabo un análisis comparativo mediante RT-qPCR en nectarinas inoculadas con las tres especies, cuantificando la expresión de los genes en tejidos en tres estadios de desarrollo de la enfermedad: i) maceración superficial (S1), ii) colonización/penetración (S2) y iii) expansión de la infección (S3). Los análisis de las secuencias revelaron que la mayoría de los efectores candidatos están altamente conservados entre las 3 especies y presentan características típicas de efectores fúngicos, como pequeño tamaño, enriquecimiento en residuos de cisteína y presencia de señales de secreción. En cambio, los análisis de expresión génica mostraron una regulación claramente diferencial durante la infección, con perfiles temporales muy bien definidos: i) genes inducidos en fases tempranas, ii) genes inducidos en fases tardías y iii) genes con expresión relativamente constante. Estos patrones fueron en gran medida conservados entre especies, aunque la diferencia estuvo en la intensidad de su expresión. Los efectores expresados en fases tempranas se asociaron con procesos de colonización del huésped, mientras que los inducidos en fases tardías, incluyendo proteínas tipo NPP1, se relacionaron con la necrosis tisular. En conjunto, los resultados indican que las diferencias en el comportamiento patogénico entre especies de *Monilinia* están más relacionadas con la regulación temporal y la intensidad de expresión de los efectores, que con diferencias en su repertorio génico.

Financiado por AGRADECIMIENTOS: Trabajo financiado gracias a los proyectos PID2020-115702RB-C22/AEI/10.13039/501100011033 y PID2023-147681OB-C21MICUI/AEI/10.13039/501100011033 (MINECO), al Programa CERCA y SGR-01477 (Generalitat de Catalunya). A. López Sánchez-Ortiz ha recibido un contrato predoctoral IRTA-2022.

P.102: La cuasiespecie funcional de HSVd revela una elevada diversidad de secuencia bajo fuertes restricciones estructurales

Miguel Ruiz Ibáñez, Marta Núñez Salvador, Gustavo Gómez

Instituto de Biología Integrativa de Sistemas (I2SysBio). Paterna.

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: HSVd; circRNA; cuasiespecie; evolución de ARN; restricción estructural; ultra-deep sequencing

Resumen: Los viroides, considerados los agentes infecciosos más pequeños conocidos, consisten exclusivamente en una molécula de ARN circular desnudo sin capacidad codificante, por lo que su funcionalidad depende directamente de su estructura. Además, presentan algunas de las tasas de mutación más elevadas descritas hasta la fecha, replicándose como cuasiespecies altamente dinámicas. Sin embargo, todavía se conoce poco sobre cómo es realmente la población funcional de un viroide. En este trabajo analizamos la cuasiespecie de Hop stunt viroid (HSVd) durante los primeros estadíos de infección mediante enriquecimiento de ARN circular con RNasa R y *ultra-deep sequencing*. Al centrarnos específicamente en moléculas maduras circularizadas, obtuvimos una visión más precisa de la población potencialmente viable del viroide. Nuestros resultados muestran que una gran parte de la población está formada por variantes mutadas, revelando una diversidad de secuencia mucho mayor de lo esperado. Además, identificamos hotspots mutacionales, posibles mutaciones deletéreas y una organización altamente modular de la población, dominada por variantes altamente conectadas y abundantes. A pesar de esta elevada diversidad de secuencia, las estructuras secundarias predichas permanecieron confinadas a un espacio estructural relativamente restringido, lo que sugiere que las principales restricciones evolutivas actúan sobre la estructura más que sobre la secuencia en sí. En conjunto, estos resultados apoyan un marco conceptual en el que la identidad del viroide no estaría definida por una única secuencia canónica, sino que emergería de una población dinámica y estructuralmente restringida de variantes funcionales.

Financiado por *Agencia Estatal de Investigación (AEI) (con financiación conjunta del FEDER - UE) a través de la subvención PID2022-1393930B-I00.*

P.103: La percepción de intermediarios metabólicos controla la virulencia de *Pseudomonas syringae* pv. *tomato* en tomate

Saray Santamaría-Hernando[1,2], Jean-Paul Cerna-Vargas[1,3], Marina Pérez-Lozano[1], Sandra Nebreda[1], Leydi Sevillano-Bonilla[1], Elizabet Monteagudo-Cascales[3], Gema López-Torrejón[1,2], Tino Krell[3], José Juan Rodríguez-Herva[1,2], Emilia López-Solanilla[1,2]

[1] *Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas, Universidad Politécnica de Madrid (UPM) - Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria INIA/CSIC, Campus de Montegancedo UPM, 28223-Pozuelo de Alarcón (Madrid), España*

[2] *Departamento de Biotecnología-Biología Vegetal, Escuela Técnica Superior de Ingeniería Agronómica, Alimentaria y de Biosistemas, UPM, 28040-Madrid, España*

[3] *Departamento de Biotecnología y Protección Ambiental, Estación Experimental del Zaidín, Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), 18008-Granada, España*

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: Interacción planta-bacteria; *Pseudomonas syringae*; quimiopercepción; quimiorreceptores; quimiotaxis; control de la enfermedad

Resumen: *Pseudomonas syringae* pv. *tomato* DC3000 (PsPto) es el agente causal de la peca bacteriana del tomate. El proceso infeccioso comienza con la colonización de la superficie vegetal, seguida de la entrada al tejido a través de aberturas naturales, como estomas, o heridas, y culmina con la proliferación bacteriana en el apoplasto. Entre los determinantes necesarios para una infección eficiente, la motilidad activa desempeña un papel clave en las etapas iniciales, al facilitar la localización de nichos favorables y el acceso a los puntos de entrada. Esta motilidad direccional está regulada por sistemas de quimiopercepción, que permiten a la bacteria detectar y responder a gradientes químicos mediante quimiorreceptores específicos. Además, estos sistemas no solo controlan la quimiotaxis, sino que también participan en la regulación de otros procesos asociados a la adaptación al huésped y a la virulencia. En este trabajo hemos llevado a cabo la caracterización bioquímica y funcional del quimiorreceptor PSPTO_3480, que presenta un dominio de unión a ligando localizado en el citoplasma. Los ensayos de unión con dominios recombinantes demostraron que PSPTO_3480 reconoce los ácidos carboxílicos acetato y propionato, dos intermediarios metabólicos, y que esta percepción media respuestas quimiotácticas frente a gradientes de concentración de dichos compuestos. La cepa mutante en PSPTO_3480 mostró alteraciones en la motilidad, la formación de biopelículas, los niveles intracelulares de c-di-GMP y la respuesta metabólica ante concentraciones elevadas de hidratos de carbono, además de una reducción significativa de la virulencia en planta. En conjunto, estos resultados indican que PSPTO_3480 actúa como un quimiorreceptor implicado en la percepción de acetato y propionato, y sugieren que esta señalización contribuye no solo al control de la motilidad, sino también al reajuste fisiológico y metabólico de PsPto durante la infección. Por tanto, la interferencia de estos sistemas de quimiopercepción podría representar una estrategia prometedora para alterar procesos clave de colonización, adaptación al huésped y desarrollo de la enfermedad.

Financiado por Proyectos PID2021-125673OB-I00 y PID204-161357OB-I00, financiados por MICIU/AEI/10.13039/501100011033 y por FEDER, UE.

P.104: Estudio del metabolismo secundario del hongo fitopatógeno *Seimatosporium vitis-vinifera* mediante la técnica OSMAC

Josefina Aleu Casatejada[1], Jorge Roca Virués de Segovia[1], Eliane Oliveira Silva[2], Cristina Pinedo Rivilla[1]

[1] *Departamento de Química Orgánica, Facultad de Ciencias, UCA, Puerto Real, Cádiz*

[2] *Organic Chemistry Department, Institute of Chemistry, Federal University of Bahia, Salvador, Brazil.*

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: EMVs; hongos fitopatógenos; metabolismo secundario; *Seimatosporium*; OSMAC

Resumen: Las enfermedades de la madera de la vid (EMVs) son infecciones fúngicas crónicas que atacan las partes perennes de la planta, principalmente tronco y ramas, provocando necrosis, podredumbre, pérdida de producción y, a menudo, la muerte de la misma. Los hongos asociados a estas enfermedades pertenecen a múltiples géneros y en la mayoría de los casos, la infección suele estar producida por consorcios de los mismos[1]. Además, algunos de estos hongos pueden comportarse como endófitos durante parte de su ciclo de vida, permaneciendo en la planta sin provocar síntomas o manifestando la enfermedad de forma intermitente. La principal vía de entrada de los hongos responsables de las EMVs en la planta son las heridas de poda, aunque la evolución de la enfermedad puede variar dependiendo del hongo implicado y de las condiciones ambientales. Esta variabilidad dificulta tanto el diagnóstico precoz como el control de la enfermedad, situación agravada tras la prohibición de fungicidas tradicionalmente empleados, como el arsenito sódico. En el Marco de Jerez, donde las EMVs representan actualmente un importante problema fitosanitario, se realizó un muestreo de plantas de vid que presentaban síntomas de enfermedad. A partir de muestras de la variedad syrah se identificó el hongo *Seimatosporium vitis-vinifera*[2], perteneciente al grupo de los *Pestalotioides* y asociado a dichas enfermedades. El interés por esta especie se ve reforzado por el acusado decaimiento que la variedad syrah ha experimentado en los últimos años a nivel mundial[3]. Así, el estudio del metabolismo secundario del hongo fitopatógeno *S. vitis-vinifera* puede aportar información relevante para el desarrollo de nuevas estrategias de control. La identificación de los metabolitos implicados en la aparición de síntomas permitiría establecer nuevas dianas terapéuticas y diseñar fungicidas dirigidos específicamente a las rutas biosintéticas implicadas en su producción. Para dicho estudio se aplicó la técnica OSMAC (One Strain Many Compounds), basada en la modificación de las condiciones y la composición de los medios de cultivo con el fin de activar diferentes rutas metabólicas que den lugar a nuevos metabolitos secundarios[4]. Así, se llevaron a cabo fermentaciones en medios sólidos (PDA, agar malta y medio de arroz) y líquidos (Czapek-Dox, PDB) tanto en estático como en agitación. Los extractos obtenidos fueron fraccionados y los metabolitos purificados mediante técnicas cromatográficas. El análisis químico de los diferentes extractos permitió identificar como metabolito mayoritario el tirosol, con propiedades antioxidantes y una elevada actividad fitotóxica sobre hojas de vid[5,6], además de la identificación de cuatro metabolitos previamente no descritos. Estos resultados ponen de manifiesto el potencial biosintético de este hongo y la relevancia de continuar profundizando en el estudio de su metabolismo secundario.

Referencias

1. Kovács and E. Sándor, *Int. J. Hortic. Sci.*, 2016, **22**, 21–30.
2. L. Raimondo, A. Carlucci, C. Ciccarone, A. Sadallah and F. Lops, *Phytopathol. Mediterr.*, 2019, **58**, 639–662.
3. Gramaje, R. M. Muñoz, M. L. Lerma, J. GarcíA-Jiménez and J. Armengol, *Phytopathol. Mediterr.*, 2009, **48**, 396–402.
4. Li, J. Wang, W. He, X. Lin, X. Zhou and Y. Liu, *Chem. Nat. Compd.*, 2017, **53**, 373–374.
5. Masi, S. Bashiri, A. Cimmino, Z. Bahmani, J. Abdollahzadeh and A. Evidente, *Toxins*, 2021, **13**, 812.
6. A. C. Nobre, A. A. Silva, G. M. Fernandes, G. H. Silva and W. R. Macedo, *Rodriguésia*, 2021, **72**:e01292019.

Financiado por Proyecto FEDER-UCA-2024-A2 -57 cofinanciado por el Programa Operativo FEDER Andalucía 2021-2027 y por la Consejería de Universidad, Investigación e Innovación de la Junta de Andalucía.

P.105: Advancing melon resistance to ToLCNDV using CRISPR/Cas technologies

Arcadio García Pérez[1], Alicia Sifres Cuerda[1], Raúl Hernández-Torrico[1], Begoña García-Sogo[2], Ana María Pérez de Castro[1], Benito Pineda Chaza[2], Vicente Moreno Ferrero[2], José-Antonio Daròs Arnau[2], Belén Picó Sirvent[1], Carmelo López del Rincón[1]

[1] *Instituto de Conservación y Mejora de la Agrodiversidad Valenciana (COMAV). Valencia.*

[2] *Instituto de Biología Molecular y Celular de Plantas (IBMCP). Valencia.*

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: ToLCNDV; DNA Primase Large subunit; CRISPR/Cas; melon; watermelon mosaic virus; (S) genes.

Resumen: Tomato leaf curl New Delhi virus (ToLCNDV) is a *Begomovirus* presenting a bipartite single-stranded DNA genome. This virus, which is transmitted in nature by the whitefly *Bemisia tabaci*, has spread to different parts of the world and represents a major threat to cucurbit crops concentrated in the Mediterranean Basin. The study of genetic resistance to ToLCNDV has mainly been carried out by QTL analysis using resistant melon cultivars, and candidate regions have been successfully mapped. Different studies suggest the involvement of the *DNA primase large subunit* (*ND1* from now on) as a susceptibility (S) gene mediating ToLCNDV infection. In this work, in collaboration with Sakata Seed Ibérica, we have obtained melon lines presenting CRISPR edits in the first exon of *ND1*, reaching an indel frequency of up to 75%. These plants were generated following stable transformation by means of *Agrobacterium tumefaciens*. Upcoming experiments will determine whether there is a relationship between the level of *ND1* editing and plant resistance to viral infection. Within the scope of obtaining resistant plants, we have also developed a strategy that combines *A. tumefaciens*-mediated stable transformation of different melon cultivars to express Cas nucleases, with the expression of guide RNAs by means of a viral vector derived from watermelon mosaic virus (WMV). Piel de Sapo lines harbouring the SpCas9 nuclease and Charentais lines harbouring the LbCas12att nuclease have been obtained. Different guides targeting *ND1* and different reporter genes have been tested in the transgenic plants, but no editing events have been detected so far. We expect that, in the near future, the combination of stable transformation to express Cas nucleases and viral vectors to express different guide RNAs will accelerate CRISPR-Cas genome engineering, particularly in plant species in which stable transformation is difficult, such as melon.

Financiado por This work was supported by the Conselleria de Educación, Cultura, Universidades y Empleo - Programa PROMETEO-GVA (Reference CIPROM/2024/53) and by grants PID2021-125787OR-C33 and PID2024-155251OR-C33 funded by MICIU/AEI/10.13039/501100011033 and by FEDER, UE.

P.107: Preservación de *Debaryomyces hansenii* para su aplicación como agente de biocontrol postcosecha

Helena Chacón Navarrete, Francisco Javier Ruiz Castilla, José Ramos Ruiz

Departamento de Química Agrícola, Edafología y Microbiología, Edificio Severo Ochoa (C-6), Campus de Excelencia Internacional Agroalimentario de Rabanales (ceiA3), Universidad de Córdoba, 14071 Córdoba, España.

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: *Debaryomyces hansenii*; biocontrol; postcosecha; preservación; viabilidad; *Aspergillus*; *Penicillium*.

Resumen: *Debaryomyces hansenii* es una levadura con gran potencial para el control biológico de hongos fitopatógenos y alterantes asociados a productos hortofrutícolas en postcosecha. Actualmente, el desarrollo de formulaciones estables constituye un requisito indispensable para su transferencia a escala industrial. En este trabajo se evaluó el secado por aire caliente como estrategia de preservación de biomasa de *D. hansenii* destinada a futuras aplicaciones postcosecha, comparando su eficacia con la metodología estandarizada: la liofilización. Se emplearon cuatro cepas de *D. hansenii* (CBS767, LR2, SRF1 y CB1), sometidas a diferentes condiciones de secado para determinar el tratamiento óptimo. La viabilidad celular se monitorizó inmediatamente tras el procesado y a lo largo de cuatro meses de almacenamiento a temperatura ambiente. Asimismo, se evaluó la capacidad antagonista frente a *Aspergillus flavus* y *Penicillium crustosum* en distintas matrices alimentarias representativas de futuros escenarios de aplicación. El tratamiento óptimo correspondió a 35 °C durante 110 minutos, logrando mantener la viabilidad celular con pérdidas reducidas (~5%). La comparación entre métodos de preservación reveló que el secado por aire caliente permitió obtener una viabilidad inicial significativamente superior a la alcanzada mediante liofilización, con concentraciones aproximadamente un orden de magnitud mayores en el tiempo cero. Tras cuatro meses de almacenamiento, todas las cepas mantuvieron poblaciones superiores a 10^6 UFC/g, mientras que durante el primer mes se registraron valores superiores a 10^8 UFC/g. Las cepas autóctonas CB1 y SRF1 mostraron la mayor estabilidad durante el almacenamiento. La actividad antagonista frente a ambos hongos se mantuvo elevada durante los dos primeros meses, con porcentajes de inhibición comprendidos entre el 70 y el 100%, si bien disminuyó progresivamente a partir del tercer mes. El medio de crecimiento empleado influyó significativamente en la preservación de esta capacidad antagonista. En conjunto, los resultados indican que el secado por aire caliente constituye una alternativa viable a la liofilización para la obtención de formulados de *D. hansenii* destinados al control biológico postcosecha, permitiendo mantener elevados niveles de viabilidad y actividad antagonista durante periodos de almacenamiento compatibles con su aplicación práctica.

Financiado por Plan Propio de la Universidad de Córdoba.

P.108: Interacciones planta-nemátodo en sustratos litológicos contrastados en bosques mediterráneos

Víctor Lechuga Ordóñez[1], José Antonio Carreira de la Fuente[2], Benjamín Viñegla Pérez[2], Ana Rey Simó[3], Juan Carlos Linares Calderón[4], Gracia Liébanas Torres[2], Carolina Cantalapiedra Navarrete[1], Pablo Castillo Castillo[1], Antonio Archidona-Yuste[1]

[1] *Instituto de Agricultura Sostenible (IAS), Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC) - Córdoba, España*

[2] *Dpto. de Biología Animal, Biología Vegetal y Ecología, Universidad de Jaén - Jaén, España*

[3] *Dpto. de Biogeografía y Cambio Global, Museo Nacional de Ciencias Naturales-CSIC - Madrid, España*

[4] *Dpto. de Sistemas Físicos, Químicos y Naturales, Universidad Pablo de Olavide - Sevilla, España*

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: nematodos; litología; bosques mediterráneos; cambio climático

Resumen: La cuenca mediterránea constituye uno de los principales puntos calientes de biodiversidad a escala global, pero también una de las regiones más vulnerables frente al cambio climático. El incremento de las temperaturas y la creciente frecuencia e intensidad de los episodios de sequía están provocando importantes alteraciones en el funcionamiento de los ecosistemas forestales mediterráneos. En este contexto, las interacciones planta-suelo adquieren una relevancia fundamental, ya que ambos componentes forman una compleja red ecológica en la que los recursos limitantes, especialmente el agua, condicionan el desarrollo de las plantas y el funcionamiento del ecosistema edáfico. Dentro de los organismos del suelo, los nematodos desempeñan un papel clave debido a su elevada abundancia, diversidad funcional y participación en múltiples procesos ecológicos relacionados con el reciclaje de nutrientes y las redes tróficas del suelo. Tradicionalmente, las interacciones entre plantas y nematodos se han abordado desde una perspectiva negativa, centrada en los nematodos fitoparásitos, debido a la gran cantidad de especies capaces de parasitar prácticamente todo tipo de plantas, incluidas especies forestales. Por ello, estos organismos suelen asociarse a efectos perjudiciales sobre el crecimiento y rendimiento de las plantas. Sin embargo, el papel ecológico de los nematodos dentro de los ecosistemas forestales es mucho más complejo y aún existen importantes lagunas de conocimiento sobre cómo interactúan con las plantas y el suelo bajo condiciones ambientales cambiantes. Uno de los factores menos estudiados en estas interacciones es la litología. Las características derivadas del material parental condicionan las propiedades físico-químicas edáficas, influyendo directamente sobre las comunidades vegetales y los organismos del suelo. No obstante, todavía se conoce poco acerca de cómo la litología puede modular las relaciones planta–nematodo en escenarios de aumento de eventos climáticos extremos y disminución de precipitaciones. Para explorar cómo son estas relaciones litología-planta-nematodo, se estableció un diseño experimental donde bosques de pino marítimo (*Pinus pinaster*) y pinsapo (*Abies pinsapo*) crecen sobre tres sustratos litológicos contrastados: rocas calizas, metapelitas y peridotitas. Mientras que el pino marítimo presenta una amplia distribución mediterránea, el pinsapo constituye una especie relicta restringida al sur de España. Los resultados preliminares muestran una estrecha relación entre las características estructurales del bosque y las comunidades de nematodos fitoparásitos, destacando el papel de la litología en las interacciones entre plantas, nematodos y suelo.

Financiado por SPIP2024-03236 Ministerio para la Transición Ecológica y el Reto Demográfico – Organismo Autónomo de Parques Nacionales – Proyecto: Ecología integrativa para la conservación y gestión adaptativa frente al cambio global de los bosques de coníferas del Parque Nacional de la Sierra De Las Nieves.

P.109: Hongos endófitos como potenciales agentes de control biológico frente a la enfermedad causada por *Fusarium* en césped

Victoria María Huertas Navarro[1], Carmen Palazón Alba[2], Melanie D. Gómez-Herrera[3], Milagrosa Santos[1], Fernando Diánez Martínez[1]

[1] *Universidad de Almería*

[2] *Instituto Universitario de Investigación Marina (INMAR). Puerto Real (Cádiz)*

[3] *Universidad Nacional del Nordeste, Argentina, Corrientes, Argentina.*

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: césped; *Fusarium*; hongos endófitos septados oscuros; *Trichoderma*; control biológico

Resumen: Las enfermedades del césped causadas por especies de *Fusarium* representan una limitación importante para el mantenimiento de superficies ornamentales, recreativas y deportivas, especialmente bajo condiciones que favorecen el establecimiento del patógeno y el estrés vegetal. En este estudio se evaluó el potencial de hongos silvestres, incluyendo hongos endófitos septados oscuros y aislados de *Trichoderma*, como posibles agentes de control biológico frente a *Fusarium* en césped. El ensayo se desarrolló en dos fases. En primer lugar, los aislados fúngicos fueron inoculados en plantas de césped para comprobar su compatibilidad con el hospedador y descartar posibles efectos patogénicos. Posteriormente, las plantas previamente inoculadas fueron infectadas con *Fusarium* para evaluar si dichos hongos eran capaces de reducir el desarrollo de la enfermedad. La respuesta sanitaria se valoró mediante el registro de plantas enfermas, cloróticas, marchitas y necróticas, así como mediante la severidad de la enfermedad y la presencia o ausencia de pudrición. Además, se analizaron parámetros de crecimiento vegetal, incluyendo biomasa fresca, biomasa seca total y biomasa seca aérea.Los resultados mostraron que la infección por *Fusarium* se estableció en la mayoría de los tratamientos, aunque la respuesta del césped varió notablemente en función del aislado fúngico inoculado. Los tratamientos 3, 8, 9, 10, 18 y 19 no presentaron síntomas de pudrición, lo que sugiere una posible capacidad para limitar el avance de la enfermedad. Entre ellos, el tratamiento 19 destacó como el candidato más prometedor, al presentar la menor severidad media de la enfermedad, aproximadamente 2,17, junto con ausencia completa de pudrición. El tratamiento 10 también mostró una respuesta favorable, con baja severidad y ausencia de pudrición. Por el contrario, tratamientos como el 13, 14 y 20 mostraron una elevada presión de enfermedad, con pudrición frecuente o generalizada. Las respuestas de biomasa fueron igualmente dependientes del aislado. Algunos tratamientos, como el 11 y el 25, destacaron por favorecer la acumulación de biomasa, aunque no necesariamente coincidieron con los tratamientos de menor severidad. En conjunto, estos resultados indican que los hongos evaluados pueden modular diferencialmente la respuesta del césped frente a *Fusarium*, actuando potencialmente como agentes de biocontrol o promotores del crecimiento vegetal. Los tratamientos 19 y 10 emergen como candidatos prioritarios para futuros ensayos de validación en condiciones controladas y de campo.

Financiado por ayuda DIN2021-012298 financiado por el MCIN/AEI / 10.13039/501100011033.

P.110: Raíces saturadas de virus: dinámica de la invasión de aislados suaves vs severos de TuMV

Silvia Ambrós[1], Santiago F Elena[1,2]

[1] *I2SysBio Valencia*

[2] *Santa Fe Institute, Santa Fe USA*

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: Interacción virus-raíz; interacción planta-patógeno; TuMV; interacción virus-planta; potyvirus

Resumen: Los estudios de las interacciones virus-planta se han centrado casi exclusivamente en las partes aéreas de estas, básicamente en las hojas. Sin embargo, la interacción virus-planta es más compleja y se extiende a todos los órganos de la planta, incluidas las raíces. Estas constituyen un sistema de soporte y defensa clave para la planta y forman parte del ecosistema de la rizosfera, en el que las interacciones virus-raíz tienen un papel esencial. A pesar de ello, el análisis de este tipo de interacciones ha sido muy escaso. Nuestro grupo aborda las interacciones virus-planta utilizando el patosistema formado por el potyvirus del mosaico del nabo (TuMV) y la planta modelo *Arabidopsis thaliana*. En este trabajo, mostramos como la interacción inicial del virus con el sistema radicular es la clave para el inicio y establecimiento de la infección sistémica. Como base de estudio utilizamos clones infecciosos de dos aislados del TuMV marcados con GFP que difieren en su patogenicidad: uno del aislado salvaje suave (WT) y el otro, de un aislado severo (DV) obtenido mediante evolución experimental a partir del primero. Tras inocular ambos virus en hojas de *A. thaliana* seguimos la dinámica de la invasión viral desde los foci de las hojas inoculadas a las raíces y a los tejidos aéreos, mediante fluorescencia y determinación de la carga viral durante los siguientes 10-20 días. Ambos virus invaden significativamente primero las raíces distales, donde se inicia la infección, lo que observamos a tiempos tan tempranos como 3 dpi para el virus DV y 12-20h después para el virus WT, detectando focis de replicación radicular aislados y concentraciones virales bajas. Sin embargo, tras 24-36h estas cantidades aumentan drásticamente y mientras el virus DV invade totalmente las raíces, el virus WT aún mantiene una invasión parcial acumulándose de 3 a 4 veces menos. A partir de 5 dpi, el virus invade la parte aérea de la planta, se localiza en el meristemo apical y allí invade hojas, tallo floral y flores haciéndose sistémico. A 7-8 dpi ambos virus parecen alcanzar cargas similares en raíz aunque inferiores que en tejidos aéreos. La acumulación del virus en raíz es muy elevada a lo largo de los 20 días de seguimiento de la infección, sin descensos. Nuestros resultados muestran que el intervalo inicial entre 3-4 dpi marca el éxito de la invasión viral en las raíces y con ello la posterior infección sistémica de la planta a 5-8 dpi, siendo estos tiempos clave para llevar a cabo estudios transcriptómicos de gran interés.

Financiado por Ministerio de Ciencia e Innovación, Proyecto PID2022-136912NB-I00, 01/09/2023-actualidad.

P.111: Piel de plata de café contra la fusariosis vascular del banano

Carmen Gómez-Lama Cabanás[1], Eva Sánchez-Hernández[2], Antonio Valverde-Corredor[1], Carlos Casanova-Muñoz[1], Jesús Martín-Gil[2], Pablo Martín-Ramos[1]

[1] *Instituto de Agricultura Sostenible, Córdoba*

[2] *Universidad de Valladolid*

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: Biopesticida; cafeína; economía circular; *Musa* spp.; mal de Panamá; extracto vegetal; inhibición de la esporulación; agricultura sostenible

Resumen: La fusariosis vascular del banano causada por *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* raza tropical 4 (*Foc* TR4) requiere alternativas de control sostenibles. En este estudio se evaluó un extracto acuoso amoniacal de piel de plata de café mediante bioensayos *in vitro* e *in planta*. El extracto inhibió completamente el crecimiento micelial a concentraciones iguales o superiores a 25 ppm y presentó una EC_{50} de 13,1 ppm, aproximadamente 73 veces inferior a la del fungicida de referencia fosetil-Al. Además, redujo la esporulación en más de cuatro órdenes de magnitud y suprimió la germinación de conidias a 15 ppm durante al menos 60 h. En plantas Grand Nain inoculadas con TR4, las dosis de 87,5 y 175 ppm redujeron al menos un 99,6% el área bajo la curva de progreso de la enfermedad (AUDPC). A 175 ppm, la severidad permaneció estadísticamente indistinguible del control sano durante los 67 días del ensayo, mientras que a 87,5 ppm se mantuvo en 0 hasta el día 64. Estos resultados identifican la piel de plata de café como una fuente de compuestos con actividad frente a *Foc* TR4 en las condiciones evaluadas.

Financiado por Junta de Castilla y León (España) y el Fondo Europeo de Desarrollo Regional (ref. VA148P23), y por Ayudas extraordinaria para la incorporación de científicos titulares, OEP 2020-2021. Referencia 2024ICT246.

P.112: Extractos de *Isatis tinctoria* contra *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* TR4

Carmen Gómez-Lama Cabanás[1], Eva Sánchez-Hernández[2], Antonio Valverde-Corredor[1], Carlos Casanova-Muñoz[1], José Antonio Cuchí-Oterino[3], Jesús Martín-Gil[2], Pablo Martín-Ramos[2]

[1] *Instituto de Agricultura Sostenible, Córdoba*

[2] *Universidad de Valladolid, Palencia*

[3] *Universidad de Zaragoza, Huesca.*

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: Biorracional; Brassicaceae; glasto; fusariosis vascular; mal de Panamá; fitoalexinas

Resumen: La fusariosis vascular del banano causada por *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* TR4 ha intensificado la búsqueda de alternativas botánicas. En este trabajo se evaluaron extractos hidrometanólicos liofilizados de partes aéreas y raíces de *Isatis tinctoria* recolectada en plena floración, combinando caracterización fitoquímica y bioensayos antifúngicos. El análisis mediante cromatografía de gases acoplada a espectrometría de masas mostró perfiles distintos: el extracto aéreo estuvo dominado por ácidos grasos libres, mientras que el radicular se caracterizó por sorbitol, benzaldehídos metoxilados, derivados de benzofurano y heterociclos organosulfurados. En los ensayos *in vitro*, el extracto de partes aéreas alcanzó inhibición completa a 1.000 ppm y presentó una EC_{50} de 481,1 ppm, mientras que el extracto de raíz requirió 1.500 ppm y mostró una EC_{50} de 802,2 ppm. En cámara de crecimiento, ambos extractos redujeron un 87,5% la severidad mediana de la enfermedad a los 67 días tras la inoculación, y el extracto de raíz mostró una respuesta menos variable. En conjunto, los resultados indican que *I. tinctoria* es una fuente prometedora de compuestos biorracionales para el manejo de la fusariosis vascular del banano y sugieren estrategias antifúngicas diferenciadas según el tejido vegetal empleado.

Financiado por Junta de Castilla y León (España) y el Fondo Europeo de Desarrollo Regional (ref. VA148P23), y por Ayudas extraordinaria para la incorporación de científicos titulares, OEP 2020-2021. Referencia 2024ICT246.

P.113: De las aguas residuales al campo: actividad antifúngica de extractos de biomasa microalgal frente a *Fusarium oxysporum* f. sp. *capsici* y *Phytophthora capsici* en plantas de pimiento

Carmen Palazón Alba[1,2], Victoria María Huertas Navarro[3], Melanie D. Gómez-Herrera[4], J.A Perales Vargas-Machuca[2], Milagrosa Santos[3]

[1] *Universidad de Cádiz*

[2] *Departamento de Tecnologías del Medio Ambiente, Instituto Universitario de Investigaciones Marinas (INMAR), Campus de Excelencia Internacional del Mar (CEIMAR), Universidad de Cádiz, 11510 Puerto Real, Cádiz, España*

[3] *Departamento de Agronomía, Escuela Superior de Ingeniería, Universidad de Almería, 04120 Almería, España*

[4] *Laboratorio de Fitopatología, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional del Nordeste, Argentina. Sargento J.B. Cabral 2131, Corrientes, Argentina*

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: Microalgas; Biocontrol; *Fusarium*; *Phytophthora*

Resumen: La intensificación agrícola y el uso continuado de fungicidas de síntesis han impulsado la búsqueda de alternativas sostenibles para reducir la dependencia de agroquímicos en la protección de cultivos. Las microalgas y cianobacterias, reconocidas por su actividad antagonista frente a múltiples fitopatógenos, representan una alternativa prometedora en este contexto. En el presente trabajo se evaluó la actividad antifúngica de extractos de biomasa microalgal procedente del tratamiento de aguas residuales frente a *Fusarium oxysporum* f. sp. *capsici* (Foc) y *Phytophthora capsici* mediante ensayos *in vitro* e *in vivo* en plantas de pimiento (*Capsicum annuum*). Se emplearon dos biomasas microalgales: B1, dominada por cianobacterias y procedente de efluentes de acuicultura, y B2, dominada por clorofitas y obtenida de aguas residuales urbanas. A partir de cada biomasa se prepararon tres tipos de extracto: biomasa fresca (A), filtrado a 0,22 µm (B) y autoclavado (C). Los extractos se incorporaron al medio PDA a concentraciones de 1, 2 y 3 $g \cdot L^{-1}$ y se determinó el porcentaje de inhibición del crecimiento micelial (PICM). En los ensayos *in vivo*, las plantas fueron tratadas con el extracto A e inoculadas posteriormente con ambos patógenos a una concentración de 10^4 $esporas \cdot mL^{-1}$. Los extractos frescos mostraron la mayor actividad antifúngica frente a ambos patógenos. Frente a Foc, la inhibición presentó una correlación positiva con la dosis, alcanzando el valor máximo con B2 a 2 $g \cdot L^{-1}$ (64,83 ± 7,48%), mientras que los extractos B y C mostraron valores bajos pero positivos en la mayoría de los tratamientos. Frente a *P. capsici*, únicamente el extracto A indujo inhibición significativa, siendo B1 a 1 $g \cdot L^{-1}$ el tratamiento más efectivo (52,87 ± 10,37%), con inhibición reducida o nula para los extractos B y C. En los ensayos *in vivo*, no se detectaron diferencias estadísticamente significativas entre tratamientos; no obstante, B1 a 1 y 2 $g \cdot L^{-1}$ redujo la severidad de ambas enfermedades, sugiriendo un efecto bioprotector incipiente. En conjunto, los resultados ponen de manifiesto el potencial de la biomasa microalgal fresca como fuente de compuestos bioactivos con actividad antifúngica. La ausencia de efectos significativos en condiciones *in vivo* evidencia la necesidad de optimizar las formulaciones y las estrategias de aplicación para mejorar la eficacia y estabilidad de estos extractos en condiciones de cultivo real.

Financiado por el Proyecto PID2022-140125OB-I00, financiado por MICIU/AEI/10.13039/501100011033 y por ERDF/EU.

P.114: Integración de la biodiversidad microbiana, nematodos fitoparásitos y metabolómica para caracterizar la salud del suelo en agroecosistemas abandonados de zonas semiáridas

Inmaculada Criado-Navarro[1], Ana García-Velázquez[1], Rosana Salazar-García[1], Guillermo León-Ropero[1], Jorge Martín-Barbarroja[1], Carlos Augusto Ledesma-Escobar[2,3], Feliciano Priego-Capote[2,3], Pablo Castillo Castillo[1], Antonio Archidona-Yuste[1]

[1] *IAS-CSIC – Instituto de Agricultura Sostenible-CSIC. Córdoba*

[2] *Departamento de Química Analítica, Universidad de Córdoba, Córdoba*

[3] *IQUEMA – Instituto Químico para la Energía y el Medio Ambiente Universidad de Córdoba. Córdoba*

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: agroecosistemas abandonados; clima semiárido; biocrust; metabarcoding; nematodos fitoparásitos; metabolómica

Resumen: Los agroecosistemas semiáridos mediterráneos están sometidos a una creciente presión derivada del cambio climático, lo que hace necesario comprender con mayor precisión el funcionamiento del suelo y las comunidades biológicas que lo habitan. Las costras biológicas del suelo (biocrust) constituyen un compartimento edáfico diferenciado que coloniza la superficie del mismo y cuya influencia sobre la microbiota y la fauna edáfica subyacente es aún poco conocida en agroecosistemas abandonados. Evaluar la identidad funcional del suelo biocrust y de la capa subyacente (bulk), especialmente en relación con las comunidades de relevancia fitopatológica, es clave para interpretar la salud vegetal y la resiliencia del ecosistema frente a las presiones antropogénicas. En este estudio se muestrearon 28 parcelas de 20 m x 20 m, localizadas en el Desierto de Tabernas (Almería), previamente sometidas a uso agrícola. En cada parcela se analizaron el suelo biocrust (0-1 cm) y el bulk (1-10 cm), caracterizando la biodiversidad de nematodos fitoparásitos, comunidades microbianas y perfiles metabolómicos, junto con propiedades fisicoquímicas y actividad enzimática. El suelo biocrust presentó una comunidad fúngica dominada por grupos funcionales saprótrofos con roles activos en la descomposición de materia orgánica y el reciclado de nutrientes, respaldada por una elevada actividad enzimática asociada con los ciclos del C, N y P. En contraste, el suelo bulk albergó una comunidad fúngica con mayor representación de grupos funcionales fitopatógenos, parasíticos y micorrícicos, coherente con una mayor influencia de la rizosfera, así como comunidades de nematodos fitoparásitos dominadas por géneros y especies de relevancia agrícola (*Pratylenchus neglectus*, *Helicotylenchus* sp., *Paratylenchus* sp., *Geocenamus* spp.). La metabolómica no dirigida reveló perfiles químicos diferenciados entre ambas capas, destacando un enriquecimiento de metabolitos con capacidad antifúngica en biocrust, incluyendo flavonoides e isoflavonoides. En conjunto, estos resultados demuestran que las capas biocrust y bulk constituyen compartimentos funcionalmente distintos, con implicaciones directas para la dinámica de patógenos del suelo y la salud vegetal en agroecosistemas semiáridos mediterráneos.

Financiado por Proyecto RYC2021-031108-I y JDC2022-048855-I, ambos financiados por MCIN/AEI/10.13039/501100011033 y UE “Next Generation EU/PRTR.

P.115: Molecular characterization of aphid-associated insect viruses from *Aphis gossypii* populations in Spain

Matteo Miglioli[1], Marta Campillo Lizán[2], Celia de Moya-Ruiz[2], Pedro Gómez López[2], Inmaculada Ferriol Safont[1]

[1] *Instituto de Ciencias Agrarias (ICA-CSIC), Calle Serrano 115 bis, Madrid*

[2] *Centro de Edafología y Biología Aplicada del Segura (CEBAS-CSIC), Campus Universitario de Espinardo, 30100, Murcia*

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: *Aphis gossypii*; dicistroviruses; genus *Cripavirus*; insect viruses; biological control agents

Resumen: Aphids are serious crop pests that spread plant viruses, however, their associated viruses remain poorly characterized. Insect viruses may offer environmentally friendly biological control alternatives to pesticides. From 2023-2025, *Aphis gossypii* populations collected from Spanish cucurbit-growing regions were analyzed by RNA-seq, revealing several insect viruses from the genus *Cripavirus* (Family *Dicistroviridae*), including aphid lethal paralysis virus (ALPV) and *aphis gossypii* virus (AGV). In particular, the family *Dicistroviridae* comprises small non-enveloped viruses with monopartite, positive-sense ssRNA genomes of approximately 8-10 kb and two open reading frames (ORFs) separated by an intergenic region. ORF1 encodes a non-structural polyprotein containing conserved domains involved in replication, whereas ORF2 encodes the structural proteins (VP1, VP2, VP3 and VP4). Virions are non-enveloped, approximately 30 nm in diameter, and exhibit icosahedral symmetry. Due to their pathogenic effects on insect hosts, several dicistroviruses have also been investigated as potential biological control agents (BCAs) for agricultural pest management. In this context, the objectives of this work are: i) to confirm the presence of ALPV and AGV in *A. gossypii* field samples; ii) to perform phylogenetic analyses and investigate their evolutionary relationships; iii) to characterize the 5'-UTR of ALPV and AGV isolates with the aim of developing infectious cDNA clones and use them as BCAs; iv) to revisit the proteolytic processing of ALPV and AGV to explore the possibility of producing virus like particles (VLPs). Our results confirmed the presence of ALPV and AGV in our samples by RT-PCR. In addition, phylogenetic analyses revealed that Spanish ALPV isolates C3 and SM1 clustered together, while AGV isolates S4, S12, E11, CA7, CA10, SA4, S10, and SM1 grouped within a distinct AGV-related clade. Additional isolates clustered separately, suggesting the presence of genetically divergent lineages. Comparative analyses of the 5' RACE analyses identified variability at the 5' terminal region among the analysed AGV and ALPV isolates. Furthermore, sequence alignments with representative members of the genus *Cripavirus* allowed the identification of conserved putative protease motifs and predicted ORF1 and ORF2 cleavage sites in both AGV and ALPV isolates. In parallel, virus-like particle (VLP) production is currently being explored as a complementary approach to investigate virion assembly and structural determinants associated with host specificity.

Financiado por We would like to thank funding from the project PID2022-141108OB-I00. M.M was granted with an Erasmus+ Scholarship to work at ICA-CSIC.

P.116: Respuesta de portainjertos de vid a *Armillaria mellea* bajo déficit hídrico

Emilia Diaz Losada[1], Maria Dolores Loureiro Rodríguez[1], Igor Morgado Vieira[1], Rebeca Bujanda[1], Óscar López[1], David Gramaje Pérez[1,2]

[1] *Estación de Viticultura e Enoloxía de Galicia (AGACAL-EVEGA), Ponte San Clodio s/n 32428-Leiro-Ourense, Spain*

[2] *Instituto de Ciencias de la Vid y del Vino (ICVV)*

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: *Vitis vinifera*; *Armillaria mellea*; podredumbre blanca radicular; estrés hídrico; rizobioma; cambio climático

Resumen: La podredumbre blanca radicular causada por *Armillaria mellea* es una enfermedad de difícil manejo en vid, especialmente relevante en un contexto de cambio climático y aumento de los episodios de estrés hídrico. La selección de portainjertos con mayor tolerancia a patógenos radiculares y sequía constituye una estrategia clave para mejorar la resiliencia del viñedo. El objetivo de este trabajo fue evaluar la respuesta de diferentes portainjertos de vid frente a *A. mellea* bajo condiciones contrastadas de disponibilidad hídrica. Se evaluaron cuatro portainjertos: Richter 110 (110R), Folla Redonda, RG8 y RG9. Folla Redonda es un material vegetal en fase experimental en la Estación de Viticultura e Enoloxía de Galicia (EVEGA), mientras que RG8 y RG9 son materiales en fase de registro por el vivero *Vitis* Navarra. Las plantas fueron inoculadas con cinco cepas de *A. mellea* (853, 858, 860, 861 y 4039), y se incluyeron controles no inoculados. El ensayo se desarrolló bajo dos regímenes hídricos: riego óptimo (100% capacidad de campo) y riego deficitario (50% capacidad de campo). Durante el experimento se establecieron las condiciones de cultivo, inoculación y mantenimiento de las plantas, así como los criterios de evaluación de síntomas radiculares y respuesta vegetal. Los resultados obtenidos hasta la fecha indican diferencias en la respuesta de los portainjertos frente a *A. mellea*. De forma preliminar, RG9 y Folla Redonda mostraron un mejor comportamiento frente a la infección, perfilándose como los materiales más tolerantes entre los evaluados. Por el contrario, 110R presentó una mayor susceptibilidad relativa. En cuanto a las cepas del patógeno, la cepa 853 mostró el mayor efecto negativo sobre las plantas, por lo que se considera la cepa con mayor virulencia potencial en las condiciones ensayadas. Estos resultados permiten identificar materiales vegetales contrastantes en tolerancia/susceptibilidad frente a *A. mellea* y seleccionar cepas representativas del patógeno para posteriores ensayos. Además, constituyen una base experimental para estudiar la interacción entre portainjerto, estrés hídrico, patógenos radiculares y microbiota asociada a raíz y rizosfera, con el objetivo final de desarrollar estrategias sostenibles de manejo basadas en la mejora del rizobioma de la vid.

Financiado por Proyecto de I+D+i PID2023-147360OR-C32, financiado por MICIU/AEI/10.13039/501100011033 y por FEDER, UE: “Una manera de hacer Europa”.

P.117: Variantes naturales de *Botrytis cinerea* revelan reguladores clave de la patogenicidad

Ernesto Pérez Benito, Alessandro Gabrielli García, Vlad Paul Mihaila Novac, Paula Iriondo Ocampo, José María García Fernández, José María Díaz Mínguez, Virginia Casado del Castillo

CIALE. Universidad de Salamanca.

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: *Botrytis cinerea*; *Vitis vinifera*; Podredumbre gris; Análisis de Segregantes Agrupados; Mutantes naturales; Complejo Velvet

Resumen: La podredumbre gris, causada por el hongo necrótrofo *Botrytis cinerea*, constituye una de las enfermedades con mayor impacto económico en agricultura. La reducción del uso de fungicidas y el desarrollo de estrategias de control más sostenibles requieren una mejor comprensión de los mecanismos genéticos que regulan la patogenicidad y el desarrollo de este patógeno. Nuestro grupo utiliza variantes naturales no agresivas de *B. cinerea* como herramienta genética para identificar genes implicados en la infección y la diferenciación fúngica. Durante estudios sobre la incidencia de la podredumbre gris en viñedos de Castilla y León se aislaron diversas cepas con alteraciones en su capacidad infectiva. Entre ellas, Bc1 es una variante no agresiva de morfotipo micelial incapaz de producir conidios y esclerocios. Por su parte, Bc9 conserva su capacidad para producir lesiones en hojas de judía común, pero es incapaz de infectar hojas de vid y presenta alteraciones en la esporulación y en la formación de esclerocios. Los análisis genéticos clásicos indicaron una herencia monogénica de los fenotipos observados en ambos aislados. La combinación de estudios genéticos y genómicos permitió identificar las mutaciones responsables de estas alteraciones. En Bc1 se detectó una mutación puntual en el gen *Bcin04g03490* (*BcFF7-like*), un regulador global cuya pérdida de función provoca una profunda alteración del desarrollo, del metabolismo secundario y de la capacidad infectiva. En Bc9, el análisis de segregantes agrupados y los ensayos de complementación genética identificaron una mutación de pérdida de función en *BcLae1*, componente central del complejo Velvet, implicado en la regulación del desarrollo y la patogenicidad en hongos filamentosos. En conjunto, estos resultados demuestran el valor de la variación natural como fuente de mutaciones de interés biológico y como herramienta para la identificación de reguladores globales que coordinan procesos esenciales para el desarrollo y la patogenicidad de *B. cinerea*. El estudio de estas variantes proporciona además nuevas oportunidades para comprender las redes reguladoras que sustentan la interacción entre el patógeno y sus hospedadores.

Financiado por Proyectos PID2019-110605RB-100 y PID2022-139876NB-I00 (MCIN/AEI/ 10.13039/501100011033). VPM es beneficiario de una beca FPI (proyecto PID2022-139876NB-I00). PIO es beneficiaria de una beca como investigadora predoctoral de la Junta de Castilla y León (Convocatoria 2023). AGG es beneficiario de una beca como investigador predoctoral de la Junta de Castilla y León (Convocatoria 2022).

P.118: Estrategias metabólicas de resiliencia en *Geotrichum candidum* frente a los fungicidas y el calentamiento global: papel de la respiración mitocondrial

Berta González-Llorens[1,2,3], Núria Vall-llaura Espinosa[1], Igor Flórez-Sarasa[2,3], Rosario Torres Sanchis[1], Carla Casals[1]

[1] *IRTA, Postharvest, Fruitcentre, 25194 Lleida, Catalonia, Spain*

[2] *Centre for Research in Agricultural Genomics (CRAG) CSIC-IRTA-UAB-UB, Edifici CRAG, Campus UAB, 08193 Bellaterra, Barcelona, Spain*

[3] *Institut de Recerca i Tecnologia Agroalimentàries (IRTA), Edifici CRAG, Campus UAB, 08193 Bellaterra, Barcelona, Spain*

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: *Geotrichum candidum*; oxidasa alternativa; estrés químico; estrés térmico; podridura ácida; respiración mitocondrial

Resumen: La podredumbre ácida causada por *Geotrichum candidum* se está convirtiendo en uno de los grandes problemas de la postcosecha de fruta de hueso. Afecta a un amplio rango de huéspedes, como melocotón, nectarina y tomate. Para la fruta de hueso, actualmente, no existen productos comerciales para su control, tanto en campo como en postcosecha. Por razón de esto, las mitocondrias, centro del metabolismo energético, emergen como una posible diana de acción. En hongos, la coexistencia de la cadena respiratoria clásica y la vía de la oxidasa alternativa (AOX) proporciona una flexibilidad metabólica característica muy poco estudiada y de la que sólo ciertos seres vivos disponen. Aunque la AOX se ha relacionado con la tolerancia a fungicidas, su papel en la adaptación a condiciones de estrés combinado, especialmente térmico, sigue siendo desconocido. En este trabajo se evaluó el crecimiento *in vitro* de 11 cepas de *G. candidum* a 5 temperaturas de desarrollo (25, 30, 35, 37 y 40 °C). Las cepas fueron seleccionadas previamente de un conjunto de 44, considerando sus diferentes procedencias y fenotipos. Los resultados mostraron que entre 25 y 30 °C no existieron diferencias significativas en el desarrollo de las cepas. Sin embargo, a 35 y 37 °C el crecimiento se vio progresivamente comprometido conforme aumentaba la temperatura, con algunas cepas presentando un desarrollo prácticamente nulo, mientras que a 40 °C el crecimiento se detuvo completamente en todas las cepas evaluadas. A partir de estos resultados, se seleccionaron las cepas representativas de los dos extremos de crecimiento: una del grupo de las que presentaban mayor desarrollo, F11041, y aquella con menor desarrollo, GC25-44M. Seguidamente, y mediante el empleo de un electrodo tipo Clark, se analizó la tasa de respiración total, así como la capacidad de la vía de la AOX en las dos cepas seleccionadas crecidas a diferentes temperaturas (30, 35 y 37 °C). Se observaron diferencias significativas en los cocientes de consumo de oxígeno total frente a la capacidad de la vía alternativa, las cepas y las distintas temperaturas de medición. Finalmente, la cepa F11041 fue expuesta a dieciséis fungicidas seleccionados según la clasificación FRAC; con distintos modos de acción como en la respiración mitocondrial, la disrupción de la membrana celular o la alteración de la presión osmótica, entre otros; y aplicados a concentraciones comerciales a las temperaturas de 30 y 35 °C. Se determinó el crecimiento del hongo mediante espectrofotometría. Con ello, se identificaron aquellos tratamientos que, sin inhibir completamente el crecimiento de *G. candidum*, producían un debilitamiento fisiológico susceptible de ser analizado, posteriormente, en estudios combinados de metabolómica y proteómica.

Financiado por Este proyecto ha sido financiado por el proyecto PID2023-147681OB-C21 MICIU/AEI/10.13039/501100011033 (FEDER, UE, Spanish Government), por el programa CERCA y el SGR 01477 (Generalitat de Catalunya). Berta González ha recibido una beca financiada por IRTA (IRTA Sponsored Fellowship 2025).

P.119: FoG4MAT regula el desarrollo asexual y la homeostasis celular en *Fusarium oxysporum*

Paula Iriondo Ocampo, Virginia Casado del Castillo, Vlad Paul Mihaila Novac, Alessandro Gabrielli García, Ernesto Pérez Benito, José María Díaz Mínguez

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

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: *Fusarium oxysporum*; análisis transcripcional; RNA-seq; estrés oxidativo; hidrofobicidad; conidiación; factor de transcripción.

Resumen: FoG4MAT es un factor de transcripción conservado en hongos filamentosos, con un dominio de unión a DNA tipo Zn(II)Cys6 y un dominio acetiltransferasa. El gen codificador es ortólogo de *ff7* de *Neurospora crassa* y de *BcFF7-like* (*Bcin04g03490*) de *Botrytis cinerea*. Los mutantes de *F. oxysporum* con una deleción total del gen (*ΔFoG4MAT*) presentan defectos severos en la formación de micelio aéreo, esporulación y colonización del huésped, así como un envejecimiento prematuro del micelio. Para identificar los genes presuntamente regulados por este factor de transcripción realizamos un análisis transcriptómico global mediante RNA-seq comparando *ΔFoG4MAT* con la cepa silvestre muy virulenta FOP-SP1, ambos cultivados en medio sólido PDA. De los 19.392 genes anotados en el genoma, 4.692 mostraron expresión diferencial significativa (DEG), 2.457 inducidos y 2.235 reprimidos en el mutante. El análisis reveló diferencias importantes en cuatro procesos celulares interconectados. Primero, una disfunción de la cadena respiratoria mitocondrial asociada a un incremento del estrés oxidativo, al que el mutante responde mediante la inducción de sistemas antioxidantes, de captación de hierro y biosíntesis de carotenoides (cluster car). Segundo, una alteración global de la composición de membranas y pared celular, con represión de la biosíntesis de lípidos estructurales e hidrofobinas, lo cual explicaría la reducción en la formación de micelio aéreo y la pérdida de hidrofobicidad. Tercero, un bloqueo parcial de la vía de desarrollo asexual, con represión de activadores transcripcionales de la conidiación, si bien algunos reguladores centrales del desarrollo y patogenicidad, como el complejo Velvet y la vía cAMP/PKA, permanecen inalterados. Finalmente, un reequilibrio del metabolismo secundario con activación de cluster de policétidos alternativos. En conjunto, estos resultados identifican a FoG4MAT como un regulador maestro en la coordinación de la homeostasis mitocondrial, la integridad de membranas y la expresión de genes del desarrollo en *F. oxysporum*, lo cual explicaría las principales características encontradas en el análisis del fenotipo mutante en medio de cultivo. El siguiente paso es desentrañar la expresión génica diferencial que explique la pérdida de virulencia durante la colonización del hospedador vegetal.

Financiado por Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades (proyectos PID2019-110605RB-100 y PID2022-139876NB-I00). PIO es beneficiaria de un contrato predoctoral de la Junta de Castilla y León (convocatoria 2023). VCdC tiene un contrato postdoctoral de la Junta de CyL (proyecto SA073P24). VPM es beneficiario de una beca FPI (proyecto PID2022-139876NB-I00). AGG es beneficiario de un contrato predoctoral de la Junta de Castilla y León (convocatoria 2022).

P.120: Evaluación de susceptibilidad en mazorcas de maíz a *Fusarium graminearum* mediante inoculación artificial

Rubén Rufo Gómez[1], Ares Mingot[1], Óscar Crespo[1], Erick Zúñiga[1], Teresa Font[1], Joan Serra[2]

[1] *IRTA Agrónomos (Lleida)*

[2] *IRTA Mas Badia (Girona)*

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: Zea mays; *Fusarium graminearum*; podredumbre de la mazorca; inoculación artificial; resistencia varietal; micotoxinas

Resumen: La podredumbre de la mazorca por *Fusarium graminearum* (teleomorfo *Gibberella zeae*) (PMF) compromete de manera drástica el rendimiento y la inocuidad del maíz (*Zea mays* L.) en las zonas productoras de regadío del valle del Ebro debido a la acumulación de micotoxinas como deoxinivalenol y zearalenona. En el presente trabajo se evaluó la susceptibilidad de 14 híbridos comerciales de alto rendimiento a PMF sembradas en campo en una finca experimental de la comarca del Segrià (Lleida). Las mazorcas se recolectaron cuando el cultivo alcanzó el estadío de grano lechoso R3, momento fenológico caracterizado por una alta susceptibilidad a la colonización fúngica. En el laboratorio, se preparó una suspensión conidial calibrada del patógeno a su concentración óptima y se inocularon artificialmente tres repeticiones de tres mazorcas por variedad mediante la inyección directa de 1 mL de inóculo en el canal de los estilos, reproduciendo fielmente el mecanismo de infección natural primario del patógeno. Posteriormente, las muestras se mantuvieron en una cámara climática bajo condiciones controladas durante 20 días. Finalizado el periodo de incubación, se evaluó la severidad a la PMF estimando el porcentaje de superficie de la mazorca afectada y la proporción de granos visiblemente dañados. El análisis estadístico evidenció diferencias significativas en la susceptibilidad varietal: mientras híbridos como Inteligens YG y P0260 mostraron una severidad media del 24%, otros materiales, incluyendo Indem668, Gosol YG y DKC55265, alcanzaron valores cercanos al 60%. La comparación de estos resultados con datos históricos de campo mostró ciertas diferencias fenotípicas entre las variedades estudiadas. Esto sugiere que, si bien el presente método aísla la susceptibilidad intrínseca del genotipo al eliminar variables de confusión como el daño por insectos, la respuesta en condiciones reales de campo está fuertemente modulada por factores ambientales y el escape fenológico. Por tanto, este ensayo se consolida como una herramienta complementaria de gran utilidad para la estratificación de germoplasma y la selección de variedades en programas de mejora genética vegetal.

Financiado por ADAPTEX - Cultius Adaptats al Canvi (Fons Climàtic de la Generalitat de Catalunya).

P.121: Induction of systemic resistance to tomato brown rugose fruit virus (ToBRFV) in tomato by foliar application of a fungal culture

Marta Maria Barone[1], Paloma Mancebo[2], Jessica Paola Calderón[3], Esmeralda Sanahuja Edo[3], Ana Alfaro Fernández[3], María Isabel Font San Ambrosio[3], Rosa Peiró[4], Slavica Matic[1], Salvatore Davino[1], Luis Rubio[2]

[1] *Department of Agricultural, Food and Forest Sciences - University of Palermo*

[2] *Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias (IVIA). Moncada,Valencia*

[3] *Instituto Agroforestal Mediterráneo (IAM) - Universitat Politècnica de València (UPV), Valencia*

[4] *Instituto de Conservación y Mejora de la Agrodiversidad Valenciana (COMAV) – UPV, Valencia*

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: tomato brown rugose fruit virus; virus resistance; plant immunity inducer; *Pleurotus*; *Tobamovirus*

Resumen: Tomato brown rugose fruit virus (ToBRFV) is an emerging tobamovirus that poses a threat to tomato and pepper production worldwide due to its high infectivity, rapid dissemination via mechanical contact and contaminated seeds, and the limited durability of available host genetic resistance sources. An alternative strategy relies on the induction of resistance through elicitation or priming of plant defense responses. Fungal-derived extracts and metabolites can act as elicitors of plant immunity, activating defense signaling pathways and enhancing resistance to pathogens, including viruses. In this study, a culture of *Pleurotus* spp. was evaluated for its ability to induce resistance against ToBRFV when applied as a foliar spray prior to viral inoculation. An experiment was conducted using six biological (plant) replicates per treatment and inoculation condition. Two inoculation methods were employed: i) mechanical inoculation using ToBRFV-infected plant extracts with carborundum and ii) inoculation without carborundum, along with their respective mock inoculations used as negative controls. Two treatments with a dried fungal culture solution were tested: i) a single application one week before inoculation, and ii) three consecutive applications at one-day intervals before inoculation; equivalent control treatments consisted of water applications. At 15 days post-inoculation (dpi), RT-qPCR analysis showed that most water-treated plants accumulated high levels of ToBRFV, reaching 6.8 $\log_{10}$ relative units, almost threefold higher than in plants inoculated without carborundum (2.5 $\log_{10}$ units). In contrast, fungus-treated plants either remained uninfected or exhibited low viral accumulation, averaging approximately 1.0 $\log_{10}$ units following a single application, and this level decreased below 0.5 $\log_{10}$ units under the multiple-application treatment. Consistent with these findings, most water-treated and ToBRFV-inoculated plants developed severe symptoms, whereas no severe symptoms were observed in fungus-treated plants, except for two plants inoculated with carborundum under the single-application treatment. Mock-inoculated plants remained asymptomatic and exhibited no signs of phytotoxicity. These results demonstrate that *Pleurotus* spp. cultures can effectively induce resistance against ToBRFV in tomato plants. This approach represents a promising strategy for tomato management and may be used in conjunction with host genetic resistance and other resistance-inducing technologies, such as spray-induced gene silencing (SIGS) based on ToBRFV-derived dsRNA delivered via nanoparticles.

Financiado por Funded by grant PID2024-155251OR-C31 del Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades (MICIU), co-funded by European Regional Development Fund (ERDF).

P.122: Identificación de determinantes genéticos de TSWV asociados a la superación de la resistencia en pimiento

Guillermo Ipiens Jiménez[1,2], Karelia Velazquez Caballero[1], Carmelo López del Rincón[3], Jesús Sánchez Navarro[4], Luis Rubio Miguélez[1]

[1] *Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias (IVIA). Moncada, Valencia.*

[2] *Universitat Politècnica de Valéncia (UPV). Valencia.*

[3] *Instituto de Conservación y Mejora de la Agrodiversidad Valenciana (COMAV) - UPV. Valencia.*

[4] *Instituto de Biología Molecular y Celular de Plantas (IBMCP) - UPV. Valencia.*

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: Tomato spotted wilt virus; *Tospoviridae*; pimiento; resistencia; evolución; *Tsw*

Resumen: El virus del bronceado del tomate (tomato spotted wilt virus, TSWV) es uno de los virus más destructivos a nivel mundial, afectando a numerosos cultivos hortícolas y ornamentales. La estrategia más eficaz para el control de este virus es el empleo de variedades resistentes desarrolladas mediante mejora genética. Actualmente, las únicas resistencias disponibles comercialmente corresponden a los genes *Sw-5b* en tomate y *Tsw* en pimiento. Sin embargo, tanto en España como en otros países han emergido aislados de TSWV capaces de superar estas resistencias tras el cultivo continuado de variedades resistentes. La identificación de los cambios genéticos implicados en la ruptura de la resistencia constituye el primer paso para comprender cómo desarrollar resistencias eficaces y duraderas. Al comparar secuencias nucleotídicas y aminoacídicas de aislados de campo de TSWV se encontró que un cambio aminoacídico en la proteína NSs de TSWV en al menos en tres posibles posiciones estaba asociada a la superación de la resistencia del gen *Tsw* de pimiento. Mediante evolución experimental, se obtuvieren siete aislados, cada uno de ellos con uno o dos cambios aminoacídicos en distintas posiciones de NSs relacionados con la superación de la resistencia. La capacidad de dos de estas mutaciones puntuales para superar la resistencia fue confirmada mediante la expresión transitoria del gen NSs de TSWV en plantas transgénicas de *Nicotiana benthamiana* que portaban el gen de resistencia *Tsw*. Los resultados de este estudio, junto con otros trabajos, sugieren que la superación de la resistencia conferida por el gen *Tsw* en pimiento puede deberse a un único cambio aminoacídico en al menos 18 posiciones diferentes de la proteína NSs de TSWV. Este elevado número de posibles mutaciones contrasta con el limitado repertorio de cambios asociado a la superación de la resistencia conferida por el gen *Sw-5b* en tomate por TSWV y otros casos con otros virus y huéspedes.

Financiado por El proyecto PID2024-155251OR-C31 del Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades (MICIU), cofinanciado por el Fondo Europeo de Desarrollo Regional (FEDER). Guillermo es beneficiario de un contrato predoctoral financiado por el programa Marisa Badenes del IVIA, susceptible de ser cofinanciado por la Unión Europea a través del programa “Fondo Social Europeo Plus (FSE+) Comunitat Valenciana 2021-2027.

P.123: Influencia de tratamientos con consorcios bacterianos de biocontrol en el cultivo de la fresa

María Camacho[1], David Ruano[1], Juan Jesús Medina[2], José Antonio Gómez-Mora[2], Luis Miranda[2], Berta de los Santos[1]

[1] *Centro IFAPA Las Torres, Alcalá del Río, Sevilla*

[2] *Centro IFAPA Huelva*

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: *Macrophomina phaseolina*; podredumbre carbonosa; rendimientos; metán sodio

Resumen: El uso de microorganismos con actividad de biocontrol es una de las alternativas al uso de pesticidas químicos. El cultivo de la fresa está amenazado por diversos patógenos edáficos que, en el escenario actual de reducción de fumigantes químicos, comprometen los rendimientos de este cultivo. El objetivo de este trabajo fue determinar, en condiciones de campo con suelos naturalmente infestados, la eficacia de dos consorcios bacterianos en el control de *Macrophomina phaseolina* (agente causal de podredumbre carbonosa en fresa) y su influencia en parámetros productivos del cultivo. Las cepas bacterianas que componen estos consorcios han sido caracterizadas previamente por sus características fenotípicas e identificadas mediante secuenciación. El ensayo se llevó a cabo en la Finca Experimental El Cebollar (Moguer, Huelva). Los tratamientos fueron: control no tratado, metam sodio (MeNa) 300 l/ha, consorcio AdB17 + AdB20 y consorcio CT364 + ACH16 con un diseño experimental de distribución al azar en cuatro bloques. Las bacterias fueron aplicadas vía riego, con un máximo de seis aplicaciones. Con respecto al vigor de las plantas, se observaron diferencias significativas entre los tratamientos y el control en el valor del área bajo la curva, correspondiendo los valores más altos a los tratamientos con el consorcio bacteriano ACH16 + CT364 y MeNa. Con estos consorcios bacterianos se obtuvieron producciones similares a las del tratamiento MeNa, significativamente superiores a las del control y sin afectar a la calidad de los frutos. Los tratamientos redujeron de forma significativa la mortalidad acumulada al final de la campaña con respecto al control no tratado. La incidencia de podredumbre carbonosa fue significativamente inferior al control en todos los tratamientos, no detectándose ninguna planta muerta por esta causa en el tratamiento con el consorcio bacteriano ACH16 + CT364. Hay que destacar que no se aislaron, de plantas tratadas con los consorcios bacterianos Adb17 + Adb20 y ACH16 + CT364, especies de *Fusarium* o de *Neopestalotiopsis*, ambos géneros detectados en el material vegetal procedente de vivero. Estos resultados señalan el potencial uso de estos agentes de biocontrol como alternativa a los fumigantes de suelo.

Financiado por Proyecto PP.AVA2023.010, financiado al 80% con fondos FEDER.

P.124: Detección temprana de *Xylella fastidiosa* en cultivos leñosos mediante plataforma de fenotipado hiperespectral

Valle Egea-Cobrero, Rocío Calderón Madrid, José A. Jiménez-Berni, Miguel Román-Écija, Pablo J. Zarco-Tejada, Guillermo León-Ropero, Juan Antonio Navas-Cortés, Blanca B. Landa

Instituto de Agricultura Sostenible, Consejo Superior de Investigaciones Científicas (IAS-CSIC). 14004 Córdoba. España.

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: *Xylella fastidiosa*; detección temprana; aprendizaje automático; imágenes hiperespectrales; fenotipado en plantas leñosas; índices de vegetación

Resumen: La bacteria fitopatógena de cuarentena *Xylella fastidiosa* (*Xf*) causa infecciones asintomáticas o con largos periodos de incubación hasta el desarrollo de síntomas, y con frecuencia inespecíficos, lo que dificulta su diagnóstico mediante inspección visual y puede favorecer su dispersión. Dado que puede afectar a más de 700 plantas huésped, en muchas de las cuales causa enfermedades severas, la detección temprana es esencial para mejorar la vigilancia y el manejo de las enfermedades asociadas a *Xf*. En este sentido, las imágenes hiperespectrales ofrecen una herramienta complementaria a los métodos de diagnóstico basados en análisis moleculares, al permitir detectar alteraciones fisiológicas sutiles inducidas por la infección antes de la aparición de síntomas visibles, y no requerir muestreos destructivos de la planta. Con este objetivo, se ha diseñado y desarrollado una plataforma de fenotipado para monitorizar la respuesta de plantas a la infección por *Xf* en condiciones controladas. La plataforma integra un sistema de escaneo vertical con sensor hiperespectral que cubre la región visible e infrarroja cercana (VNIR, 400–1000 nm). Para validar su utilidad, se adquirieron imágenes hiperespectrales de distintos cultivos y variedades de especies leñosas: olivo, almendro y vid inoculados artificialmente con diferentes cepas de *Xf*. Las plantas se evaluaron en distintos momentos tras la inoculación y la infección se confirmó mediante qPCR. Se optimizó un flujo automatizado de procesamiento que incluyó la calibración *in situ*, suavizado espectral y ensamblado de algoritmos supervisados para la segmentación de imágenes, con precisiones globales superiores al 90%. Además, se aplicó un filtro por mediana para obtener firmas espectrales puras de vegetación y se calcularon 95 índices de vegetación (IVs), que se utilizaron en modelos supervisados de aprendizaje automático para la discriminación entre plantas inoculadas y no inoculadas. Aunque el cultivar fue la principal fuente de variación espectral, se detectaron diferencias espectrales sutiles, pero estadísticamente significativas entre plantas inoculadas y no inoculadas con *Xf*, especialmente en las regiones del azul y borde rojo, incluso antes de la aparición de síntomas visibles. Según la especie utilizada para entrenar y validar los modelos, se seleccionaron entre 12 y 20 IVs, con precisiones de validación superiores al 70%, y de sensibilidad y especificidad superiores a 0,7 y 0,95, respectivamente. Los IVs relacionados con pigmentos, la degradación de clorofila y parámetros estructurales o de estrés (p. ej., VOG2, NPQI, PSRI, NPCI, PRI_CI, CTR1, BGI1, PSSRa y CRI700) fueron los principales indicadores de detección de la infección por *Xf*. La plataforma constituye una herramienta de alto rendimiento para el seguimiento de la respuesta de cultivos leñosos frente a infecciones por *Xf* y puede contribuir a estrategias de detección temprana y selección de resistencia en programas de mejora genética.

Financiado por BeXyl (Grant ID101060593, EU-Horizon Europe), PID2024-161564OB-I00 (AEI, Spain) y PIE202240E067 (CSIC).

P.125: Análisis de la capacidad inductora de necrosis de la proteína P0 de *Pepper vein yellows virus 5* (PeVYV-5)

Miryam Pérez-Cañamás, Irene Romero, Carmen Hernández

Instituto de Biología Molecular y Celular de Plantas (IBMCP), Valencia

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: PeVYV-5; P0; silenciamiento por RNA; necrosis; especies reactivas de oxígeno (ROS); muerte celular programada.

Resumen: Las proteínas P0 codificadas por polerovirus y enamovirus son supresores del silenciamiento por RNA (VSR) que desempeñan un papel relevante en la evasión de las defensas antivirales de la planta. Se ha propuesto que su actividad supresora se basa en la degradación de proteínas ARGONAUTA (AGO) a través de mecanismos relacionados con la autofagia. Además de esta función, se ha descrito que algunas proteínas P0 son capaces de inducir necrosis cuando se expresan de forma aislada en tejidos vegetales. Sin embargo, el significado biológico de esta actividad y su relación con la función supresora del silenciamiento de P0 son todavía poco conocidos. En este trabajo se analizó la capacidad de la proteína P0 de *Pepper vein yellows virus 5* (PeVYV-5) para inducir necrosis en *Nicotiana benthamiana*. Los ensayos de expresión transitoria mostraron que P0 induce una marcada respuesta necrótica dependiente de dosis, acompañada de un incremento en la acumulación de especies reactivas de oxígeno (ROS) y en la expresión de genes relacionados con la generación de ROS y la muerte celular programada. Con el fin de explorar la relación entre esta respuesta y la función supresora del silenciamiento, se analizaron diferentes variantes mutadas de P0 que afectan a distintos motivos de la proteína. Aunque la pérdida de actividad VSR se asoció generalmente con la pérdida de la capacidad de inducir necrosis, una de las variantes carente de actividad VSR mantuvo su capacidad inductora de necrosis. Estos resultados indican que la actividad supresora del silenciamiento no es estrictamente necesaria para la inducción de necrosis y sugieren que ambas funciones de P0 podrían estar, al menos parcialmente, desacopladas. Estos resultados ponen de manifiesto una actividad de la proteína P0 de PeVYV-5 adicional a su función establecida como supresor del silenciamiento por RNA y plantean nuevas cuestiones sobre su posible papel en la interacción virus-planta. Estudios futuros permitirán determinar cómo se regula la capacidad de P0 para inducir necrosis durante el curso de la infección viral y cuál puede ser su relevancia biológica en este contexto.

Financiado por Este trabajo ha estado financiado por la Generalitat Valenciana (Proyecto PROMETEO CIPROM/2022/21) y por el MCIU/AEI/10.13039/501100011033P a través de la ayuda institucional CEX2025-001626-S (Centro de Excelencia Severo Ochoa).

P.126: Evaluación de nuevas posiciones genómicas para la inserción de secuencias heterólogas en un polerovirus

Ana García-Gosp, Miryam Pérez-Cañamás, Carmen Hernández

Instituto de Biología Molecular y Celular de Plantas (IBMCP), Valencia

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: *Pepper vein yellows virus 5* (PeVYV-5); polerovirus; secuencias heterólogas; vectores virales; proteínas reporteras; estabilidad genómica

Resumen: Los polerovirus son patógenos importantes de plantas que causan pérdidas económicas significativas en numerosos cultivos de interés agrícola. Además de su relevancia fitopatológica, la restricción floemática de sus infecciones los convierten en modelos atractivos para el desarrollo vectores basados en este tipo de virus. Sin embargo, la incorporación estable de secuencias heterólogas en sus genomas continúa representando un desafío debido a las restricciones impuestas por el tamaño y organización genómica compactos y la preservación de funciones virales esenciales. En este trabajo se exploraron nuevas posiciones dentro del genoma de un polerovirus, el virus de las venas amarillas del pimiento 5 (*Pepper vein yellows virus 5*, PeVYV-5), un patógeno detectado en España. El objetivo fue identificar regiones capaces de tolerar la inserción de secuencias heterólogas sin comprometer de manera significativa la replicación, la traducción y/o el movimiento viral. Para ello, se diseñaron y generaron diferentes construcciones virales que incorporan secuencias reporteras en posiciones estratégicas. Estas posiciones se seleccionaron a partir del análisis de la organización genómica y de los elementos reguladores implicados en la expresión de proteínas virales. La viabilidad de los recombinantes se evaluó mediante ensayos de infección en plantas hospedadoras, análisis moleculares de acumulación viral y estudios de estabilidad de las inserciones durante la infección. Los resultados permitieron identificar regiones del genoma con distintos grados de tolerancia a la inserción de material genético exógeno, evidenciando diferencias en la estabilidad y expresión de las secuencias heterólogas según la posición seleccionada. Estos hallazgos amplían el conocimiento sobre la plasticidad genómica de los polerovirus y proporcionan información valiosa para el desarrollo futuro de vectores virales destinados a la expresión génica, el silenciamiento de genes y otras aplicaciones biotecnológicas en plantas.

Financiado por Generalitat Valenciana, Proyecto PROMETEO CIPROM/2022/21 (acrónimo RNAbreed) y por el MCIU/AEI/10.13039/501100011033P a través de la ayuda institucional CEX2025-001626-S (Centro de Excelencia Severo Ochoa).

P.127: Identificación de especies de *Diaporthe* en almendros de California: estudio comparativo con *D. amygdali*

Carolina Francia Bentancur[1,2], Maela León[2], Mónica Berbegal[2], Themis J. Michailides[3], Josep Armengol Fortí[2]

[1] *Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria La Estanzuela, Uruguay.*

[2] *Instituto Agroforestal Mediterráneo, Universitat Politècnica de València, Valencia.*

[3] *Department of Plant Pathology, University of California, Davis.*

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: chancros en ramas; decaimiento de brotes; patogenicidad; *Prunus dulcis*; pudrición del fruto.

Resumen: Las especies del género *Diaporthe* son patógenos importantes en el cultivo del almendro. En California, varias especies de *Diaporthe* se han asociado como agentes causales de chancros en ramas y ramillas, y pudrición de frutos. Sin embargo, la especie *D. amygdali* no está presente. Esta situación contrasta con la de los países productores de la Cuenca Mediterránea, donde la especie *D. amygdali* es el principal patógeno asociado a chancros en ramas y decaimiento de brotes, pero nunca ha sido citada como agente causal de pudrición de frutos. En este estudio, 47 aislados de *Diaporthe* obtenidos de campos de almendro localizados en diferentes condados de California y que mostraban diferentes síntomas en frutos, ramas y brotes, fueron identificados mediante el análisis multilocus de secuencias de ADN con cinco loci (*ITS*, *tub2*, *tef-1*, *cal* e *his3*). Se identificaron seis especies de *Diaporthe*: *D. ambigua*, *D. chamaeropis*, *D. eres*, *D. foeniculina*, *D. novem* y *D. rudis*. Posteriormente, se comparó la patogenicidad de estas especies con la de *D. amygdali* en ramillas y frutos, en los cultivares de almendro Monterrey y Nonpareil. Los resultados mostraron que *D. amygdali* causó las lesiones más extensas en las ramillas, mientras que las lesiones causadas por las otras especies inoculadas fueron significativamente más cortas. Por el contrario, *D. amygdali* no causó síntomas de pudrición cuando fue inoculada en frutos, mientras que las otras especies fueron significativamente más agresivas. Esto podría indicar que *D. amygdali* es un patógeno tejido-específico, que causa principalmente chancros en ramillas, mientras que otras especies de *Diaporthe* parecen ser más generalistas, capaces de infectar tanto ramillas como frutos.

Financiado por Agencia Nacional de Investigación e Innovación (ANII), Uruguay, beca POS_EXT_2021_1_172115. Proyecto PID2020-114648RR-C33 (MCIN/AEI).

P.128: ¿Pueden proteger los extractos de ortiga frente a estreses bióticos?

Carlota Cerezo Antón, María Luz Centeno Martín, Asier Largo Gosens

Facultad de Ciencias Biológicas y Ambientales. León

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: agricultura sostenible; *Pseudomonas syringae*; *Urtica dioica*; polifenoles; actividad antioxidante

Resumen: El avance hacia una agricultura sostenible exige la sustitución de los fitosanitarios químicos por alternativas de bajo impacto ambiental. En este contexto, los extractos de ortiga (*Urtica dioica* L.) emergen como candidatos prometedores; dado que han sido tradicionalmente empleados como tratamientos contra plagas de insectos. Sin embargo, no existe mucho conocimiento del efecto del tratamiento con extractos de ortiga en microorganismos fitopatógenos y también se desconoce cuáles son los mecanismos que activan esta protección. Trabajos previos realizados en el laboratorio comprobaron que la suspensión de hojas de ortiga y la infusión obtenida por autoclavado reducían los síntomas causados por la bacteria *Pseudomonas syringae* pv. *phaseolicola* (Pph) en plantas de alubia común (*Phaseolus vulgaris* L.), siendo la protección más efectiva en el caso de la infusión. Dado que la metodología de extracción influye críticamente en el rendimiento y en el perfil de los compuestos bioactivos que puedan ser capaces de proteger las plantas, en este estudio se ha propuesto realizar tres extractos diferentes: una infusión, un extracto metanólico y un extracto por ultrasonidos. Este trabajo plantea dos **objetivos**: i) determinar la capacidad protectora de dichos extractos en *Arabidopsis thaliana* frente a la bacteria *Pseudomonas syringae* pv. *tomato* (DC3000), e ii) caracterizar fitoquímicamente los extractos de ortiga con mayor eficiencia en la protección de las plantas frente a patógenos. El tratamiento con la infusión y el extracto metanólico redujo los síntomas causados por DC3000 en plantas de *A. thaliana*, comparados con el control y el extracto por ultrasonidos. La cantidad de bacteria que había colonizado la planta a 3 horas post-inoculación, fue significativamente menor en las plantas tratadas con la infusión y el extracto metanólico. Sin embargo, 3 días post-infección, únicamente el tratamiento con la infusión era capaz de reducir los niveles de bacteria en la planta, efecto que no se observó con el extracto metanólico, a pesar de que las plantas apenas mostraron síntomas de la enfermedad. La infusión y el extracto metanólico presentaron una cantidad similar de polifenoles, aunque el extracto metanólico presentó mayor cantidad de prolina y ácido ascórbico, lo que explicaría su mayor capacidad antioxidante. Sin embargo, un análisis de compuestos fenólicos por ULPLC-timsTOF identificó 15 compuestos fenólicos presentes en ambos extractos y una mayor concentración de ácido clorogénico, hiperósido y rutina en el extracto metanólico con respecto a la infusión. Estos resultados apuntan a que ambos extractos son capaces de modular las respuestas de defensa de *A. thaliana* frente a DC3000, aunque todavía se debe explorar cuales son los mecanismos moleculares que regulan ambos tratamientos.

Financiado por Ministerio de Ciencia Innovación y Universidades (PID2024-162451OA-100).

P.129: *BcShy1* contribuye a la virulencia de *Botrytis cinerea* mediante la degradación del ácido salicílico

Antonia Donaire Guerra, Gustavo Hoppe, Paulo Canessa, Ariel Hererra

Centro de Biotecnología Vegetal, Santiago, Chile

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: Salicilato hidroxilasa; Ácido salicílico; Catecol; ROS; *Botrytis cinerea*; Virulencia

Resumen: Las hormonas vegetales articulan la respuesta de defensa frente a patógenos. Entre ellas, el ácido salicílico (SA) y el ácido jasmónico (JA) se han asociado principalmente a la defensa frente a patógenos biótrofos y necrótrofos, respectivamente. Sin embargo, el rol del SA durante la interacción con *Botrytis cinerea*, hongo fitopatógeno necrótrofo, continúa siendo controversial, ya que puede antagonizar respuestas mediadas por JA y favorecer la infección, pero también contribuir a la defensa frente a este patógeno. En este contexto, identificamos en el genoma de *B. cinerea* 4 genes candidatos que podrían codificar proteínas del tipo salicilato hidroxilasas (SH), que denominamos *BcShy1*, *BcShy2*, *BcShy3 y BcShy4*. La presencia de estos genes candidatos, sugiere que *B. cinerea* podría metabolizar SA durante la infección, representando una posible vía de modulación de la defensa vegetal. Esta actividad podría disminuir la disponibilidad de SA y generar catecol, un compuesto redox-activo con potencial capacidad de alterar el estado oxidativo del tejido vegetal. *BcShy1* posee la mayor identidad con NahG de *Pseudomonas putida*, una SH bacteriana utilizada como referencia funcional para la degradación de SA. Por ello, se estudió la contribución de este gen en la virulencia del hongo durante la infección de *Arabidopsis thaliana*. Nuestros datos indican que *BcShy1* presenta actividad SH, catalizando la conversión de SA a catecol. Para analizar su contribución en la virulencia, se comparó una cepa silvestre de *B. cinerea* con una cepa sobreexpresora de *BcShy1*. Además, se incluyó una cepa sobreexpresora de *NahG*, como control funcional positivo asociado a la catabolización de SA. Los resultados preliminares muestran que la sobreexpresión de *BcShy1* aumenta significativamente la severidad de la infección en hojas de *A. thaliana* en comparación con la cepa silvestre, indicando que *BcShy1* contribuye a la virulencia de *B. cinerea* bajo las condiciones evaluadas. A partir de este fenotipo, proponemos que una mayor actividad SH podría alterar el balance SA/catecol durante la infección, favoreciendo un ambiente oxidativo que propicie la expansión de la lesión. Los resultados de este trabajo proporcionan una base para comprender cómo la degradación fúngica de SA podría contribuir al establecimiento de la infección, abriendo nuevas perspectivas para el estudio de mecanismos de virulencia asociados al metabolismo hormonal en hongos fitopatógenos necrótrofos.

Financiado por Agencia Nacional de Investigación y Desarrollo (ANID)–Fondecyt grant 1240785, 1240742, e Instituto Milenio de Biología Integrativa.

P.130: Efecto del estado fenológico sobre la severidad de pudriciones de fruto causadas por especies de *Phytophthora* en manzano 'Rosy Glow' bajo condiciones controladas

Rosario Domínguez-Larrinaga, Esteban Osores, Cristian Muñoz, Mauricio A. Lolas

Universidad de Talca, Facultad de Ciencias Agrarias, Laboratorio de Patología Frutal. Talca, Chile

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: epidemiología vegetal; maduración del fruto; interacción hospedero-patógeno; susceptibilidad; desarrollo de la enfermedad; AUDPC; postcosecha

Resumen: Las pudriciones de fruto causadas por especies de *Phytophthora* constituyen una amenaza para la producción y la conservación postcosecha de manzanas. Si bien estas enfermedades han sido ampliamente estudiadas en raíces, cuello y corona, existe escasa información sobre la influencia del estado fenológico del fruto en el desarrollo de las infecciones y en la progresión de la enfermedad. Comprender cómo la maduración del fruto afecta la interacción hospedero-patógeno puede contribuir a explicar diferencias en susceptibilidad observadas durante la temporada y en postcosecha. El objetivo del estudio fue evaluar el efecto del estado fenológico de frutos de manzano 'Rosy Glow' sobre la severidad de la pudrición causada por dos aislados de *Phytophthora* en condiciones controladas. Se colectaron frutos a 30, 15 y 7 días antes de cosecha (DAC) y se inocularon mediante herida colocando un disco de micelio de los aislados FR2 (*Phytophthora cactorum*) y Ps04 (*Phytophthora syringae*). Para cada combinación de estado fenológico y de aislado se utilizaron nueve frutos. Las evaluaciones se realizaron a los 5, 7 y 10 días después de la inoculación, registrándose el largo y ancho de las lesiones. A partir de estas mediciones, se calcularon el área de la lesión y el área bajo la curva de progreso de la enfermedad (AUDPC). Los datos se analizaron mediante un modelo lineal mixto para medidas repetidas y un ANOVA factorial de dos vías para AUDPC. El desarrollo de la enfermedad estuvo significativamente influenciado por el aislado evaluado y por la interacción entre el estado fenológico y el aislado. El aislado FR2 presentó los mayores valores de AUDPC en frutos inoculados a 30 DAC, disminuyendo progresivamente hacia los 7 DAC. Por el contrario, Ps04 mostró su mayor AUDPC en frutos inoculados a 7 DAC, mientras que los valores observados a 15 y 30 DAC fueron menores. Los resultados evidencian que la respuesta a la infección depende tanto del estado fenológico del fruto y como del aislado evaluado. Mientras FR2 mostró una mayor capacidad de colonización en frutos menos maduros, Ps04 presentó un mayor desarrollo en frutos cercanos a cosecha. Estos antecedentes aportan nueva información sobre la interacción entre especies de *Phytophthora* y frutos de manzano 'Rosy Glow' durante la etapa de maduración, evidenciando respuestas diferenciales de los aislados en función del estado fenológico del fruto.

Financiado por la Agencia Nacional de Investigación y Desarrollo (ANID) mediante la Beca de Doctorado Nacional, Folio 21252122, y por la Facultad de Ciencias Agrarias de la Universidad de Talca.

P.131: Tolerancia diferencial a salinidad y temperatura en aislados fúngicos con potencial biotecnológico

Milagrosa Santos[1], Victoria María Huertas Navarro[1], Fernando Diánez Martínez[1], Carmen Palazón Alba[2], Melanie D. Gómez-Herrera[3]

[1] Departamento de Agronomía, Escuela Superior de Ingeniería, Universidad de Almería, 04120 Almería, Spain

[2] Departamento de Tecnología del Medio Ambiente. Instituto Universitario de Investigación Marina (INMAR). 11510 Puerto Real (Cádiz), Spain

[3] Laboratorio de Fitopatología, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional del Nordeste, 11 Argentina. Sargento J.B. Cabral 2131, Corrientes, Argentina

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: estrés abiótico; halotolerancia; microbiota fúngica del suelo; termotolerancia

Resumen: La salinidad y las fluctuaciones térmicas son factores abióticos clave que condicionan la persistencia y funcionalidad de las comunidades fúngicas del suelo. Este trabajo tuvo como objetivo evaluar la capacidad de crecimiento de 28 aislados fúngicos bajo gradientes combinados de estrés salino y temperatura, con el fin de identificar genotipos con mayor plasticidad fisiológica frente a condiciones abióticas adversas. Los aislados se cultivaron en medio PDA suplementado con NaCl (0, 2, 5, 10, 15 y 20 $g{\cdot}L^{-1}$) e incubaron en oscuridad a 15, 25 y 35 °C, registrando diariamente el radio de la colonia (5 réplicas por tratamiento) para calcular la tasa de crecimiento radial (GR). Los datos se analizaron mediante ANOVA de dos vías, y se complementaron con un análisis de conglomerados jerárquico (HCA, ClustVis, datos normalizados por Z-score, distancia euclidiana, UPGMA) y un análisis de componentes principales (PCA). Los resultados mostraron que el tipo de aislado, la temperatura y la salinidad influyen de manera muy significativa sobre el crecimiento, y que estos factores interactúan entre sí: la tolerancia a la salinidad no es un rasgo fijo, sino que depende de la temperatura, y esa relación varía según el genotipo.Según su respuesta, los aislados se agruparon en dos grandes grupos funcionales. El primero agrupó a los aislados con mayor plasticidad fisiológica, capaces de crecer activamente incluso a 35 °C independientemente del nivel de sal mostrando un comportamiento muy estable entre 15 y 25 °C. El segundo grupo reunió a los aislados mesófilos más sensibles, cuyo crecimiento se inhibió casi por completo a 35 °C sin importar la salinidad, e incluyó un subconjunto del género *Trichoderma*. Además, un aislado particular se comportó como "especialista halotolerante", con el mayor crecimiento relativo bajo la combinación de baja temperatura y alta salinidad, lo que sugiere una adaptación específica a ambientes fríos y salinos. Un análisis complementario confirmó esta separación, explicando más del 90% de la variabilidad observada: un componente diferenció a los aislados según su vigor de crecimiento en condiciones moderadas, mientras que otro aisló específicamente al grupo resistente al calor extremo, coincidiendo con el grupo de alta plasticidad mencionado. Los hallazgos revelan una amplia diversidad fenotípica entre los aislados, con la temperatura como factor selectivo dominante y una tolerancia salina genotipo-específica. Se identificaron un subconjunto de aislados con una adaptación particular al estrés combinado de sal y temperatura, con potencial para estudios funcionales posteriores.

Financiado por proyecto TRFE-I-2023/013 y contó con el apoyo de la Universidad de Almería-ENTONOVA, S.L. Este estudio forma parte de la ayuda DIN2021-012298, financiada por el MCIN/AEI / 10.13039/501100011033.

P.132: Inoculación fúngica como estrategia de mitigación del estrés salino en plántulas de tomate (*Solanum lycopersicum* L.)

Fernando Diánez Martínez[1,2], Victoria María Huertas Navarro[2], Melanie D. Gómez-Herrera[3], Carmen Palazón Alba[4], Milagrosa Santos[2]

[1] *Universidad de Almería*

[2] *Departamento de Agronomía, Escuela Superior de Ingeniería, Universidad de Almería, 04120 Almería, Spain*

[3] *Laboratorio de Fitopatología, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional del Nordeste, 11 Argentina. Sargento J.B. Cabral 2131, Corrientes, Argentina.*

[4] *Departamento de Tecnología del Medio Ambiente. Instituto Universitario de Investigación Marina (INMAR). 11510 Puerto Real (Cádiz)*

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: estrés salino; bioestimulación; Índice de Calidad de Dickson; *Solanum lycopersicum*.

Resumen: La salinidad es uno de los principales factores abióticos que limitan la productividad de cultivos hortícolas como el tomate (*Solanum lycopersicum* L.). Los hongos con capacidad bioestimulante representan una estrategia prometedora frente a este problema. Este trabajo evaluó el efecto de la inoculación con distintos aislados fúngicos sobre el crecimiento y la calidad de plántulas de tomate en condiciones salinas y no salinas. Plántulas de tomate se cultivaron en macetas con sustrato comercial de turba, previamente inoculado con discos de micelio del aislado correspondiente. Tras el establecimiento fúngico, se sembraron semillas pregerminadas y, a los 15 días, se inició el estrés salino mediante riego con NaCl 100 mM durante 42 días. Se evaluaron el área foliar, el peso seco de raíz y el Índice de Calidad de Dickson (DQI), que integra la biomasa total y la relación alométrica raíz-parte aérea. La interacción, aislado × salinidad resultó altamente significativa para el área foliar y el peso seco de raíz, indicando que la respuesta a la inoculación depende fuertemente del nivel de salinidad. En condiciones no salinas, la mayoría de los aislados no modificó significativamente el área foliar, e incluso algunos la redujeron, sugiriendo un coste metabólico de la simbiosis sin estrés. Bajo estrés salino, en cambio, numerosos aislados superaron significativamente al control, con incrementos de entre un 21% y un 60%; en varios casos no hubo diferencias entre condiciones salinas y no salinas, lo que sugiere un efecto amortiguador frente a la sal.A nivel radicular, un subconjunto de aislados incrementó notablemente la biomasa de raíz en condiciones no salinas (en algunos casos más del 100% respecto al control), mientras que bajo estrés salino varios aislados mantuvieron una biomasa radicular significativamente superior a la del control, mitigando la inhibición causada por la sal. El Índice de Calidad de Dickson, que combina ambos parámetros, permitió distinguir tres perfiles funcionales: aislados que maximizan la calidad en condiciones óptimas, aislados cuyo efecto protector se activa específicamente bajo estrés salino, y aislados que confieren una mejora estable independientemente de la condición osmótica. Estos resultados evidencian una notable diversidad funcional en la colección fúngica evaluada, con aislados capaces de actuar como bioestimulantes en condiciones óptimas, como bioprotectores frente a la salinidad, o con efectos beneficiosos estables en ambos escenarios, constituyendo un recurso valioso para el desarrollo de bioinoculantes en sistemas afectados por salinidad.

Financiado por proyecto TRFE-I-2023/013 y contó con el apoyo de la Universidad de Almería-ENTONOVA, S.L. Este estudio forma parte de la ayuda DIN2021-012298, financiada por el MCIN/AEI / 10.13039/501100011033.

P.134: Influencia de la variedad en la detección de virus de vid

Carlos-Ventura Padilla Martínez, Marta Rabadán Mínguez, Eliseo Salmerón Gómez, Montserrat Moreno Verdú, Antonio Franco Otalora, Noelia Vallejos Serrano

Murcia La Alberca

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: virus; vid; variedad; diagnóstico; detección; síntomas.

Resumen: La detección de virus en vid está influenciada por distintos factores, ya que la carga viral en la planta varía según la estación del año, zona de la planta y la propia variedad. Hay variedades más sensibles a ciertas virosis que manifiestan fácilmente síntomas visuales característicos y otras que teniendo las mismas virosis no muestran síntomas visuales. Este trabajo nos acerca al hecho real de lo que sucede en campo, a la hora de realizar un muestreo eficiente con el objetivo de detectar virus en laboratorio y obtener su diagnóstico. Para ello, inoculamos mediante injerto, virosis en dos variedades de vid sensibles (Cabernet Sauvignon y Rupestris de Lot), una vez comprobada la eficiencia del injerto y consecuentemente la transmisión del virus, analizamos con 4 técnicas distintas para comprobar las diferencias de resultados en las dos variedades: (inmunocaptura con membranas, ELISA, RT-PCR, secuenciación HTS). El objetivo es evaluar diferentes técnicas de diagnóstico y análisis, desde las más sencillas y robustas hasta las más sensibles. Todas ellas comparadas con los síntomas visuales detectados con el indexage biológico (injerto sobre planta sensible) que nos ofrecen síntomas visuales inconfundibles característicos de cada virosis. En el caso de certificar material inicial, el cual es el origen del resto de categorías (base, certificado, estándar…), es arriesgado basarse solo en una técnica de diagnóstico. Por tanto es necesario complementar el resultado con otra técnica que garantice el resultado. Un ejemplo con un 100% de garantía: indexage biológico ofrece síntomas visuales sólidos e indiscutibles del virus, sumado a otra técnica de diagnóstico que confirme la presencia del virus visible. En el caso de otras categorías de material de vid, sobre todo para base y certificado, es recomendable comparar entre dos técnicas de diagnóstico para obtener un resultado más fiable. Hemos comprobado que según la variedad de vid analizada existen discrepancias de resultados entre técnicas, por tanto, probablemente existe el factor variedad. Habría que tenerlo en cuenta a la hora de elegir el método de diagnóstico y para hacer muestreos, estos deberían ser dirigidos, seleccionando hojas o partes de la planta con síntomas diferentes o anormales. Hay variedades que se injertan y contienen el virus, pero no lo exteriorizan como por ejemplo el enrollado en rupestris. Consecuentemente sería interesante hacer un estudio con variedades de interés, injertadas con las virosis más graves y evaluar las diferencias de sensibilidad o incluso si pueden enmascarar o dificultar el diagnóstico del virus

Financiado por FEDER-IMIDA: Control sanitario de virus vegetales y M.A.P.A-Oficina Española de Variedades Vegetales (OEVV)-IMIDA.

P.135: Resistencia varietal frente a la fusariosis vascular de la lechuga en condiciones comerciales

Moisés de León Ramos, Daniel Palmero, Laura Gálvez Patón

Escuela Técnica Superior de Ingeniería Agronómica, Alimentaria y de Biosistemas, Universidad Politécnica de Madrid. Madrid.

Tipo Comunicación: PÓSTER

Palabras Clave: *Lactuca sativa*; *Fusarium oxysporum* f. sp. *lactucae*; FOLac; raza 1; severidad.

Resumen: La fusariosis vascular de la lechuga, causada por *Fusarium oxysporum* f. sp. *lactucae* (FOLac), constituye una de las enfermedades más limitantes para este cultivo debido a las importantes pérdidas de producción que ocasiona y a la elevada persistencia del patógeno en el suelo. La existencia de distintas razas fisiológicas y la limitada disponibilidad de herramientas de control hacen que el empleo de cultivares resistentes sea una de las principales estrategias para su manejo. En este contexto, el objetivo de este trabajo fue evaluar la respuesta de cultivares comerciales de lechuga con diferente nivel de resistencia frente a FOLac bajo condiciones comerciales de cultivo. Durante el ciclo otoño-invierno de 2025, en una parcela comercial situada en Lorca (Región de Murcia) e infestada naturalmente con FOLac raza 1, se evaluaron los cultivares 'Kravitz' y 'Laurinas', catalogados como susceptible y resistente, respectivamente. El ensayo se estableció mediante un diseño de bloques completos al azar con tres repeticiones. La enfermedad se evaluó mediante una escala visual que integró la valoración de síntomas externos y la colonización vascular, registrándose además el peso fresco de las plantas en el momento de la cosecha. El cultivar susceptible presentó una incidencia del 100 % y todas las plantas alcanzaron la máxima severidad vascular. Por el contrario, el cultivar resistente redujo significativamente la incidencia de la enfermedad hasta el 73,3 % y ninguna planta alcanzó la máxima categoría de severidad. Estas diferencias se tradujeron en un incremento significativo del peso fresco, alcanzando valores medios de 560 g por planta en el cultivar resistente frente a 50 g en el susceptible. No obstante, la presencia de necrosis vasculares en parte de las plantas resistentes indicó que el patógeno fue capaz de colonizar parcialmente los tejidos vasculares sin comprometer significativamente su desarrollo. Los resultados evidencian que la resistencia varietal constituye una herramienta fundamental para el manejo de la fusariosis vascular de la lechuga, al reducir significativamente la incidencia y severidad de la enfermedad y minimizar las pérdidas de rendimiento. No obstante, su utilización debe complementarse con estrategias dirigidas a reducir la densidad de inóculo presente en el suelo y limitar la dispersión del patógeno. Asimismo, resulta necesario mantener programas de vigilancia y caracterización de las poblaciones de FOLac para detectar posibles cambios en la virulencia o la aparición de variantes capaces de comprometer la eficacia de los cultivares resistentes.

Financiado por Plan Estatal de Investigación Científica, Técnica y de Innovación 2021–2023, a través de la convocatoria Proyectos de Generación de Conocimiento 2021, proyecto PID2021-125545OR-C22.

Índice de autores

776 autores - Orden alfabético por apellidos - Los números remiten a los folios de este libro

A

Abelleira Argibay, Adela - 180, 182
Adamou, Efterpi - 185
Adamson, Ahmed - 239
Adeyiga, Genevieve Kuyanyim - 224
Adrover, Francesc - 192
Aguado Puig, Ana - 63, 129
Aguilar-Diaz, Alejandro - 105
Agustí-Brisach, Carlos - 93, 101, 244, 246
Ahrazem, Oussama - 144
Ahumada, Luciano - 139
Alaniz-Ferro, Sandra - 131
Alcalá Castellblanque, Cesca - 68
Alcalá Rey, Marta - 127
Alcázar, Purificación - 245
Alcázar Carrasco, Sandra - 156, 201
Aldea, Jorge - 82
Alemany, Malena - 200
Aleu Casatejada, Josefina - 254
Alfaro Fernández, Ana - 112, 175, 196, 239, 270
Ali, Adnan - 172
Alía, Ricardo - 152
Almasi, Reza - 229
Alonso-Ayuso, María - 58
Alonso-Prados, José Luis - 155
Alonso-Villar, Lucía - 57
Alvarado Llerena, Javier - 230
Alvarez, José Miguel - 139
Álvarez Ortega, María Belén - 216, 218
Alves, Arthur - 74
Ambrós, Silvia - 259
Amenta, Margherita - 84
Amín, Huma - 147
Amorico, Gianmarco - 198
Andreu, Ignasi - 125
Androver, Francesc - 120
Anegón Esteban, Cruz - 152
Anika, Zannatul - 100
Antón Domínguez, Begoña Isabel - 93
Antón-Domínguez, Begoña I. - 246
Aparicio-Duran, Lidia - 81
Apolo-Apolo, Orly Enrique - 177
Aramburu, Borja - 220
Aranda, Miguel A. - 115, 249

Aranda-Porras, Carlos - 145, 151
Archidona-Yuste, Antonio - 61, 145, 151, 257, 263
Arias Colmenares, Lady Diana - 183
Arias Giraldo, Luis Felipe - 46, 62, 86, 102, 178, 192, 194
Arlotta, Carmen - 84
Armengol Fortí, Josep - 47, 80, 131, 156, 171, 172, 230, 232, 276
Arques Verdú, Genoveva - 206
Arrescurrenaga, David - 202, 203, 207, 208
Ashley, Katherine - 133
Avilés Guerrero, Manuel - 159, 161, 165
Ayllón Talavera, María Angeles - 43, 136
Aymamí, Anna - 171

B

Badosa, Esther - 141
Bai, Yuling - 111
Barandalla Urtiaga, Leire - 242
Baranwal, Jaya - 181
Barbé Martínez, Silvia - 62, 102, 117, 192, 194
Barbero-López, Aitor - 222
Baró Sabé, Aina - 220, 231
Baroncelli, Riccardo - 78
Barone, Marta Maria - 270
Bellés, José María - 248
Benhalima, Fatima Zohra - 119, 195
Berbegal, Mónica - 80, 131, 156, 172, 230, 232, 276
Bermudo Trujillo, Andrés - 187
Bernárdez Villegas, Gaspar - 180
Bertí-Martínez, Raquel - 121
Bin Sajid, Hamza - 80
Birlanga Navarro, Elena - 126
Blasco-García, Josep - 130
Bolinches, José Vicente - 85
Bonaterra, Anna - 140, 141, 142, 199, 210, 215
Bordes, Xavier - 211
Borràs-Bisa, Júlia - 96
Borrero Vega, Celia - 159, 161, 165
Botella Guillén, Moisés - 186, 187
Boughalleb-M'Hamdi, Naima - 130
Bueno Gómez, José Carlos - 224
Buisac Vila, Aniol - 54, 142
Bujanda, Rebeca - 133, 265

C

Caballero, María José - 143
Caballol, Maria - 82
Cabello, Diego - 189
Cabrefiga Olamendi, Jordi - 55, 220, 228, 231
Cacarín Piñán, Marco Vinicio - 107
Cacciola, Santa Olga - 131

Cal y Cortina, Antonieta de - 53, 108, 132, 155, 214, 241
Calcis-Marzán, María Victoria - 146
Calderón, Jessica Paola - 270
Calderón Madrid, Rocío - 67, 116, 195, 273
Calleja Cabrera, Julián - 206, 209
Camacho, María - 272
Campillo Lizán, Marta - 193, 264
Campillo Pastor, Angel - 156, 201
Campo Calvo, Raquel Del - 224
Campos-Figueras, Rafael - 245
Candresse, Thierry - 185
Canessa, Paulo - 149, 278
Cantalapiedra Navarrete, Carolina - 61, 151, 257
Canto, Tomás - 110, 113
Cañasvera, María José - 103
Cañaveras Gómez, Miguel Ángel - 85, 86, 87
Capote Maínez, Nieves - 63, 93, 129
Cara García, Miguel de - 202, 203, 207, 208
Cardillo Amo, Enrique - 91, 184
Carrasco, Jaime - 222
Carreira de la Fuente, José Antonio - 257
Caruso, Marco - 84
Caruso, Paola - 84
Casadó, Verònica - 171
Casado del Castillo, Virginia - 78, 149, 237, 266, 268
Casals, Carla - 81, 96, 99, 177, 236, 267
Casanova-Muñoz, Carlos - 60, 109, 151, 260, 261
Casanovas, M. Ángeles - 215
Casanovas, Simón - 215
Casas, Edurne - 248
Casas, Giuseppina Las - 84
Casas Tintó, Sergio - 144
Castellani, Lucas G. - 135
Castellanos, Yesfrin - 100
Castillo, Araceli G. - 127
Castillo, Purificación - 166
Castillo Castillo, Pablo - 61, 109, 145, 151, 257, 263
Castillo Mateo, Paloma - 46
Català-Senent, José F. - 218
Cebadero, Mikel - 222, 223
Cebrián, Gustavo - 212
Cendoya, Martina - 130, 190
Centeno Martín, María Luz - 243, 277
Cerezo Antón, Carlota - 243, 277
Cerna-Vargas, Jean-Paul - 253
Chacón Navarrete, Helena - 103, 256
Cháfer Nácher, María Teresa - 198
Chavez, Angel - 72
Chiba, Sotaro - 136
Chiguano-Tapia, Bryan - 222

Chiralt, Amparo - 198
Clavijo, Daniel Andrés - 239
Cofrade Mora, Álvaro - 83
Coll Rigo, Gaspar - 170
Conde Rodríguez, Daniel - 77
Conesa Armero, David - 85, 87
Conti Taguali, Sebastiano - 131
Contreras Lucas, Lorenzo - 124
Cordero Fuentes, Raúl Andrés - 238
Córdoba Sánchez, María - 109, 244
Cortese, Martina - 84
Costa, Marileide - 45
Coste, Olivier - 146, 169
Coutte, François - 55
Crandall, Sharifa G. - 67
Crespo, Óscar - 228, 269
Criado-Navarro, Inmaculada - 61, 263
Crotta, Matteo - 190
Crous, Pedro - 45
Cubero, Jaime - 137, 214
Cubillo, David - 121
Cuchí-Oterino, José Antonio - 261
Cuenca, Guillem - 236
Cuenca-Valera, Beatriz - 224
Cuesta Casas, Antonio - 144
Cuiñas Díaz, Mary Selva - 102
Czwienczek, Ewelina - 190

D

Dalmau, Vicente - 85, 121
Dalmau Sorlí, Vicente - 46, 89, 167
Damme, Mireille van - 111
Daranas, Núria - 142
Daròs Arnau, José-Antonio - 255
Dávila, Elena - 157
Davino, Salvatore - 270
De Francesco, Agustina - 137
Declerck, Stephan - 108
Delgado Martín, Josemaría - 229
Delgado Ruiz, María Montserrat - 46
Desbiez, Cécile - 65
Di Silvestro, Silvia - 84
Diánez Martínez, Fernando - 162, 163, 258, 280, 281
Díaz, Elena - 222
Diaz Losada, Emilia - 265
Díaz Mínguez, José María - 78, 149, 237, 266, 268
Díaz Pérez, Paola - 186
Díaz-González, Sandra - 148
Díaz-Rodríguez, Patricia - 101
Didier, Valérie - 133

Die, José V - 92
Diez Casero, Julio Javier - 74, 147, 224
Díez-Antolínez, Rebeca - 58
Diez-Galán, Alba - 224
Diez-Navajas, Ana M. - 105
Díez-Pascual, Sergio - 216
Diogo, Eugénio - 131
Domingo-Calap, Pilar - 98
Domínguez-Larrinaga, Rosario - 279
Donaire Guerra, Antonia - 278
Dorpel, Matias Van den - 200
DuPont, Sara Tianna - 231
Duvillet, Mélanie - 133

E

Egea-Cobrero, Valle - 273
El Hamzaoui, Hakima - 166
El Khattabi, Zohra - 188
Elena, Santiago F - 259
Elvira González, Laura - 70
Encalada Bustamente, David - 69
Escobar-Niño, Almudena - 97, 146, 169
Espino de Paz, Ana Isabel - 186, 187
Esteras, Cristina - 204, 248
Esteso Couque, Julio - 239
Esteve, Joan - 211
Estévez, José Manuel - 175
Estudillo Cazorla, Cristina - 92, 245

F

Fariña-Flores, David - 250
Feixas, Ferran - 140
Feliu, Lidia - 140, 141, 210
Fereres, Alberto - 73, 191
Ferle, Maja - 130
Fernández, Asier - 58
Fernández Martínez, Luis - 237
Fernández Mohedano, Ángel - 222
Fernández-Acero, Francisco Javier - 97, 146, 169
Fernández-Avilés, María - 110
Fernández-Ortuño, Dolores - 56, 213, 247
Ferreira, Letícia Maria - 206
Ferrer, Amparo - 121
Ferriol Safont, Inmaculada - 193, 217, 264
Ferrol, Nuria - 145
Fiallo-Olivé, Elvira - 76, 185
Flor, Francisco - 219
Flórez-Sarasa, Igor - 267
Flors, Víctor - 148
Font, Teresa - 269

Font San Ambrosio, María Isabel - 112, 175, 196, 239, 270
Francés, Jesús - 215
Francia Bentancur, Carolina - 131, 276
Franco Otalora, Antonio - 282
Frommer, Wolf B. - 72

G

G. Biosca, Elena - 218
Gabrielli García, Alessandro - 149, 266, 268
Galimany, Gemma - 80
Galipienso Torregrosa, Luis - 229
Gallego Villanueva, Julia - 169
Gálvez Patón, Laura - 94, 174, 234, 283
Garau Taberner, M. Carme - 173
García, Carmen - 160, 212
García, Daniel - 211
García, Íker - 177
García, Matías - 82
García, Yesli E. - 205
García Fernández, José María - 149, 237, 266
García Martínez, Joaquín C. - 144
García Ordóñez, Lucía - 77, 126
García Pérez, Arcadio - 255
García Simarro, María Paz - 144
García-Chavez, Lauren - 147
García-González, Patricia - 58
García-Gosp, Ana - 275
García-López, María Teresa - 66, 189
García-Muñoz, David - 135
García-Sogo, Begoña - 255
García-Velázquez, Ana - 61, 145, 151, 263
Garita Cambronero, Jerson Martín - 58
Gascón, Beatriz - 142, 210, 211
Gené, Jordi - 177
Gil-Díaz, Mar - 216
Giralt, Núria - 141
Gold, Kaitlin M. - 67
Gómez, Gustavo - 252
Gómez, Pedro - 212
Gómez Gómez, María Lourdes - 144
Gómez López, Pedro - 193, 217, 264
Gómez-Almirón, Zahira - 91, 184
Gómez-Aparicio, Lorena - 82
Gómez-Herrera, Melanie D. - 162, 163, 258, 262, 280, 281
Gómez-Lama Cabanás, Carmen - 60, 260, 261
Gómez-Mora, José Antonio - 226, 227, 272
Gómez-Vilchez, Lucía - 148
Gonzales Almario, Adriana - 183
González, Ariadna - 243
González, Celia - 113

González, Jessica - 216
González del Rio, Candela - 204
González Sepúlveda, Paulina Lorena - 238
González-Llorens, Berta - 267
González-Sanz, Carlos - 148
Gordon, Ana - 66, 189
Gost, Pere A. - 120
Gramaje Pérez, David - 133, 265
Grech, Carmen - 248
Gregorio, Eduard - 177
Gresia, Eldina - 239
Grobler, Christiaan - 128
Groenewald, Johannes - 45
Guerra Fernández de Velasco, Laura - 53, 107, 132, 241
Guerrero Díaz, Maria del Mar - 156, 201
Guerrero-Cózar, Israel - 160, 212
Guerrero-Páez, Francisco Abel - 66, 245
Guijarro Díaz-Otero, Belén - 53, 97, 108, 132, 155, 201, 214, 241
Guillén-Martínez, J. Daniel - 115, 249
Gutiérrez, Isabel - 157
Gutiérrez Erizo, Álvaro - 196
Guzmán Benito, Irene - 70

H

Haapala, Antii - 222
Heer, Katrin - 74
Hegyi, Adam - 146
Heinlein, Manfred - 70
Heredia, Hector G. - 176, 179
Hererra, Ariel - 278
Hernández, Carmen - 274, 275
Hernández, Martín - 239
Hernández, Mónica - 105
Hernández Escribano, Laura - 82, 152, 250
Hernández Hernández, David - 128, 233
Hernández Marín, Aminta - 64
Hernández-Montes, Esther - 234
Hernández-Torrico, Raúl - 255
Herránz, Iván - 234
Herranz, Maria - 102
Herranz, Yolanda - 201
Herrera-Vásquez, Ariel - 139, 164
Herrero Sierra, Nieves - 152
Hidalgo-Sanz, Raquel - 219
Höfte, Monica - 55
Holton, Nicholas - 127
Hoppe, Gustavo - 278
Hou, Weina - 114
Huertas Navarro, Victoria María - 162, 163, 258, 262, 280, 281
Hurtado Ruiz, Mónica A. - 193

Hurtado-Ruiz, Mónica - 217

I

Igual, José Mariano - 147
Ipiens Jiménez, Guillermo - 271
Iribar Zubiaur, Carmen - 242
Iriondo Ocampo, Paula - 149, 266, 268
Izquierdo Bueno-Reina, Inmaculada - 205

J

Jaén-Sanjur, José N. - 76
Jahrmann, Torben - 199
Janfi, Zakaria - 66, 189
Janssen, Dirk - 160, 212
Jaume Sureda, Jaime - 170
Jiménez Ruiz, Jaime - 73, 191
Jiménez Sánchez, Alejandro - 247
Jiménez-Berni, José A. - 273
Jiménez-Castro, Lucía - 56
Juan, Andreu - 118, 120
Juárez Gómez, Miguel - 193, 217

K

Kan, Jan van - 149
Karanasios, Evangelos - 155
Kirrout, Ismail - 75
Kogovšek, Polona - 130
Krell, Tino - 253

L

Lacasa Martínez, Carmen María - 156, 201
Lamata, Jordi - 210
Landa, Blanca B. - 57, 116, 118, 119, 178, 195, 235, 273
Larena Nistal, María Inmaculada - 53, 97, 107, 108, 155, 169, 197, 201, 214
Largo Gosens, Asier - 243, 277
Lasheras, Rafael Tomas - 219
Lázaro Hervás, Elena - 130, 143
Leal, Catarina - 133
Lechuga Ordóñez, Víctor - 61, 257
Ledesma-Escobar, Carlos Augusto - 263
Leite Carvalho, Fabricio Eulalio - 183
Leiva-Brondo, Miguel - 204
Lenitz Etxaburu, Ibai - 206
León, Maela - 80, 131, 156, 171, 172, 276
León Guerra, Leandro de - 168, 186, 225
León Ramos, Moisés de - 94, 174, 234, 283
León-Ropero, Guillermo - 57, 116, 119, 195, 263, 273
Lerma, María Luisa - 166
Leyva-Pérez, María de la O - 242

Liébanas Torres, Gracia - 257
Lima de Souza, Ricardo - 100
Linares Calderón, Juan Carlos - 257
Llanet Ferrer, Sergi - 140, 210
Llave, César - 70
Llorca, Aina - 171
Llorente, Isidre - 90, 188
Lobo, M. Carmen - 216
Lolas, Mauricio A. - 279
Lolas Caneo, Mauricio Alberto - 238
López, Carmen - 214
López, Miriam - 240
López, Óscar - 265
López, Patricia - 161
López del Rincón, Carmelo - 204, 248, 255, 271
López Doncel, Luis Miguel - 92
López García, Rosa - 83, 95
López Laguna, Alba - 56, 213
López Sánchez-Ortiz, Anselmo - 251
López-Alejandre, Verónica - 43
López-García, Álvaro - 145
López-Juncay, Miluska - 73
López-Moral, Ana - 101
López-Moya Gómez, Juan José - 65, 125
López-Solanilla, Emilia - 135, 253
López-Torrejón, Gema - 135, 253
Loureiro Rodríguez, Maria Dolores - 265
Lozano Alfonso, Irene - 102
Lucena León, Carlos - 103, 138
Lull Bueno, Teresa - 209
Lupo, Valèrian - 108
Luque, Jordi - 55, 220
Luque Cruz, Carmen - 93, 244

M

Magaña Guzmán, Antonio Jesús - 118, 120
Mahowald, Natalie M. - 67
Makki, Mongia - 110
Makopa, Tawanda P. - 105
Makowski, David - 143, 190
Mancebo, Paloma - 270
Mancho, Carolina - 216
Mannai, Sabrine - 130
Máñez Castelló, Irene - 112, 175
Marco-Noales, Ester - 62, 64, 98, 102, 117, 121, 192, 194
Marín Sillué, Sonia - 88
Marín-Guirao, José Ignacio - 202, 203, 207, 208
Márquez-Pérez, María Isabel - 71, 245
Martín Parera, Cecilia - 136
Martín Rivilla, Helena - 77

Martín Vizcaino, Silvia - 239
Martín-Barbarroja, Jorge - 109, 263
Martín-García, Jorge - 74
Martín-Gil, Jesús - 60, 260, 261
Martín-Hernández, Ana Montserrat - 114
Martín-Ramos, Pablo - 60, 260, 261
Martínez Bernal, Violeta - 196, 239
Martínez Izquierdo, Ana Veronica - 156, 201
Martínez López, Juan Antonio - 153, 154
Martínez Olmedo, José - 240
Martinez Saez, Juan - 72
Martínez Solsona, María - 46, 89, 167
Martínez-Abaigar, Javier - 219
Martínez-Ávila, José Carlos - 234
Martínez-Zubiaur, Yamila - 104, 157, 158
Martos, Soledad - 55
Martos García, Inmaculada - 83, 95
Maruthi, M. N. - 111
Masmiquel, Joan - 171
Mateo, José Juan - 232
Mateu Pozuelo, Jordi - 68
Matías, Miguel - 158
Matic, Slavica - 270
Matzen, Niels - 155
Meabe, Agate - 58
Meca, Esteban - 245
Medina, Juan Jesús - 226, 227, 272
Mejía Jurado, Yeifer Erley - 157, 158
Mejías, Ester - 174
Melgarejo, Paloma - 201
Méndez-García, Julián - 43
Mendoza-Chamizo, Belén - 91, 184
Mergelina Sánchez, Sol De - 107
Merino, Danila - 181
Mesri-Ghahramanloo, Sina - 80
Meza-Manzaneque, Beatriz - 216
Miarnau, Xavier - 81
Michailides, Themis J. - 276
Miglioli, Matteo - 264
Miguel del Pozo, Lorena - 181
Mihaila Novac, Vlad Paul - 149, 266, 268
Milbourne, Dan - 242
Mingot, Ares - 269
Miralles, Pau - 199
Miranda, Luis - 226, 227, 272
Miranda, Marcela - 236
Miras, Manuel - 72
Moll, Luis - 57
Möller, Svenning R. - 111
Mondéjar López, María - 144

Mondelo Falcón, Rubén - 152
Montalvillo, Manuel - 157
Monteagudo-Cascales, Elizabet - 253
Monterde, Adela - 117, 192, 194
Montes, David - 240
Montes, Nuria - 75
Montesinos, Marina - 120
Montesinos Barreda, Laura - 54, 142, 199
Montesinos Seguí, Emilio - 51, 54, 140, 141, 142, 199, 210, 211, 215
Mora, Francisco - 226
Moragrega, Concepció - 90, 188
Moral, Juan - 66, 71, 92, 189, 245
Moralejo, Eduardo - 118, 120
Morales, Yandira - 56, 213
Morales Clemente, María Teresa - 250
Morán, Félix - 218
Morán Villamizar, Félix - 46, 62, 64, 86, 89, 117, 167, 192
Moreira, Victoria - 145
Moreira Novelli, Valdenice - 206
Moreno, Aranzazu - 73, 191
Moreno Ferrero, Vicente - 255
Moreno Verdú, Montserrat - 282
Morgado Vieira, Igor - 265
Mosquera López, Sandra - 59, 134, 181
Mota-Maldonado, Virginia - 56, 213
Moya-Ruiz, Celia de - 193, 217, 264
Moyano, Cristina - 137
Muñoz, Cristian - 279
Muñoz Castillo, Isabel - 92
Muñoz Díez, Concepción - 66, 92
Muñoz Gómez, Ramona María - 166
Murata, Kanoko - 136
Murillo Busquets, Gemma - 46

N

Nadal, Anna - 90
Navarro Bohigues, Jose Antonio - 124
Navarro-Herrero, Inmaculada - 192, 194
Navas-Castillo, Jesús - 76, 185
Navas-Cortés, Juan Antonio - 57, 116, 119, 195, 235, 273
Nebreda, Sandra - 135, 253
Necira, Khouloud - 113
Nehra, Vikas - 80
Nguyen, Thi Kieu Anh - 59
Nicolau-Lapeña, Iolanda - 251
Nieto López, Alicia - 118, 120, 173, 192
Niño-Sánchez, Jonatan - 49, 59, 134, 147, 181
Niza González, Enrique - 144
Nodarse Fernández, Karla - 168
Nuñez, Encarnación - 219

Núñez Abarca, Fernanda Beatriz - 238
Núñez Salvador, Marta - 252

O

Ojeda Báez, Liszeth Fernanda - 59, 181
Olarte, Carmen - 219
Oliva, Jonàs - 82, 99
Olivares, Patricia - 137
Olivares-García, Concepción - 57, 119, 195, 235
Oliveira Silva, Eliane - 254
Olmo García, Diego - 116, 118, 120, 170, 173, 192
Olmos Castelló, Antonio - 46, 89, 167
Ontañón Rojas, Clara - 65, 125
Ordóñez, Javier - 159
Ortiz Cubells, Belén - 85, 87
Ortiz-Barredo, Amaia - 242
Osores, Esteban - 279
Otazo Gonzalez, Cecilia - 187

P

Padilla Martínez, Carlos-Ventura - 282
Pagán Muñoz, Jesús Israel - 75, 77, 122, 126
Palacio-Bielsa, Ana - 218
Palazón Alba, Carmen - 162, 163, 258, 262, 280, 281
Palazón Monreal, Pedro Antonio - 240
Palladino, María - 200
Pallás Benet, Vicente - 112, 123, 124, 248
Palmero, Daniel - 94, 283
Palomares-Rius, Juan Emilio - 61, 109, 145, 151, 244
Palou Vall, Lluís - 100, 198
Pannarale, Michelle - 100
Pardo-Medina, Javier - 43, 136
Pardos, Marta - 82
Parra, Lorena - 174
Pascual, Susana - 214
Pastor, Silvina E. - 176, 179
Pastor, Victoria - 247
Pastor-Durantez, Eduardo - 224
Pastrana, Ana María - 159, 161
Pavlick, Ryan P. - 67
Pedrosa Gálvez, Ana - 118, 120, 173
Peiró, Rosa - 175, 270
Peiró Peiró, Felipe - 202, 203, 207, 208
Peña, Marcos de la - 48
Perales Vargas-Machuca, J.A - 262
Perera González, Santiago - 233
Pérez Benito, Ernesto - 78, 149, 237, 266, 268
Pérez Clavijo, Margarita María - 219, 221
Pérez de Castro, Ana María - 255
Pérez Martín, Felipe - 152

Pérez Otero, Rosa - 180, 182
Pérez Sierra, Ana María - 44, 85, 86, 87
Pérez-Cañamás, Miryam - 274, 275
Pérez-Gago, María Bernardita - 100, 198
Pérez-García, Alejandro - 56, 213, 247
Pérez-Lozano, Marina - 253
Peris, David - 105
Perpiñá Martín, Gorka - 126
Pico, Adrià - 215
Picó Sirvent, Belén - 255
Picó Sirvent, María Belén - 126
Pineda Chaza, Benito - 255
Pinedo Rivilla, Cristina - 205, 254
Pino Pérez, Modesto del - 229
Pinto, Gloria - 74
Piñón Esteban, Pilar - 180, 182
Pisà Ferrer, Biel - 173
Pla, Maria - 90
Planas, Marta - 140, 141, 210
Plaza, María - 191
Polonio, Álvaro - 50, 56, 247
Pou Feliu, Jeroni - 173
Priego-Capote, Feliciano - 263
Prim Latorre, Montserrat - 88
Prusky, Dov - 71
Pugliese, Bruno Daniel - 179

Q

Quesada Mola, Yuramis - 238
Quetglas, Bàrbara - 120
Quintanilla, Paloma - 198
Quinteros, Emiliano - 176
Quizhpe Romero, Mercy Elizabeth - 88

R

Rabadán Mínguez, Marta - 282
Rallo, Pilar - 71
Ramírez Gil, Joaquín Guillermo - 183
Ramos Ruiz, José - 103, 138, 256
Raposo, Rosa - 152, 250
Rascón Pérez, Emilio - 219, 221
Redondo, Cristina - 214
Regueira Paz, Noelia - 180, 182
Reig López, Diego - 86
Requena Galindo, Elena - 197
Restrepo-Escobar, Andrea - 72
Rey Simó, Ana - 257
Rial Martínez, Cristina - 180
Ritter, Enrique - 242
Rivas-Romero, Juan Carlos - 57, 119, 195

Robertson, Lee - 250
Robinson, Carmen - 70
Roca Virués de Segovia, Jorge - 254
Rocha Latado, Rodrigo - 206
Rodríguez, Natalia - 174
Rodríguez Martínez, Douglas - 104, 157, 158
Rodriguez Pardina, Patricia - 179
Rodríguez Pérez, Ana - 168, 186, 225
Rodríguez-Herva, José Juan - 135, 253
Rodríguez-Molina, María del Carmen - 222, 223
Rodríguez-Romero, Julio - 43, 136
Roig, Jordi - 171
Rojas, Mariana Lucia - 191
Rojas Carmona, Rodrigo - 198
Román-Écija, Miguel - 116, 119, 195, 235, 273
Romanazzi, Gianfranco - 42
Romeralo Tapia, Carmen - 82, 152
Romero, Irene - 274
Romero Azcondo, Pablo - 122
Romero Cuadrado, Laura - 63, 93, 129, 165
Romero-Martín, María Ángeles - 66, 189
Rortais, Agnès - 185
Rosace, Maria Chiara - 190
Roselló, Gemma - 142, 199
Rossi, Vittorio - 190
Ruano Rosa, David - 106, 129, 226, 227, 272
Rubiales, Diego - 109
Rubio Miguélez, Luis - 175, 229, 270, 271
Rufo Gómez, Rubén - 228, 231, 269
Ruíz, Marcos - 187
Ruiz Castilla, Francisco Javier - 103, 138, 256
Ruiz de Galarreta, José Ignacio - 242
Ruiz García, Ana Belén - 46, 89, 167
Ruiz García, Leticia - 160, 212
Ruiz Ibáñez, Miguel - 252
Ruíz Navarro, María - 197
Ruiz-Hidalgo, Javier - 177
Ruiz-Padilla, Ana - 43
Ruiz-Platón, Manuel - 232
Russo, Maria Patrizia - 84
Russo, Riccardo - 84

S

Sabaté Antico, Honorat - 68
Sabate Rabella, Jordi - 68
Sacristán, Soledad - 148
Sáez Sánchez, Cristina - 75, 77, 122, 126
Saigner Cruz, María Carmen - 101, 244
Salas Sierra, Carlos - 85, 86, 87
Salas-Lastres, Isabel - 218

Salazar-García, Rosana - 61, 263
Salgado Roa, Valentina Paz - 238
Salmerón Gómez, Eliseo - 282
Sanahuja Edo, Esmeralda - 112, 175, 196, 239, 270
Sánchez, Carla - 220
Sánchez, Cèlia - 236
Sánchez López, Elena - 154
Sánchez Martín, Javier - 69
Sánchez Navarro, Jesús Ángel - 112, 123, 124, 271
Sánchez Ruiz, Ana María - 99, 155
Sanchez Zelaia, Helene - 105
Sánchez-Hernández, Eva - 60, 260, 261
Sánchez-Pereira, Luiza - 101, 246
Sandín-España, Pilar - 214
Sandoval-Denis, Marcelo - 45
Santamaría-Hernando, Saray - 135, 253
Santiago Roldán, Ana De - 223
Santiago-Pajón, Arturo - 58
Santos, Berta de los - 226, 227, 272
Santos, Milagrosa - 162, 163, 258, 262, 280, 281
Sanz López, Lorena - 55
Sanz Ros, Antonio Vicente - 240
Sarro, Alexia - 174
Sastre, Salvador - 137, 214
Schladt, T. Moritz - 72
Schulze, Waltraud X. - 72
Sede, Ana Rocío - 70
Seeger, Michael - 164
Sellés-Ribera, Carlos - 98, 117, 194
Serra, Joan - 269
Serrano Moral, María Socorro - 83, 95
Serrano-Pérez, Paula - 222, 223
Serrat, Mireia - 210
Sevillano-Bonilla, Leydi - 135, 253
Sifres Cuerda, Alicia - 204, 248, 255
Simó-Esquivel, Miriam - 117, 121, 192, 194
Siverio de la Rosa, Felipe - 128, 168, 186, 225, 233
Slippers, Bernard - 128
Solano, Carlos - 171
Solera-Álvarez, Pedro Javier - 82
Solsona, Cristina - 99, 236
Sordé, Jordi - 171
Sousa-Gomes, Guilherme - 62
Streissl, Franz - 155

T

Talavera *Rubia*, Miguel - 202, 203, 207, 226
Talbot, Nick - 71
Teixidó, Neus - 81, 96, 99, 177, 236
Tello Martín, Maria Luisa - 219, 221

Tenllado, Francisco - 110, 113
Timpanaro, Nicolina - 84
Toledo, Patricia - 82
Toledo-Hernández, Ricardo A. - 104, 157, 158
Tomás, Àlvaro - 80
Torguet, Laura - 81
Torrejón Cabello, Ana - 209
Torres, Alberto - 127
Torres Sanchis, Rosario - 53, 81, 88, 251, 267
Tortella Alomar, Llorenç - 173
Trapero Casas, Antonio - 92, 170, 246
Trapero-Casas, José Luis - 57, 116, 119, 195
Triantafyllou, Ifigeneia - 113
Trujillo Ferrusola, Ana M.ª - 106
Trujillo Martín, Elena - 233
Trujillo-Artero, Ismael - 76
Truniger, Verónica - 115, 249
Turco, Silvia - 131

U

Uranga, Mireia - 65
Uribe-Echeverría, Esther - 219
Usall, Josep - 177

V

Valdés Illán, Raquel - 240
Valenzuela, Miryam - 164
Vall-llaura Espinosa, Núria - 88, 96, 251, 267
Vallejos Serrano, Noelia - 282
Valverde, Angel - 147
Valverde-Corredor, Antonio - 60, 260, 261
Varjas, Virág - 131
Varón, Carlos - 123
Vásconez, Ingrid Nicole - 139, 164
Vásconez, Juan Pablo - 164
Vaz, Ana - 123
Vázquez, Rafael - 158
Vázquez Sández, María - 126
Veenendaal, Luuk D. H. - 111
Vela Delgado, Mariló - 203
Vela Fernández, Pilar - 180, 182
Vela-Delgado, M.ª Dolores - 106
Velasco, Alma - 103
Velasco Arjona, Leonardo - 229
Velazquez Caballero, Karelia - 271
Veloso, Javier - 53
Verdejo, Esther - 223
Vexler, Lea - 242
Vicent Civera, Antonio - 85, 87, 130, 143, 190
Vijayan, Viji - 75

Vila De Vargas, Marc - 90
Villagrán Vega, Tamara Andrea - 238
Villalba, Andrea - 230
Villanueva, Francisco - 65
Villanueva Manso, Héctor - 157, 158
Villar, Irene - 114
Villar Álvarez, David - 123, 124
Villarino Pérez, María - 53, 108, 132, 155, 241
Viñegla Pérez, Benjamín - 257
Viruega, Dara - 187
Viruega Herrera, Dara - 168, 225
Vos, Sybren - 185

W

Wang, Bo - 148
Wengler, Matthew - 71
Widrig, Victoria - 69
Winter, Stephan - 185
Wolters, Anne-marie - 111

Y

Yangzom, Tshering - 171
Yousfi, Sarra - 55

Z

Zamora Ballesteros, Cristina - 59, 74, 134
Zarco-Tejada, Pablo J. - 116, 273
Zhou, Lu - 55
Zipfel, Cyril - 127
Zois, Romanos - 111
Zoltán Váczy, Kálmán - 146
Zúñiga, Erick - 81, 220, 228, 269

ORGANIZAN:

SEF SOCIEDAD ESPAÑOLA DE FITOPATOLOGÍA

Govern de les Illes Balears
Conselleria d'Agricultura,
Pesca i Medi Natural

PATROCINAN:

PLATA

dicsa
Distribuciones Industriales y Científicas S.L.
ciencia e innovación

KENOGARD
CULTIVAMOS LA INVESTIGACION · 研究深耕
by SUMITOMO CHEMICAL

STAB vida
The Home for Gene Technology

NIVEL 1

AGROMILLORA
It's in our nature

BAYER

cajamar
CAJA RURAL

Certis Belchim
GROWING TOGETHER

COOPERATIVA AGRÍCOLA DE SÓLLER
Sant Bartomeu

PHYTOMA

Promega

Trixia
by Fertiberia

NIVEL 2

BEXYL
BEYOND XYLELLA

Funded by
the European Union

FRAC
ESPAÑA

NIVEL 3

CAMBRICO BIOTECH
Redesigning life

Drimay

fertinyect

OTROS COLABORADORES:

Quely

SON MESQUIDASSA
MALLORCA
18 18

Consell de Mallorca