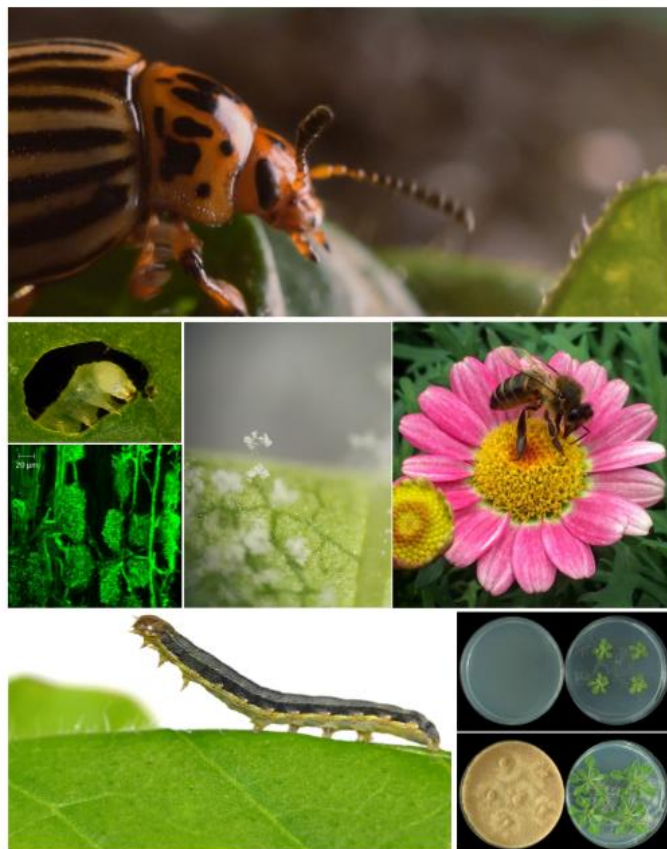




**I Reunión del Grupo “Interacciones Bióticas en Plantas”
de la Sociedad Española de Biología de Plantas
(IBP24)**

LIBRO DE RESÚMENES

Granada, 22-24 mayo 2024



ORGANIZADORES



COLABORADORES



PATROCINADORES





COMITÉ ORGANIZADOR

Concepción Azcón González de Aguilar (*Experimental del Zaidin, CSIC, Granada*), M^a José Pozo Jiménez (*Experimental del Zaidin, CSIC, Granada*), Nuria Ferrol González (*Experimental del Zaidin, CSIC, Granada*), Rafael León Morcillo (*Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea “La Mayora”, CSIC-UMA, Málaga*), Javier Pozueta Romero (*Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea “La Mayora”, CSIC-UMA, Málaga*).

COMITÉ CIENTÍFICO

Azcón-Aguilar, Concepción (*Experimental del Zaidin, CSIC, Granada*), Crava, Maria Cristina (*Instituto Universitario de Biotecnología y Biomedicina, BIOTECNOMED, Valencia*), Fereres Castiel, Alberto (*Instituto de Ciencias Agrarias, CSIC, Madrid*), Ferrol González, Nuria (*Experimental del Zaidin, CSIC, Granada*), Hernández Suárez, Estrella (*Instituto Canario de Investigaciones Agrarias, Tenerife*), Herrera Cervera, José A. (*Universidad de Granada, Granada*), León Morcillo, Rafael Jorge (*Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea “La Mayora”, CSIC-UMA, Málaga*), Pozo Jiménez, María José (*Experimental del Zaidin, CSIC, Granada*), Pozueta Romero, Javier (*Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea “La Mayora”, CSIC-UMA, Málaga*), San Segundo, Blanca (*Centro de Investigación Agrigenómica, Barcelona*), Valli, Adrián A. (*Centro Nacional de Biotecnología, CSIC, Madrid*)

COMITÉ LOCAL

Azcón-Aguilar, Concepción; Boutazakht Sánchez, Elena A; España Luque, Luis; Ferrol González, Nuria; Lidoy Logroño, Javier; López Castillo, Olga; Molina Luzón, M^a Jesús; Pozo Jiménez, M^a José; Ramos Molina, Andrea.



ÍNDICE



PROGRAMA	6
MIÉRCOLES 22.....	7
JUEVES 23.....	8
VIERNES 24.....	14
CONFERENCIA INAUGURAL	16
SESIÓN I	18
Interacciones Bióticas en un Contexto de Cambio Climático.....	18
SESIÓN II	30
Interacciones Beneficiosas Planta-Organismo	30
SESIÓN III	61
Interacciones Perjudiciales Planta-Organismo.....	61
SESIÓN IV	75
Interacciones Multitróficas.....	75
SESIÓN V	86
Aplicaciones de las Interacción Planta-Organismos en la Empresa Agrobiotecnológica.....	86
PARTICIPANTES	100



PROGRAMA



MIÉRCOLES 22

15:30 – 16:00 Entrega de documentación

16:00 – 16:15 Bienvenida y presentación del nuevo grupo de la SEBP “Interacciones Bióticas en Plantas”

16:15 –17:00 Conferencia inaugural

Root mutualistic fungi shape plant-insect multitrophic interactions: a systems biology approach to explore the main regulatory mechanisms.

Ainhoa Martínez Medina

Instituto de Recursos Naturales y Agrobiología de Salamanca (IRNASA)

17:00 – 17:30 Café

17:30 – 19:15 Sesión I: Interacciones Bióticas en un Contexto de Cambio Climático

Chairs: *María Romero (EEZ) y Leonardo Velasco (IFAPA)*

17:30 – 17:45 Aproximaciones basadas en Biología de Sistemas para abordar interacciones planta-patógeno en combinación con estreses abióticos.

Antoni García-Molina

Centre for Research in Agricultural Genomics (CRAG)

17:45 – 18:00 El calentamiento global y como afecta a la manipulación de defensas de las plantas.

Juan Manuel Alba

Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea La Mayora (IHSM)

18:00 – 18:15 Detección de la podredumbre negra de las brásicas en distintos escenarios de cambio climático mediante sensores de imagen y algoritmos de la inteligencia artificial. Mónica Pineda

Estación Experimental del Zaidín (EEZ)

18:15 – 18:30 Effect of high temperature on the root system and its associated microbiome.

Juan C. del Pozo

Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas (CBGP)

18:30 – 18:35 Studying how endophytic fungi alter lateral root formation mechanisms to promote plant tolerance to abiotic stresses.

Javier Cabrera

Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas (CBGP)

18:35 – 18:40 Efecto de hongos micorrízico arbusculares autóctonos sobre la tolerancia de plantas de olivo a la sequía.

Alba Magarzo

Estación Experimental del Zaidín (EEZ)



- 18:40 – 18:45 Proof of concept: validating and monitoring Mycorrhiza-Induced Resistance in agronomic contexts.**
Zhivko Minchev
Estación Experimental del Zaidín (EEZ)
- 18:45 – 18:50 *Tetranychus urticae* populations adapted to different climatic conditions induce the metabolic reprogramming of drought stressed bean plants.**
Miguel González-Guzmán.
Universitat Jaume I (UJI)
- 18:50 – 18:55 Bacterial and fungal microbiome conformation in maize plants under optimal and limited watering.**
Sandra Díaz-González
Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas (CBGP)
- 18:55 – 19:00 Desvelando las azúcares y compuestos ambientales asociados en la dieta nectarívora del mosquito *Culex pipiens*.**
Felipe Yon
Universidad Cayetano Heredia, Lima, Perú
- 19:00 – 19:15 Discusión general**
- 21:00** Copa de bienvenida (Restaurante Las Tomasas)

JUEVES 23

- 09:00 – 11:00 Sesión II: Interacciones beneficiosas planta-organismo (1)**
Chairs: *María del Carmen Jaizme (ICIA) y Antoni García-Molina (CRAG)*
- 09:00 - 09:15 A plant's diet is essential for plant communication in the rhizosphere and symbiosis establishment.**
Juan A. López Ráez
Estación Experimental del Zaidín (EEZ)
- 09:15 – 09:30 Regulación transcripcional de la Micorriza Arbuscular por factores de transcripción GRAS**
Tania, Ho-Plágaro
Estación Experimental del Zaidín (EEZ)
- 09:30 – 09:45 Descifrando los eventos de señalización temprana durante la Resistencia Inducida por Micorrizas (MIR).**
Víctor Flors
Universitat Jaume I (UJI)



- 09:45 – 10:00 Synergistic effects of *Amanita stranella* and *Suillus decipiens* inoculation on morphological features and phenolic compounds of *Pinus pseudostrobus* var. *coatepecensis*, a narrow endemic Mexican variety.**
Yajaira Baeza-Guzmán
Universidad Autónoma Metropolitana, México
- 10:00 – 10:15 Improvement of symbiotic abilities in Pea plants by the saprophytic fungus *Corioloopsis rigida* under herbicides spraying.**
Miguel López-Gómez
Universidad de Granada (UGR)
- 10:15 – 10:20 How nutrition affects arbuscular mycorrhizal symbiosis establishment and mycorrhiza induced resistance.**
Luis España Luque
Estación Experimental del Zaidín (EEZ)
- 10:20 – 10:25 Iron regulates arbuscular mycorrhizal development and function.**
Javier Lidoy
Estación Experimental del Zaidín (EEZ)
- 10:25 – 10:30 La simbiosis micorrízica arbuscular en plantas exóticas invasoras es más intensa que en las no invasoras pero no brinda mayores beneficios.**
Magali Burni
Instituto Multidisciplinario Biología Vegetal (IMBIV), Córdoba, Argentina
- 10:30 – 10:35 ¿Complementariedad o redundancia funcional en hongos micorrízicos arbusculares? Una revisión meta-analítica.**
Gabriel Grill
Instituto Multidisciplinario Biología Vegetal (IMBIV), Córdoba, Argentina
- 10:35 – 10:40 Hongos micorrízicos arbusculares y actividad microbiana en jales de mina: Potencial para promover el crecimiento de plantas bajo condiciones de estrés.**
Elizabeth Hernández-Acosta
Universidad Autónoma Chapingo, México
- 10:40 – 10:45 Efectividad de los hongos micorrízicos arbusculares introducidos y nativos en seis leguminosas coberteras.**
Dora Trejo
Universidad Veracruzana, México
- 10:45 – 10:50 Avances en el estudio del papel del etileno y su biosíntesis en la simbiosis leguminosa-rizobio.**
German O. Gómez-Fernández
Universidad Pública de Navarra (UPNA).
- 10:50 – 11:05 Discusión general**



11:05 – 11:30 Café

11:30 – 13:35 Sesión II: Interacciones beneficiosas planta-organismo (2)

Chairs: *Jordi Gamir (UJI) y Nieves López-Pagán (IHSM)*

11:30 – 11:45 Deciphering the molecular mechanisms in the interaction of the beneficial fungal endophyte *Colletotrichum tofieldiae* with maize

Soledad Sacristán

Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas (CBGP)

11:45 – 12:00 Deciphering the mechanisms underlying Arabidopsis growth promotion mediated by the *Sinorhizobium meliloti* volatilome

María J. Soto

Estación Experimental del Zaidín (EEZ).

12:00 – 12:15 RAPID ALKALINIZATION FACTOR 22 is a key modulator of the root hair growth responses to fungal ethylene emissions in Arabidopsis.

Rafael Jorge León Morcillo

Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea La Mayora (IHSM)

12:15 – 12:30 De tal palo tal astilla: Microbiota de semillas.

Juan Ignacio Vílchez

Instituto de Tecnología Química e Biológica (ITQB)-NOVA, Oeiras, Portugal

12:30 – 12:35 Sustainable strategies to improve crop resistance against pathogens through the use of fungal culture filtrate as effective biostimulants.

Abdellatif Bahaji Nazih

Instituto de Agrobiotecnología (IDAB), Mutilva

12:35 – 12:40 Implicación de la proteína FixK2 en la adaptación al estrés oxidativo inducido por cobre en la simbiosis soja-*Bradyrhizobium diazoefficiens*.

Germán Tortosa

Estación Experimental del Zaidín (EEZ)

12:40 – 12:45 *Rhizobium tropici* CIAT 899 y riboflavina condicionan la colonización micorrízica en *Phaseolus vulgaris* L.

Jacob Bañuelos

Universidad Autónoma Metropolitana, México

12:45 – 12:50 Selección natural acelerada para mejorar la eficiencia de PGPR.

Cristina Lomas Martínez

Estación Experimental del Zaidín (EEZ)

12:50 – 12:55 BSocial: descifrando el comportamiento social de PGPMs.

María García-Toledo

Instituto del Agua, Universidad de Granada (UGR).

12:55 – 13:00 Análisis del sistema CfcA/CfcF/CfcR de *Stutzerimonas stutzeri* MJL19 y su implicación en la producción de c-di-GMP.



Rafael Nisa-Martínez
Estación Experimental del Zaidín (EEZ)

13:00 – 13:05 Deciphering the mechanisms underlying trehalose-induced resistance against *Tetranychus urticae*.

Paloma Sánchez-Bel
Universitat Jaume I (UJI)

13:05 – 13:10 Plant-soil feedback outputs on tomato growth and resistance are modulated by plant genotype and soil history.

Guadalupe Zitlalpopoca-Hernández
Instituto de Recursos Naturales y Agrobiología de Salamanca (IRNASA)

13:10 – 13:15 The use of cell-free culture filtrates as a potential sustainable alternative to reduce chemical fertilizers in agriculture.

David Izurdiaga
Instituto de Agrobiotecnología (IDAB)

13:15 – 13:20 Melatonina como agente protector en plantas: análisis del papel bioestimulante *in vivo* y fungitoxicidad *in vitro*.

Manuela Giraldo-Acosta
Universidad de Murcia (UM)

13:20 – 13:35 Discusión general

13:35 – 15:00: Almuerzo (cafetería de la Estación Experimental del Zaidín)

15:00 – 16:30 Sesión III: Interacciones perjudiciales planta-organismo (1)

Chairs: Lucia Jorda (CBGP) y Eduardo Bejarano (UMA)

15:00 – 15:15 Novel insights into plant mechanisms of glycan perception and immune activation: deciphering the function of Leucine Rich Repeat-Malectin Receptor Kinases.

Antonio Molina
Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas (CBGP)

15:15 – 15:30 The transcriptional and hormonal trade-offs established in Arabidopsis upon spider mite infestation enable plant survival imposing a fitness cost.

Alejandro García
Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas (CBGP)

15:30 – 15:45 Molecular basis of constitutive defense mechanisms underlying resistance to *Verticillium dahliae* in the AC18 clone of wild olive.

Francisco J. Molina-Hidalgo
University of Cordoba (UCO)

15:45 – 16:00 Mecanismos de defensa frente a insectos fitófagos en chirimoyas, género *Annona* (Annonaceae).



Eduardo De la Peña

Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea La Mayora (IHSM)

16:00 – 16:15 Estudio de la ruptura de la resistencia de Ty-2 por el geminivirus *Tomato yellow leaf curl virus (TYLCV)*.

Araceli G. Castillo

Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea La Mayora (IHSM)

16.15 – 16.30 Niemann-Pick Protein C1, a cholesterol transporter involved in Cucumber mosaic virus infection in melon.

Ana Montserrat Martín-Hernández

Centre for Research in Agricultural Genomics (CRAG)

16:30 – 16:50 Café

16:50 – 17:40 Sesión III: Interacciones perjudiciales planta-organismo (2)

16:50 – 16:55 Decaimiento de *Pinus sylvestris* en Sierra Nevada: la importancia de la microbiota asociada a la raíz.

Ana V Lasa

Estación Experimental del Zaidín (CSIC)

16:55 – 17:00 Cooperative colonization of the plant by *Pseudomonas syringae* involves stochastic and spatial expression patterns of the flagellar and type III secretion systems.

Nieves López-Pagán

Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea La Mayora (IHSM)

17:00 – 17:05 Genome-wide identification and characterization of NB-LRR genes in wild olive and their expression in response to *Verticillium dahliae* infection.

Beatriz Mascuñano

University of Cordoba (UCO)

17:05 – 17:10 Topical application of dsRNA-nanocomposites for the control of plant DNA and RNA viruses.

Leonardo Velasco

Instituto Andaluz de Investigación y Formación Agraria (IFAPA), Churriana, Málaga

17:10 – 17:15 From DNA Damage to Defense: ATM and ATR Mediated Immune Responses Triggered by Extracellular Self-DNA.

Isaac Vega-Muñoz

Centro de Investigación y de Estudios Avanzados (CINVESTAV), México

17:15 – 17:20 Peroxin PEX11a role during incompatible interaction *Arabidopsis thaliana*-*Pseudomonas syringae*.

María C. Romero-Puertas

Estación Experimental del Zaidín (EEZ)



17:20 – 17:25 Self-DNA induces plant resistance against the western flower thrips *Frankliniella occidentalis* through callose accumulation.

Jordi Gamir

Universitat Jaume I (UJI)

17:25 – 17:40 Discusión general

17:40 – 17:50 Pausa

17:50 – 19:30 Sesión IV: Interacciones multitróficas

Chairs: *Estrella Santamaria (UPM) y Felipe Yon (UCH Perú)*

17:50 – 18:05 From able to reliable: understanding microbe-induced resistance in a multitrophic context for optimizing agronomic applications

Beatriz Ramirez-Serrano

Estación Experimental del Zaidín (EEZ)

18:05 – 18:20 Polyamine metabolism plays a relevant role in *Trichoderma*-induced pest resistance in tomato.

Iván Manuel Fernández López

Institute of Natural Resources and Agrobiology of Salamanca (IRNASA)

18:20 – 18:35 Efecto de *Trichoderma harzianum* en el comportamiento del pulgón (*Macrosiphum euphorbiae*) en planta de tomate.

Elisa Garzo

Instituto de Ciencias Agrarias (ICA)

18:35 – 18:50 La resistencia inducida por micorrizas en cítricos frente a *Tetranychus urticae* se correlaciona de forma inversa con la resistencia basal propia de la especie.

Victoria Pastor

Universitat Jaume I (UJI)

18:50 – 18:55 *Bacillus mycoides* bacteria en diálogo con la planta para combatir *Botrytis cinerea*.

Marta Orero-Bayo,

Universitat Jaume I (UJI)

18:55 – 19:00 Estudio multi-ómico de la resistencia inducida por micorrizas en plantas de tomate frente al hongo necrotrófico *Botrytis cinerea*.

María Manresa-Grao

Universitat Jaume I (UJI)

19:00 – 19:05 Efecto de un inóculo microbiano sobre los mecanismos de defensa en plataneras infectas por *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* (STR4).

Raquel Correa-Delgado

Instituto Canario de Investigaciones Agrarias (ICIA), Santa Cruz de Tenerife



19:05 – 19:10 Mycorrhizal symbiosis increases natural enemy attraction upon herbivory: a case study with *Tuta absoluta* / *Nesidiocoris tenuis* in tomato.

Juan M. García

Estación Experimental del Zaidín (EEZ)

19:10 – 19:15 Herbivory-driven rhizosphere microbial assembly affects plant phenotype differently in tomato and sunflower.

Pablo Manuel Rodríguez Blanco

Institute of Natural Resources and Agrobiology of Salamanca (IRNASA)

19:15 – 19:30 Discusión general

21:00: Cena IBP24 (Restaurante Pilar del Toro)

VIERNES 24

09:30 – 11:30 Sesión V: Aplicaciones de la interacción planta-organismos en la empresa agrobiotecnológica

Chair: Alexia Stellfeldt (Ideagro) y Gonzaga Ruiz de Gauna (Biovegen)

Cultivando el futuro: herramientas de apoyo en el desarrollo de bioestimulantes microbianos.

Eva Sánchez Rodríguez.

INNOPLANT

Soluciones para el análisis de patógenos y ensayos de alto rendimiento de la eficiencia de tratamientos fitosanitarios mediante fenotipado digital de las plantas.

Sandra Cuni Vallduriola.

IZASA

La influencia de los productos a base de bacterias en el reclutamiento de otros microorganismos beneficiosos, aumentando la diversidad del microbioma

Alejandro Navarro Galiano

ROVENSA NEXT

Biofertilización 2.0: las biomoléculas en la agricultura.

Esaú Megías Saavedra

AGROGENIA

Bioprospección de cepas de interés como microorganismos bioestimulantes y promotores del crecimiento

Chelo Escrig

AIMPLAS

Uso de hongos micorrícicos y bacterias PGP para hacer frente a los nuevos desafíos de la agricultura



Elías Martínez de la Cuesta.

BIOERA

Aplicaciones de la interacción planta-otros organismos en la empresa agro-biotecnológica.

Sonia González Méndez

INTRA RADICE

Assesing plant biotics interactions: A multiomics point of view

Luis Orduña Rubio

VALGENETICS

Actividad de las microalgas sobre enfermedades fúngicas en cultivos hortícolas.

Alicia María González Céspedes

FUNDACIÓN CAJAMAR

Evaluación de la capacidad bioestimulante y antifúngica de un extracto de cebolla estandarizado en compuestos organosulfurados en cultivo de olivo.

Ana Falcón Piñeiro

DOMCA

Microorganismos extremófilos, una aplicación práctica desde la empresa

Luis Salido Navarro

HEROGRA

Explorando suelo y planta: nuevas aproximaciones para la evaluación de bioestimulantes

Pedro Palazón

IDEAGRO

El suelo, donde comienza la alimentación. Reconectar para Regenerar

Pablo Ibort Pereda

REKA SOIL AG (grupo KOPPERT)

11:30 – 12:30 Café-networking

12:30 – 14:00 Mesa redonda sobre el grupo de trabajo y conclusiones de IBP24

14:00 Clausura



CONFERENCIA INAUGURAL



Root mutualistic fungi shape plant-insect multitrophic interactions: a systems biology approach to explore the main regulatory mechanisms

Ainhoa Martínez Medina

Grupo de Agroecología Molecular (www.molecolab.org), Instituto de Recursos Naturales y Agrobiología de Salamanca (IRNASA-CSIC)

Plants are engaged in diverse mutualistic associations, including those with root-associated microbes, from which they gain multiple benefits. Root mutualistic microbes can provide their plant hosts with enhanced levels of nutrition, increased growth rates, and protection from abiotic stressors. Moreover, they can modulate the plant's immune system to induce systemic resistance against attackers, a mechanism known as Microbe-Induced plant Resistance (MIR, also referred to as ISR). By expanding the plant's defensive capabilities, MIR can shape interactions between plants and insect herbivores across multiple trophic levels. Thus, MIR represents a promising biotechnological tool for sustainable pest management. The primary research interest of the MolEcoLab group is to uncover novel elements in the **plant immune system** involved in MIR to pests. We combine integrative multi-omics and functional genomics approaches in plants, with performance and behavioral studies involving mutualistic microbes – and entire soil microbiomes –, plants (first trophic level), insect herbivores (second trophic level), and herbivores' natural enemies (third trophic level). Our ultimate aim is to optimize MIR applications in agroecosystems. Recently, in the frame of the ERC project “MIMIR”, we further aim to explore how and to what extent MIR-immune responses elicited in plants cascade upwards across food webs, leaving a molecular fingerprint in surviving insect herbivores, which we coin to as the “MIR imprint”. The potential impact of the MIR imprint in shaping the structure and function of agroecosystems will be discussed.

AMM acknowledges support by ERC Consolidator Grant MIMIR_101124883 of the European Research Council; by the grants PID2021-128318OA-I00 and RYC2020-030727-I by MCIN/AEI/10.13039/501100011033 and “ERDF A Way of Making Europe”; CLU-2019-05-IRNASA/CSIC Unit of Excellence by Junta de Castilla y León and European Union (FEDER “Europe Drives Our Growth”), and the program for strengthening research structures “Stairway to Excellence”, co-funded by the European Regional Development Fund.



SESIÓN I

Interacciones Bióticas en un Contexto de Cambio Climático



Aproximaciones basadas en Biología de Sistemas para abordar interacciones planta-patógeno en combinación con estreses abióticos

Antoni Garcia-Molina

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

Nuestro conocimiento sobre las interacciones planta-patógeno proviene mayoritariamente de diseños aislados de factores ambientales. En cambio, la frecuente incidencia de elementos adversos para las plantas implica que las infecciones por patógenos en medios naturales suelen ocurrir durante episodios de estrés abiótico. En estos escenarios, la interacción de múltiples estreses conlleva la activación de respuestas combinatorias difíciles de anticipar a partir de aquellas a cada factor por separado.

A nivel sistémico, la integración de señales adversas causa reorganizaciones en la red homeostática de la planta que provocan transiciones entre el estado basal y de defensa. Por tanto, entender en detalle la interacción planta-patógeno e identificar qué elementos actúan en la respuesta inmune es de elevada complejidad dado el alto nivel de interconexión entre componentes biológicos. Ante esta problemática, la Biología de Sistemas emerge como una solución para integrar datos masivos que proporcionen interpretaciones holísticas y permitan aislar elementos centrales moduladores de respuestas biológicas.

En mi línea de investigación empleamos el análisis sistémico para abordar el impacto de factores abióticos en la respuesta inmune de la planta. De este modo, hemos demostrado cómo la reconfiguración metabólica durante múltiples estreses abióticos es persistente e influye en la capacidad de defensa frente a posteriores infecciones por patógeno. Asimismo, el análisis de redes transcriptómicas durante la infección por hongo en plantas de *Arabidopsis* y arroz crecidas en diferente disponibilidad de hierro identificó estrategias de defensa divergentes que se traducen en fenotipos inmunes opuestos.

Esta línea de trabajo se ha financiado a través de la beca Marie Skłodowska-Curie número 101028809 por parte del programa de investigación e innovación Horizonte 2020 (Unión Europea) y del contrato RYC2022-037020-I del programa Ramón y Cajal (Agencia Estatal de Investigación, Ministerio de Ciencia e Innovación).



El calentamiento global y como afecta a la manipulación de defensas de las plantas

Jessica Teodoro Paulo¹, Jacques Deere¹, Merijn Kant¹, Juan Manuel Alba^{1,2}

¹Institute for Biodiversity and Ecosystem Dynamics, University of Amsterdam, Amsterdam, The Netherlands; ²Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea “La Mayora” UMA-CSIC, Málaga, España.

Las plantas han desarrollado diferentes mecanismos de defensa en contra de organismos que las consumen, como por ejemplo los herbívoros. Estas defensas han actuado como factor de selección para que los herbívoros desarrollen estrategias que contrarresten o minimicen el efecto deletéreo de las defensas de las plantas. En investigaciones anteriores descubrimos que un grupo de herbívoros son capaces de suprimir la respuesta de defensa inducida, teniendo consecuencias en las interacciones con otros grupos de organismos a lo largo de la red trófica. En esta ponencia queremos presentar una revisión del fenómeno de supresión de defensas y sus consecuencias ecológicas en un contexto de calentamiento global que estamos sufriendo.

Los autores agradecen a la NWO (ALWOP.283; NWO-VICI 19391; U Horizon 2020 research and innovation programme (Grant 773902 — SuperPests)) por el apoyo en este trabajo.



Detección de la podredumbre negra de las brásicas en distintos escenarios de cambio climático mediante sensores de imagen y algoritmos de la inteligencia artificial

Mónica Pineda¹, María Luisa Pérez-Bueno^{1,2}, Trinidad Moreno-Martín², Matilde Barón¹

¹Estación Experimental del Zaidín – CSIC. Profesor Albareda, 1, C.P. 18008. Granada (España);

²Departamento de Fisiología Vegetal, Facultad de Farmacia, Universidad de Granada (España)

La podredumbre negra de las brásicas es una enfermedad devastadora causada por *Xanthomonas campestris* pv. *campestris* (Xcc). Xcc obstruye los vasos del xilema, dando lugar a características lesiones en forma de V en los márgenes de la hoja. En casos severos, las plantas mueren por marchitamiento. El brócoli y la colza son dos de las brásicas más importantes cultivadas en España (Región de Murcia y Castilla y León, respectivamente) que se enfrentan a esta enfermedad en un mundo inmerso en un proceso de cambio climático.

Se ha estudiado la infección causada por dos razas de Xcc (1 y 4) en plantas de brócoli y colza en condiciones climáticas actuales y en dos escenarios de cambio climático (intermedio y extremo) que podrían tener lugar en los años 2081-2100. Para ello, se han usado métodos bioquímicos y técnicas de imagen no destructivas que proporcionan datos sobre diferentes procesos fisiológicos vegetales: transpiración, fotosíntesis y metabolismo secundario, entre otros. Xcc ocasiona cambios en la capacidad antioxidante de las plantas, en la peroxidación lipídica, la composición pigmentaria de las hojas, en su capacidad fotosintética y en su concentración de compuestos fenólicos. Los resultados también indican que las alteraciones ocasionadas por ambas razas de Xcc serán más acusadas por el cambio climático, tanto más cuanto más severa es la condición climática estudiada. Además, los datos recopilados mediante técnicas de imagen se han implementado con éxito en algoritmos clasificadores capaces de aprender de dichos datos y clasificar nuevas muestras como plantas “sanas” e “infectadas” de forma presintomática. Estos resultados ponen de manifiesto la importancia de los algoritmos de la inteligencia artificial para la detección precoz de las enfermedades de los cultivos, y señalan la importancia de las condiciones ambientales futuras en la evaluación de las enfermedades vegetales.

Los autores agradecen a la Dra. Elena Cartea de la Misión Biológica de Galicia (CSIC) el suministro de las dos razas de Xcc usadas en este trabajo. Proyecto RTI2018-094652-B-I00 del MCIN y la AEI (MCIN/AEI/10.13039/501100011033/), y de los fondos FEDER “Una manera de hacer Europa”; y Proyecto Intramural 202340E012 del CSIC.



Effect of high temperature on the root system and its associated microbiome

Juan C. del Pozo¹, Soledad Sacristán^{1,2}, Carlos M. Conesa³, Alberto Lozano¹, Carlos González-Sanz¹, Eoghan King¹, Ivan Devesa³, Mary Paz Gonzalez-García^{1,2}, Victoria Baca-González¹, Irene Torregrosa¹, and Elena Caro^{1,2}

¹Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas (UPM-INIA/CSIC), Madrid, Spain. ²Dpto. Biotecnología-Biología Vegetal, Escuela Técnica Superior de Ingeniería Agronómica, Alimentaria y de Biosistemas, Universidad Politécnica de Madrid (UPM) Madrid, Spain. ³Joint Research Unit CBGP-Tradecorp.

Climate change increases the frequency of extreme heat events that aggravate the negative impact on plant development and agricultural yield. Most experiments designed to study plant adaption to heat stress apply homogeneous high temperatures for both the shoot and the root. However, this treatment does not mimic the conditions in natural fields, where roots grow within a temperature-descending gradient environment. Excessive high temperatures in the root growing zone severely reduce cell division in the root meristem, hereby compromising root growth. Simultaneously, these conditions promote increased cell division in the quiescent center, likely as a mechanism to sustain the stem cell niche. We engineered the TGRooZ device to generate a temperature gradient for in vitro assays and demonstrate that the root system efficiently grows and maintains its functionality to sustain the shoot growth of plants exposed to high temperatures in an auxin-dependent manner. Furthermore, gene expression and rhizosphere or root microbiome composition of TGRooZ-grown roots is significantly less affected than high temperature-grown roots, correlating with a higher root functionality. We have found that root-soil temperature has a strong impact on selecting the microbiome, in both bacterial and fungal communities. Using these data, we have selected a synthetic community of bacteria that seems to increase plant growth and tolerance to higher temperatures. In addition, by a selective screening we have identified 2 fungi that also enhance plant thermotolerance.

Our data indicate that to reduce the gap between lab experiments and field trials and to obtain reliable and close-to-field plant responses to high temperatures, plants should be cultivated with the root system in a temperature gradient.

Research was supported by PID2020-113479RB-I00 grant by MCIN/AEI/10.13039/501100011033/ to J.C.P and by the "Severo Ochoa Program for Centres of Excellence in R&D" from the AEI of Spain (grant SEV-2016-0672 (2017-2021) to the CBGP.



Studying how endophytic fungi alter lateral root formation mechanisms to promote plant tolerance to abiotic stresses.

Carlos M. Conesa^{1,3}, Alberto Lozano^{1,2}, Laura Gutiérrez-Manso^{1,2}, Iván Devesa^{1,3}, Lorena Blázquez¹, Lola Echeverría¹, Soledad Sacristán^{1,2}, Juan Carlos del Pozo¹, Javier Cabrera¹.

¹ Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas (UPM-INIA/CSIC), Madrid, Spain; ² Dpto. Biotecnología-Biología Vegetal, Escuela Técnica Superior de Ingeniería Agronómica, Alimentaria y de Biosistemas, Universidad Politécnica de Madrid (UPM) Madrid, Spain; ³ Joint Research Unit CBGP-Tradecorp

Amid the challenges posed by climate change, where crops face growing problems due to unpredictable biotic and abiotic factors, and within the framework of sustainable agriculture emphasizing reduced fertilizer usage, there is a rising trend in utilizing rhizosphere microorganisms that promote plant growth to enhance their resilience against these stresses. Our study focuses on understanding how endophytic fungi modify at a molecular level root development to promote a beneficial effect. Specifically, we investigate how they impact different checkpoints related to lateral root formation, such as the oscillation zone or pre-branch sites. Through a screening of endophytic fungi, we have identified a strain, which we have named as H2, with a positive effect on increasing the number of lateral roots. The interaction with H2 causes an increase in the number of emerged lateral roots and also in the number of pre-branch sites. In addition, preliminary results indicate that the intensity of auxin signaling seems to be higher in the oscillation zone of those plants treated with H2. This fungus can produce indole compounds but no ectopic increase in auxin signaling is observed throughout the root. We determined the different hormone precursors altered during the interaction in the roots. RNAseq and differentially accumulated small RNAs during the interaction have been obtained to know better the interference mechanisms of the fungi with the lateral root developmental pathways. We have been able to confirm that the increase of the root system induced by H2 confers a higher resistance to different abiotic factors such as salinity. Using GFP-transformed transgenic H2 lines, we have been able to verify that H2 establishes a close relationship with the root system of Arabidopsis. H2 is therefore a good candidate to study the mechanisms altered by endophytic fungi in the lateral root formation system.

Research was supported by grants from the Spanish Government PID2020-113479RB-I00 and ED2021-130317B-I00 to JCdP and PID2022-141938OA-I00 and RYC2021-030913-I to JC. Ayuda “PRE2021-098261 financiada por MCIN/AEI /10.13039/501100011033 y por FSE invierte en tu futuro” to AL.



Efecto de hongos micorrízico arbusculares autóctonos sobre la tolerancia de plantas de olivo a la sequía

Alba Magarzo, Olga López-Castillo, Concepción Azcón-Aguilar, Nuria Ferrol

Microbiología del Suelo y la Planta, Estación Experimental del Zaidín, CSIC, Granada, Spain

El olivo (*Olea europea* L) es una especie típicamente mediterránea que se cultiva mayoritariamente en condiciones de secano. Aunque el olivo es una especie tolerante a la sequía, la escasez de agua es el principal factor limitante de la producción. De ahí que, ante el actual escenario de cambio climático, sea necesario desarrollar estrategias que permitan incrementar la resiliencia del olivo a la sequía. Una de las estrategias desarrolladas por las plantas para mejorar su crecimiento en condiciones de estrés es el establecimiento de asociaciones simbióticas con ciertos microorganismos del suelo. Las micorrizas arbusculares (MA), simbiosis mutualistas planta-hongo, mejoran la tolerancia de las plantas a la sequía. Aunque cualquier planta es susceptible de ser colonizada por cualquier hongo MA y viceversa, en las MA existe una cierta compatibilidad funcional. El objetivo de este trabajo fue seleccionar los hongos MA más eficaces para incrementar la tolerancia de dos variedades de olivo, Arbequina y Picual, a la sequía. Se inocularon estaquillas enraizadas de las dos variedades de olivo con diferentes hongos MA previamente aislados de la rizosfera de olivos adultos y con otro aislado de un ecosistema semiárido. Cinco meses tras la inoculación, la mitad de las plantas de cada tratamiento fueron sometidas a sequía durante dos meses, mientras que la otra mitad se mantuvieron bien regadas. Se constató que el olivo presenta una elevada dependencia micorrízica. Todos los hongos MA mejoraron el desarrollo de las dos variedades, tanto en condiciones de sequía como de riego adecuado, siendo *Funneliformis geosporum* el más eficiente para mejorar el crecimiento de las plantas bien regadas. En condiciones de sequía, todos los hongos promovieron por igual el crecimiento de Picual; sin embargo, *Septoglomus constrictum* fue el más eficiente para mejorar el crecimiento de Arbequina. Actualmente se están analizando los mecanismos subyacentes de los efectos observados.

Esta investigación ha sido financiada por el Proyecto PCI2022-132979, financiado por MCIN/AEI/10.13039/501100011033 y la Unión Europea "NextGenerationEU"/PRTR". El proyecto BIOMEnext cuenta con el apoyo del programa PRIMA (UE).



Proof of concept: validating and monitoring Mycorrhiza-Induced Resistance in agronomic contexts

Zhivko Minchev, Juan García, Luis España, Andrea Ramos, Olena Nesterenko, Javier Lidoy, Ana Luque, Ana I. Molina, Beatriz Ramírez-Serrano, Juan A. López-Ráez, María J. Pozo

Soil and Plant Microbiology Department, Estación Experimental del Zaidín, Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), Granada, Spain

The use of beneficial soil microorganisms, such as arbuscular mycorrhizal fungi (AMF) is a compelling alternative to traditional fertilizers and pesticides, becoming a cornerstone in revolutionizing crop management sustainability. AMF are obligate biotrophs that establish symbiosis with most terrestrial plants providing their host with multiple benefits. They can stimulate the plant immune system leading to Mycorrhiza-Induced Resistance (MIR) against a broad range of pests and pathogens, holding a great potential for improving crop protection sustainability. The capacity of AMF to trigger MIR and protect plants against diverse aggressors has been extensively demonstrated under controlled conditions, however their use in agriculture is mostly restricted as biofertilizers and biostimulants. A major challenge for the wider adoption of AMF based inoculants as bioprotectors in agriculture is translating their potential to boost plant resistance from controlled experimental conditions to agronomic settings. We addressed this gap by testing the efficacy of AMF to trigger MIR against the natural incidence of pests in commercial tomato production systems. For this proof of concept approach, we performed large-scale experiments with different tomato cultivars (*Solanum lycopersicum*) including commercial varieties in different agronomic contexts, including two commercial tomato production systems: under greenhouse and traditional open field, and using their standard crop management practices. Our findings validate the effectiveness of MIR against pests in agronomic settings, highlighting their potential as an efficient element in integrated pest management programs for sustainable crop protection.

This research has been funded by the project PDC2022-133600-C21 from the Spanish Ministry of Science, Innovation and Universities



***Tetranychus urticae* populations adapted to different climatic conditions induce the metabolic reprogramming of drought stressed bean plants**

Juan Manuel Acién¹, Berivan Özlem Gumus¹, Eva Cañizares¹, Adrián Lestayo-Rey², Elena López-Errasquín², Félix Ortego², Alain Migeon³, Philippe Auger³ Maria Navajas³, Vicent Arbona¹, Miguel González-Guzmán¹

¹Department of Biology, Biochemistry and Natural Sciences, Universitat Jaume I, Castelló de la Plana, Spain; ²Department of Microbial and Plant Biotechnology, Centro de Investigaciones Biológicas Margarita Salas, CSIC, Madrid, Spain; ³CBGP, INRAE, CIRAD, Institut Agro, IRD, Univ Montpellier, Montpellier, France

Climate change poses a challenging scenario for agriculture altering environmental variables that modify plant growth, performance, phenology and, ultimately, productivity. Moreover, global warming also modifies the interaction of plants with their surrounding biotic environment, particularly arthropod pests which population growth is favoured by drought stress, exposing plants to an even more threatening situation. To study this plant-arthropod pest interaction, *Tetranychus urticae* populations from different locations in Europe spanning a wide range of climatic conditions were collected and reared on bean plants under water stress conditions. The molecular responses of bean plants to infestation with each spider mite population were analysed to identify specific plant metabolic responses. Hormonal profiling revealed an increase in JA-Ile and ABA levels in infested water-stressed bean plants, with no significant differences among populations. Moreover, a non-targeted metabolomics approach showed a specific, population-dependent accumulation of defence and antioxidant metabolites such as flavonoids. However, biochemical, and enzymatic analysis to quantify MDA, proline, free sugars, or bean protease inhibitors did not show any significant differences between populations. These results suggest that, despite each population induced specific metabolic responses in water-stressed bean plants, observed changes in spider mite life history traits cannot be linked to the plant metabolic reconfiguration and should be considered a population-dependent genetic and metabolic adaptation to harsh and challenging climatic conditions.

All metabolite profiling analyses were carried out at Universitat Jaume I central facilities (SCIC) under the inestimable help of Dr. Cristian Vicent. Financial support was provided through projects OPTIMUS PRIME, grant PCI 2021-121920 funded by MCIN/AEI/10.13039/ 501100011033 and by the "European Union NextGenerationEU/PRTR", EXTREMO grant PID 2020-118126RB-I00 funded by MCIN/AEI/ 10.13039/501100011033, UJI-B2019-24 and UJI-B2022-23 funded by Universitat Jaume I. Funding from 'Santiago Grisolia' fellowship grant from Conselleria d'Innovació, Universitats, Ciència i Societat Digital (Generalitat Valenciana, CIGRIS/2021/014) to B.O.G. and a predoctoral fellowship from Conselleria d'Educació, Universitats i Ocupació (Generalitat Valenciana, CIACIF/2022/241) to J.M.A. is gratefully acknowledged. M.G-G. particularly acknowledges the support received from the Spanish Ramón y Cajal Program, grant RYC-2016-19325 funded by MCIN/AEI/10.13039/501100011033 and by "ESF Investing in your future."



Bacterial and fungal microbiome conformation in maize plants under optimal and limited watering

Sandra Díaz-González^{1,2,3*}, Sara González-Bodí¹, Carlos González-Sanz^{1,2}, Patricia Marín³; Frédéric Brunner³ and Soledad Sacristán^{1,2*}

¹Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas (CBGP), Universidad Politécnica de Madrid (UPM)- Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria (INIA) Campus Montegancedo UPM, 28223 Pozuelo de Alarcón, Madrid, Spain; ²Departamento de Biotecnología-Biología Vegetal, Escuela Técnica Superior de Ingeniería Agronómica, Alimentaria y de Biosistemas, Universidad Politécnica de Madrid (UPM), 28040 Madrid, Spain; ³PlantResponse Biotech, S.L. Centro de Empresas, Campus de Montegancedo, 28223 Pozuelo de Alarcón, Madrid, Spain (until 2020).

Plant-associated microorganisms can help crops to alleviate water stress and increase the resilience of agricultural ecosystems to climate change. However, we still lack knowledge on the dynamics of bacterial and fungal microbial kingdoms within the soil and plant microbiomes and the response of these communities to water restrictions. This information is essential for the development of microbiome-based solutions to improve crop resilience to water scarcity and climate change. We have studied the conformation of the bacterial and fungal assemblages of different soil and plant compartments (bulk soil, rhizosphere, roots, leaves and grains) along the crop cycle of maize in an open field trial. Moreover, we analysed the effect of water restriction on the maize microbiome by comparing optimal irrigation with a 30% reduction of water supply. Our results show that microbial communities are highly structured along soil and plant compartments, with contrasting patterns for bacteria and fungi that were intensified towards the end of the plant cycle. Root showed the most differentiated bacterial assemblage while fungi conformed a very distinct community in the leaf, suggesting a relevant contribution of aerial fungal propagules to the microbiome of this plant organ. Despite the reductions in plant growth and yield, the microbiome of limited-watered plants did not show dramatic alterations. Still, significant impacts were observed within compartments, being fungi more responsive to limited watering than bacteria. Network analysis revealed that bacteria and fungi play different roles in the shifts observed under water stress.

S.D.-G was supported by an Industrial Doctorate grant (DI-15-0790) and a Margarita Salas Grant for junior doctors (RD 289/2021), funded by the Spanish Ministry of Science, Innovation and Universities (MCIN) and the European Union – NextGenerationEU. S.G.-B. is supported by grant PTA2021-020636-I, funded by MCIN and the European Social Fund Plus (FSE +). C.G.-S was supported by grant PEJ-2020-AI/BIO-19580 funded by Comunidad de Madrid and is currently supported by grants PRE2022-103983 and CEX2020-000999-S-20-3 funded by MCIN and “ESF Investing in your future”. S.S. and S.D.-G current research is supported by grant PID2021-123697OB-I00 funded by MCIN and “ERDF A way of making Europe”.



Desvelando las azúcares y compuestos ambientales asociados en la dieta nectarívora del mosquito *Culex pipiens*

Balvina Leyva ¹, Marco Brustolin ², Ruth Müller ^{2,4,5}, Felipe Yon ^{1,3}

¹ Instituto de Medicina Tropical Alexander Von Humboldt, Universidad Peruana Cayetano Heredia, Lima, Peru; ² Unit of Entomology, Department of Biomedical Sciences, Institute of Tropical Medicine, Antwerp, Belgium; ³ Departamento de Ciencias Biológicas y Fisiológicas, Facultad de Ciencias e Ingeniería, Universidad Peruana Cayetano Heredia, Lima, Perú; ⁴ Department of Biomedical Sciences, Faculty of Pharmaceutical, Biomedical and Veterinary Sciences, University of Antwerp, Antwerp, Belgium; ⁵ Unit Environmental Toxicology & Medical Entomology, Institute of Occupational, Social and Environmental Medicine, Goethe University, Frankfurt am Main, Germany

Los mosquitos en general son conocidos como una molestia y un riesgo de salud pública por su capacidad vectorial para enfermedades, tal como la especie *Culex pipiens* (Linnaeus, 1758) que está ampliamente distribuida por Europa. Los mosquitos sin embargo buscan fuentes de azúcares en las plantas para satisfacer sus demandas energéticas y fisiológicas. Es así que interactúan con flores al alimentarse de néctar, siendo posibles polinizadores y bioindicadores de polución. El buche es la parte del sistema digestivo del mosquito dedicado al almacenamiento de azúcares. Su disección y análisis metabolómico mediante cromatografía líquida y espectroscopia de masas (LC-MS) nos permite identificar la dieta de azúcares y detectar contaminantes ambientales. Se realizaron perfiles metabolómicos con un HPLC-MS, este método permite mayor precisión cuantitativa e identificación cualitativa de la dieta y contaminantes en los buches de *C. pipiens*. Se analizaron buches de mosquitos de colonia alimentados con glucosa como control y flores comerciales y silvestres, así como con especímenes atrapados en campo en la cercanía de Amberes, para generar perfiles control y comparar con los de campo. Las azúcares obtenidas de los especímenes de campo fueron similares a los de flores en laboratorio con un límite de detección de 10 µg/L para sucrosa, glucosa y fructosa. Adicionalmente del perfil metabolómico se hallaron 2 tipos de aminoácidos, 12 productos naturales y 9 pesticidas, con 4 pesticidas en especímenes de campo y 5 en especímenes alimentados con flores silvestres. Esto evidencia que aparte de la toma de azúcares, otros metabolitos y contaminantes ambientales son tomados del néctar por *C. pipiens*. El conocimiento de interacciones mosquito-planta es escaso, y la frecuente presencia de pesticidas en néctar de flores silvestres puede llevar al desarrollo de resistencia y/o comprometer posibles servicios ecosistémicos de polinización por evasión de flores con ciertos contaminantes con efecto repelente.

Financiado por la DGD bajo el marco de cooperación bilateral FA4 entre Perú y Bélgica.



Foliar application of fungal culture filtrates enhances fruit yield of tomato plants under suboptimal irrigation conditions

Alberto Férrez-Gómez¹, Lidia López-Serrano¹, María Remedios Romero Aranda¹, Rafael Jorge León Morcillo¹, Jesús Leal-López¹, Goizeder Almagro², Edurne Baroja-Fernández², Karel Doležal³, Javier Pozueta-Romero¹

¹ Institute for Mediterranean and Subtropical Horticulture “La Mayora” (IHSM), CSIC-UMA, Campus de Teatinos, Avda. Louis Pasteur, 49, 29010 Málaga, Spain; ² Instituto de Agrobiotecnología (CSIC/Gobierno de Navarra). Iruñako etorbidea 123, 31192 Mutiloabeti, Navarra, Spain; ³Department of Chemical Biology, Faculty of Science, Palacký University and Laboratory of Growth Regulators, Faculty of Science of Palacký University and Institute of Experimental Botany of the Czech Academy of Sciences

One of the major issues of present global concern is the climate change due to rising atmospheric CO₂ concentration, which causes global warming and drought. Drought is by far the leading environmental stress factor in agriculture that limits the global productivity of major crops. Therefore, it is mandatory to establish strategies for a sustainable and eco-friendly agriculture aimed at enhancing crop yield, drought tolerance and water and nutrient use efficiency, while reducing the negative impact of agrochemicals on the environment; potential solutions may be fostered by the use of microbial-based biostimulants (Morcillo et al. 2022). Soil application of cell-free culture filtrates (CFs) of microorganisms promotes growth and enhances the yield of horticultural crops (Baroja-Fernández et al. 2021). The objective of this work was to evaluate the extent to which foliar application of fungal CFs may improve yield of tomato plants subjected to water scarcity, and decipher the mechanisms therein involved. To do it, we characterized the fruit yield and the leaf metabolic responses of tomato plants (cv. Macizo F1) cultured under optimal irrigation conditions and water reduction (60% irrigation of the optimal condition) to foliar application of fungal CFs. In plants subjected to water stress conditions, the CF treatment improved number and commercial fruit yield, and enhanced organic acid content in fruits. This treatment also enhanced the levels of stress-responsive amino acids closely related to the GABA shunt (e.g. aspartate, glutamate, GABA and alanine) some of which are known to protect cell membranes against oxidative damage. Furthermore, it promoted the accumulation of jasmonic acid, salicylic acid and active cytokinins in leaves, and prevented the accumulation of soluble sugars such as glucose and fructose. The overall data strongly indicated that foliar application of fungal CFs enhances fruit yield and drought tolerance through mechanisms involving hormone and sugar signalling and prevention of oxidative stress damage.

This work has been conducted within the frame of a collaborative project between Timac Agro SA and the Consejo Superior de Investigaciones Científicas.



SESIÓN II

Interacciones Beneficiosas Planta-Organismo



A plant's diet is essential for plant communication in the rhizosphere and symbiosis establishment

Javier Lidoy¹, Luis España Luque¹, Marro N¹, Elena Boutazakht¹, Carlos Rial², Andrea Ramos¹, Francisco A. Macías², María J. Pozo¹, Juan A. López Ráez JA¹

¹Group of Mycorrhizas, Department of Soil and Plant Microbiology, Estación Experimental del Zaidín (EEZ-CSIC), Granada (Spain); ²Allelopathy Group, Department of Organic Chemistry, School of Science, University of Cádiz, Cádiz (Spain)

In the current scenario of global climate change, one of the major challenges for modern agriculture is to increase food production while protecting the environment. Crops are continually exposed to different types of stresses, which significantly impact their productivity. Among them, the plant's nutritional status is one of the most critical limiting factors. Phosphorus (P) and nitrogen (N) are essential macronutrients that are integral to plant growth and development, being widely used as chemical fertilizers. Plants optimize P and N uptake through a series of physiological adaptations and through their engagement with beneficial microorganisms present in the rhizosphere, such as arbuscular mycorrhizal (AM) fungi and rhizobacteria. The use of these plant's partners as biostimulants is gaining increasing interest in the agri-food sector due to their potential as biofertilizers and bioprotective agents. However, despite their potential, their implementation in agricultural settings is still challenging because of the variability of results in the production systems. Plant-microbe interaction requires a very precise communication, which is based on the production and exudation into the rhizosphere of secondary metabolites that act as *cry for help* cues. Among these molecular signals, strigolactones and flavonoids play a paramount role. In the present work, we will address the key role of the plant's P and N status in the regulation of the production and exudation of these molecular cues, and their relevance for the proper establishment of AM symbiosis. In addition, the cross-talk between these two important plant biosynthetic pathways will be discussed. This knowledge will help to implement the use of beneficial microorganisms, including AM fungi, as biostimulants and to optimize the use of agrochemicals in modern and sustainable agriculture.

We thank Dr Pablo Ibort (Koppert B.V., The Netherlands) for kindly providing the R. irregularis spores. We also thank the cooperative Hortoventas for the support during the field experiments. This work was supported by grants PY20_00400 from the Consejería de Transformación Económica, Industria, Conocimiento y Universidad (Junta de Andalucía), RTI2018-094350-B-C31 and PID2021-124813OB-C31 from the Spanish National R&D Plan of the Ministry of Science, Innovation and Universities (MICIU), and the European Regional Development Fund (ERDF) 'a way a making Europe'. JL was supported by PhD fellowship BES-2016-077850 and LE-L by fellowship AND21_EEZ_M2_042 from the Garantía Juvenil Andalucía 2021 program.



Regulación transcripcional de la Micorriza Arbuscular por factores de transcripción GRAS

Tania Ho-Plágaro; Jonathan D, Avilés-Cárdenas; María Isabel Tamayo-Navarrete; Nuria Molinero-Rosales; José Manuel García-Garrido

Departamento de Microbiología del Suelo y la Planta, Estación Experimental del Zaidín, Consejo Superior de Investigaciones Científicas, Granada, España

La simbiosis micorriza arbuscular (MA) es una interacción mutualista establecida entre las raíces de las plantas y los hongos micorrízico arbusculares. Esta interacción es altamente beneficiosa para el crecimiento de las plantas y favorece su resistencia a estreses bióticos y abióticos, constituyendo una herramienta potencialmente relevante para aumentar la productividad vegetal mediante prácticas agrícolas sostenibles. La colonización por parte del hongo micorrízico arbuscular requiere que las células de la raíz sufran modificaciones estructurales y funcionales significativas, que van acompañadas de extensos cambios transcripcionales. Resultados recientes han demostrado que los factores de transcripción de la familia GRAS juegan un papel fundamental en la regulación de la compleja reprogramación genética que determina el desarrollo de la micorriza arbuscular, y sugieren que los factores de transcripción GRAS son capaces de interactuar y formar complejos reguladores de la transcripción que controlan las diferentes etapas en la simbiosis MA. En el seno de nuestro grupo hemos investigado la regulación transcripcional del desarrollo MA en las raíces de tomate mediante la búsqueda y caracterización de genes codificantes de factores de transcripción GRAS cuya expresión está regulada durante la micorrización. Nuestras investigaciones en curso y los estudios de caracterización funcional realizados con raíces adventicias transgénicas generadas mediante transformación con *Agrobacterium rhizogenes* muestran el papel esencial que desempeña la red de factores GRAS en la reprogramación transcripcional que sufren las células hospedadoras del tomate durante la micorrización. En particular, los resultados obtenidos ponen de manifiesto la relevancia de los factores de transcripción GRAS en los cambios morfológicos y de desarrollo requeridos para la formación y el reciclaje de los arbusculos, estructuras fúngicas donde ocurre el transporte bidireccional de nutrientes entre el hongo y la planta.

Este trabajo ha sido financiado por MCIN/AEI (ayudas AGL2017-83871-P y PID2020-115336GB-I00), la Unión Europea ("ERDF A way of making Europe") y el Plan Andaluz de Investigación, Desarrollo e Innovación (PAIDI 2020). Además, Tania Ho-Plágaro ha sido financiada por parte de la Junta de Andalucía mediante la beca postdoctoral POSTDOC_21_00398.



Descifrando los eventos de señalización temprana durante la Resistencia Inducida por Micorrizas (MIR)

María Manresa-Grao¹, Julia Pastor-Fernandez², Paloma Sánchez-Bel¹, Víctor Flors¹,
María Jose Pozo³, Victoria Pastor¹

¹Plant Immunity and biochemistry Laboratory, Biology, Biochemistry and Natural Sciences. Unidad Asociada al Consejo Superior de Investigaciones Científicas, Universitat Jaume I, Castelló, Spain;

²Department of Biology, The University of Western Ontario, London, Ontario N6A 5B8, Canada;

³Department of Soil Microbiology and Symbiotic Systems, Estación Experimental del Zaidín (CSIC), Granada, Spain

La simbiosis con microorganismos benéficos como los hongos micorrízicos arbusculares, desencadena respuestas de defensa que reducen los daños producidos por patógenos necrótrofos como *Botrytis cinerea*, este fenómeno se conoce como Resistencia Inducida por Micorrizas (MIR). La resistencia MIR contra este patógeno está mediada por respuestas dependientes de JA (ácido jasmónico). En los últimos años hemos avanzado mucho en el conocimiento de los mecanismos que subyacen MIR tanto a nivel local, como a nivel sistémico. Hemos encontrado que hay rutas específicas como las de los ligandos y fenilpropanoides que actúan en sinergia con el JA y con la acumulación de defensas estructurales como la calosa, por tanto las respuestas inducidas durante MIR son multicomponentes. Sin embargo, el conocimiento de los primeros eventos que permiten un rápido reconocimiento del patógeno en plantas micorrizadas, y que estimulan respuestas más rápidas a la infección es poco conocido. En este estudio hemos podido identificar que un aumento en la percepción de la hormona peptídica sistemina, podría mediar respuestas de señalización más rápidas mediante la estimulación de cascadas de quinasas. Por un lado hemos comprobado que la funcionalidad del receptor SYR1 y el correceptor PORK1 son esenciales para la expresión de MIR. Igualmente, mediante tratamientos exógenos, hemos podido confirmar que hay un solape casi del 60% de las proteínas inducidas durante las primeras horas tras la infección en plantas inducidas por Systemina y MIR. Esto es indicativo de la relevancia de la sistemina en la regulación de la resistencia inducida por micorrizas. En este trabajo hemos identificado los elementos que actúan en MIR durante los primeros eventos tras la infección por *B. cinerea*.

Parte de los estudios presentados en este trabajo se han llevado gracias a la ayuda prestada por los servicios centrales de instrumentación de la Universitat Jaume I. Agradecemos la financiación del MICIU (RTI2018-094350-B-C33/ PID2021-124813OB-C32 funded by MCIN/AEI/10.13039/501100011033 y de los fondos FEDER, un modo de hacer Europa así como el contrato predoctoral de MMG PRE2019-088662.



Synergistic effects of *Amanita stranella* and *Suillus decipiens* inoculation on morphological features and phenolic compounds of *Pinus pseudostrobus* var. *coatepecensis*, a narrow endemic Mexican variety

Yajaira Baeza-Guzmán¹, Dora Trejo Aguilar², Noé Manuel Montaña³, Sara Lucía Camargo-Ricalde³

¹Doctorado en Ciencias Biológicas y de la Salud, Universidad Autónoma Metropolitana, 09310, Mexico City, Mexico; ²Facultad de Ciencias Agrícolas, Universidad Veracruzana. Circuito Gonzalo Aguirre Beltrán s/n, Zona Universitaria, 91090, Xalapa, Veracruz, Mexico; ³Departamento de Biología, División de Ciencias Biológicas y de la Salud, Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Iztapalapa, Mexico City, 09310, Mexico.

El presente estudio evaluó el efecto de un inóculo compuesto por *Amanita stranella* y *Suillus decipiens* en características morfológicas y compuestos fenólicos totales en plántulas de *Pinus pseudostrobus* var. *coatepecensis*, una variedad mexicana endémica y de distribución limitada. Se emplearon cuatro tratamientos: (1) *A. stranella*; (2) *S. decipiens*; (3) inóculo combinado; y (4) control, utilizando un diseño completamente aleatorizado con 12 plántulas por tratamiento. Las descripciones de los morfotipos de ambos hongos facilitaron significativamente su identificación en el campo. Los resultados mostraron diferencias significativas en el crecimiento de las plantas entre los grupos de tratamiento. Las plántulas tratadas con el tratamiento combinado exhibieron aumentos notables en altura, superando a los tratamientos de *A. stranella*, *S. decipiens* y al grupo de control en un 21.81%, 28.83% y 59%, respectivamente. Además, el diámetro del cuello de la raíz en el grupo de tratamiento combinado midió 2.53 cm, en contraste con el grupo de control, que midió 1.05 cm. Además, la relación altura del brote/longitud de la raíz y el índice de Dickson fueron ambos cercanos a 1 en el tratamiento combinado, lo que sugiere un sistema radicular bien desarrollado en relación con la parte aérea de la planta. El porcentaje de colonización de raíces ectomicorrízicas no mostró diferencias significativas entre los tratamientos inoculados. Además, el tratamiento combinado aumentó significativamente el contenido fenólico total en las plantas (39,2 mg GAE g⁻¹). Por lo que, se recomienda la inoculación combinada de plántulas de *P. pseudostrobus* var. *coatepecensis* con *A. stranella* y *S. decipiens* durante la etapa de vivero para prácticas de reforestación.

Los autores agradecen a la Universidad Autónoma Metropolitana (UAM) y al Laboratorio de Organismos Benéficos de la Universidad Veracruzana por proporcionar el equipo para llevar a cabo el experimento.



Improvement of symbiotic abilities in Pea plants by the saprophytic fungus *Corioloopsis rigida* under herbicides spraying.

Miguel López-Gómez^{1,3}, Inmaculada García-Romera², Alain Valzano-Held³, Marcell G.A. van der Heijden^{3,4}

¹Departamento de Fisiología Vegetal, Facultad de Ciencias, Universidad de Granada, Spain; ²Departamento de Microbiología del Suelo, Estación Experimental del Zaidín, CSIC, Granada, Spain; ³Plant–Soil Interactions, Department of Agroecology and Environment, Agroscope, Zurich, Switzerland; ⁴Department of Plant and Microbial Biology, University of Zürich, Zurich, Switzerland

Continuous use of herbicides is responsible for the alteration of the microbial community, and this can lead to the disruption of beneficial interactions between plants and rhizospheric microbes in agricultural soils. These beneficial interactions promote the accessibility of plants to nutrients contributing to plant nutrition and soil fertility. Legumes have the capacity to engage in two different symbioses: the specific legume-rhizobia interaction, in which nitrogen fixing bacteria are hosted in root nodules where they fix atmospheric nitrogen, and the nonspecific legume-arbuscular mycorrhizal fungi (AMF) symbiosis. Among other beneficial effects, both symbioses contribute to increase legumes productivity and soil fertility.

The high persistence of some herbicides in the soil is responsible for their negative effects on legume symbiotic capabilities, that directly reduce legume yield and soil fertility. Therefore, bioremediation based on the metabolic potential of some saprophytic fungi to degrade organic pollutants, could be one of the most effective strategies to restore the symbiotic abilities of legumes and the soil fertility. Therefore, in this work we have tested the capacity of the saprophytic fungi *Corioloopsis rigida* to improve the nodulation and nitrogen fixation, as well as the AMF root colonization, of pea plants sprayed with three different herbicides. We found that *C. rigida* promoted pea plants biomass, independently of the herbicide treatments, and that this fungus reduced the concentration of the herbicide pendimethalin in the soil, with the concomitant alleviation of its negative effect on the symbiotic abilities and in the plant growth.

Acknowledgements: Project B-AGR-152-UGR20 (Proyectos I+D+i del Programa Operativo FEDER 2020), Junta de Andalucía and Fondos Next Generation, EU.



How nutrition affects arbuscular mycorrhizal symbiosis establishment and mycorrhiza induced resistance

Luis España-Luque, Javier Lidoy, Zhivko Minchev, Andrea Ramos, Elena A. Boutazakht, Lena Nesterenko, María J. Pozo and Juan A. López-Ráez.

Dpto. Micorrizas, Estación Experimental del Zaidín, CSIC, Granada

Nutrition is key for life, including plants, which mainly rely on inorganic elements to be able to synthesize their vital compounds [1]. Nutrition affects every aspect of plant performance, including defence responses and interaction with soil beneficial microorganisms such as arbuscular mycorrhizal (AM) fungi. AM symbiosis provides many benefits to the host plants, from enhanced water and nutrient (mainly P and N) acquisition to improved resistance to diverse pathogens and chewing insects, a phenomenon known as Mycorrhiza Induced Resistance (MIR). Thus, understanding how plants respond to P and N deficiency is essential to implement the use of AM fungi as biofertilizers and bioprotection agents in modern agriculture, and reduce the use of agrochemicals. *Tuta absoluta* is a leaf-miner insect being a major threat to tomato production nowadays [2,3]. Our aim is to understand how nutrition modulates plant defence responses in tomato and how it affects AM symbiosis establishment and MIR against *T. absoluta*. We have performed experiments growing tomato plants under different nutritional (P and N) regimes, exploring their impact on multiple physiological parameters and defensive traits, such as plant growth, photosynthesis efficiency, type VI glandular trichome density and the performance of *Tuta absoluta* when feeding on those plants. Our results show that both nutrients affect plant responses and that plants prioritize N over P status. Although nutrient deficiency negatively impacts plant performance, nutrient deficiency seems to alter plant defence responses against the pest *T. absoluta*. Ongoing experiments aim to compare the effects of altered nutrition regimes on the symbiosis with different AM fungi (*R. irregularis* and *F. mosseae*) and their impact on the dynamics of the plant responses to *T. absoluta* and on MIR.

[1] Oldroyd, G. E., & Leyser, O. (2020). A plant's diet, surviving in a variable nutrient environment. *Science*, 368(6486), eaba0196. [2] Sanchez-Bel, P., Troncho, P., Gamir, J., Pozo, M. J., Camañes, G., Cerezo, M., & Flors, V. (2016). The nitrogen availability interferes with mycorrhiza-induced resistance against *Botrytis cinerea* in tomato. *Frontiers in Microbiology*, 7, 1598. [3] Dejana, L. (2023). Signaling in induced resistance by arbuscular mycorrhizal fungi against insect pests in tomato. [4] Pozo, M. J., & Azcón-Aguilar, C. (2007). Unraveling mycorrhiza-induced resistance. *Current opinion in plant biology*, 10(4), 393-398.

This work is supported by grant RTI2018-094350-B-C31 (Contract code: PRE2022-101546) from the Spanish National R&D Plan of the Ministry of Science, Innovation and Universities (MICIU).



Iron regulates arbuscular mycorrhizal development and function

Javier Lidoy, Víctor López-Lorca, Olga López-Castillo, Clara de Moya, María J. Pozo,
Concepción Azcón-Aguilar, Nuria Ferrol

Department of Soil and Plant Microbiology, Estación Experimental del Zaidín, CSIC, Granada, Spain

Iron (Fe) is an essential micronutrient for the correct development and survival of all organisms and influences the outcome of many cross-kingdom interactions. Despite being abundant in most soils, it is poorly available to plants. To cope with Fe deficiency, plants have evolved a suite of adaptive strategies aimed at increasing its acquisition. A widespread strategy engaged by plants to overcome nutrient deficiencies is the establishment of a mutualistic symbiotic interaction, referred to as arbuscular mycorrhiza (AM), with certain soil-borne fungi belonging to the subphylum Glomeromycotina within the phylum Mucoromycota. Arbuscular mycorrhizal fungi are obligate biotrophs that colonize the root cortex and develop an external mycelium that overgrows the rhizosphere. This hyphal network represents, therefore, an adaptation strategy to increase the supply of mineral nutrients to the plant. Additionally, AM symbiosis enhances tolerance to pathogens by priming the plant's immune system, a phenomenon known as mycorrhiza-induced resistance (MIR). The aim of this work was to analyze the effect of AM on Fe homeostasis and the impact of Fe deficiency on AM establishment and function. Using the *Solanum lycopersicum*-*Rhizophagus irregularis* mycorrhizal system, we observed a decrease in the translocation of Fe from roots to shoots in mycorrhizal plants. This suggests that the AM fungus *R. irregularis* acts as an iron sink. Iron deficiency resulted in a reduction in AM colonization and symbiotic phosphate transport. Furthermore, Fe deficiency increased plant tolerance to *Botrytis cinerea* infection. We are currently analyzing the impact of Fe nutrition on MIR to *B. cinerea*. The significance of Fe homeostasis in AM is being confirmed by using the Fe-inefficient mutants *fer* and *chloronerva* of tomato.

This work was supported by grant PID2021-1255210B-I00 funded by MCIN/AEI/10.13039/501100011033 and by "ERDF A way of making Europe", by the "European Union".



La simbiosis micorrícica arbuscular en plantas exóticas invasoras es más intensa que en las no invasoras pero no brinda mayores beneficios

Magali Burni¹, Valentina Borda¹, Silvana Longo^{1, 2}, Luciana B. Arnold², Tomás Mansur², Carlos Urcelay^{1, 2}

¹Instituto Multidisciplinario de Biología Vegetal (IMBIV, UNC - CONICET) – Argentina; ²Facultad de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales - Universidad Nacional de Córdoba (FCEFN - UNC) - Argentina

Uno de los desafíos clave en ecología de invasiones es comprender por qué ciertas especies se convierten en invasoras en ecosistemas foráneos mientras que otras no. En este estudio, evaluamos la hipótesis del "mutualismo mejorado", que sugiere que las plantas exóticas invasoras se benefician más de los mutualismos con organismos de ecosistemas foráneos que las no invasoras. Centrándonos en la simbiosis con hongos micorrícicos arbusculares (HMA), realizamos un experimento en invernadero con plantines de 6 especies leñosas exóticas invasoras y 6 no invasoras del centro de Argentina mediante un diseño filogenéticamente balanceado. Aplicamos tres tratamientos a las macetas: suelo estéril, suelo con microorganismos sin HMA y suelo con microorganismos incluyendo HMA, con 8 réplicas por tratamiento por especie. Tras 90 días, cosechamos las plantas y encontramos que las invasoras mostraron una colonización micorrícica significativamente más alta que las no invasoras, respaldando la hipótesis del mutualismo mejorado. Sin embargo, los HMA no mejoraron el crecimiento (biomasa) de las invasoras pero perjudicaron a las no invasoras. En contraste, los HMA aumentaron el contenido de fósforo (P) en ambas, invasoras y no invasoras. En conjunto los resultados sugieren que las invasoras establecen una asociación más intensa con los HMA, reflejado en una mayor colonización micorrícica, y esto se traduce en ventajas sobre el contenido de fósforo pero no en crecimiento. Paralelamente, la simbiosis micorrícica, aunque menos intensa, también incrementó el contenido de P en las no invasoras pero representa una desventaja en términos de crecimiento, por lo tanto, quizá sea uno de los factores por los cuales estas exóticas no tienen éxito al invadir ecosistemas foráneos.

La financiación para este trabajo fue provista por la Secretaría de Ciencia y Tecnología - Universidad Nacional de Córdoba, Ministerio de Ciencia de la Provincia de Córdoba (Argentina) y Fondo para la Investigación Científica y Tecnológica (FONCyT).



¿Complementariedad o redundancia funcional en hongos micorrícicos arbusculares? Una revisión meta-analítica

Gabriel Grilli¹, Nicolás Marro^{1,2}, Magali Burni¹, Silvana Longo¹, Valentina Borda¹, Noelia Cofré¹, Florencia Soteris¹, Milena Caccia¹, Carlos Urcelay¹

¹ Instituto Multidisciplinario de Biología Vegetal – CONICET, FCEyN - UNC, Córdoba, Argentina; ² Institute of Botany, Czech Academy of Sciences, Zámek 1, Průhonice, 252 43, Czech Republic

Los hongos micorrícicos arbusculares (HMA) exhiben caracteres conservados que podrían asociarse a una diversidad funcional en las raíces de las plantas. En este sentido, se ha sugerido que los grupos filogenéticos (taxonómicos) de HMA que difieren por ejemplo en caracteres morfológicos o de desarrollo, presentan una complementariedad funcional. En cambio, dentro cada grupo las especies serían funcionalmente redundantes. Aunque existen evidencias dispersas sobre el funcionamiento de las especies o grupos taxonómicos de HMA en la literatura científica, aún falta una síntesis cuantitativa que integre la información disponible sobre los efectos de la asociación con una o más especies de HMA sobre el crecimiento de las plantas en situaciones normales y bajo estrés. Por lo tanto, en este estudio se plantearon los siguientes interrogantes para ser abordados mediante un meta-análisis: i) ¿Cuál es el efecto de la adición de especies de HMA sobre el crecimiento y nutrición de sus hospedadores?; ii) ¿Se observa redundancia funcional dentro de un mismo grupo taxonómico?; y iii) ¿Existe complementariedad funcional entre grupos taxonómicos?. En general, el crecimiento y la nutrición fue mayor en plantas que se asociaron a más de una especie de HMA. El crecimiento de los hospedadores no presentó diferencias cuando se asoció a una o a varias especies de HMA dentro de un mismo grupo taxonómico (Glomerales). Sin embargo, en algunas ocasiones, el crecimiento y nutrición de los hospedadores fue mayor cuando fueron inoculados con especies de HMA pertenecientes a dos o más grupos taxonómicos tanto en condiciones normales como bajo estrés. Los resultados indican que el número de especies es relevante para la simbiosis, existe redundancia funcional dentro de grupos taxonómicos y cierta complementariedad funcional entre especies pertenecientes a distintos grupos taxonómicos, pero depende de la combinación e identidad de grupos involucrados.

Los autores agradecen a CONICET y la UNC, el presente trabajo se financió con FONCyT 3376 y aportes del Ministerio de Ciencia y Técnica.



Hongos micorrízicos arbusculares y actividad microbiana en jales de mina: Potencial para promover el crecimiento de plantas bajo condiciones de estrés

Elizabeth Hernández-Acosta¹, Dora Trejo-Aguilar D², Yajaira Baeza-Guzmán²

¹Universidad Autónoma Chapingo. Departamento de Suelos, Carretera Federal México-Texcoco Km 38.5, C.P. 56230 Texcoco, Estado de México. México; ²Universidad Veracruzana, Facultad de ciencias Agrícolas Circuito Universitario Gonzalo Aguirre Beltrán Sn, 91000 Xalapa de Enríquez, Veracruz de Ignacio de la Llave

Las actividades mineras liberan al medio ambiente cantidades considerables de elementos tóxicos, que persisten durante largos periodos de tiempo, por lo que su remediación es necesaria para la salud humana. La aplicación de cobertura vegetal se utilizada para revertir los efectos derivados de la dispersión y escorrentía de partículas en los jales de mina. La simbiosis micorrízica arbuscular mejora la resistencia de las plantas al estrés biótico y abiótico, y ayuda en la adsorción de nutrientes bajo estrés por metales pesados. El presente estudio pretende determinar las plantas micotróficas establecidas, su relación con la actividad microbiana y con las características fisicoquímicas de los residuos de mina. Se realizó una caracterización física, química y vegetal, se evaluó el porcentaje de colonización micorrízica, la actividad microbiana y las concentraciones de plomo, cadmio, níquel y zinc. Se identificaron once especies, pertenecientes a nueve familias (cuatro arbustos, tres árboles, tres herbáceas y un cactus). Los residuos de mina tenían pH neutro, contenido muy bajo de materia orgánica, contenido medio de nitrógeno, alto contenido de fósforo y potasio, baja disponibilidad de calcio y disponibilidad media de magnesio. Los porcentajes de colonización oscilaron entre el 11 y el 91%, y los valores de actividad microbiana entre 6 y 42 μg de p-nitrofenol g^{-1} de suelo seco. Se obtuvieron concentraciones de 10,63 mg kg^{-1} de plomo, 0,58 mg kg^{-1} de cadmio, 0,20 mg kg^{-1} de níquel y 36,21 mg kg^{-1} de zinc. Los datos obtenidos mostraron que las plantas están colonizadas por hongos micorrízicos arbusculares y presentan una actividad microbiana que podría permitirles tolerar las condiciones de estrés presentes en los jales mineros. Estos resultados resaltan la importancia de abordar la revegetación de los jales de una manera integral, considerando múltiples factores para lograr resultados efectivos y sostenibles.

Los autores agradecen el financiamiento a la Universidad Autónoma Chapingo, a través de la Dirección General de Investigación y Posgrado y el Departamento de Enseñanza, Investigación y Servicio en Suelos.



Efectividad de los hongos micorrízicos arbusculares introducidos y nativos en seis leguminosas coberteras

Dora Trejo¹, Elizabeth Hernández-Acosta², Yajaira Baeza-Guzmán¹, Jacob Bañuelos¹

¹Facultad de Ciencias Agrícolas, Universidad Veracruzana. Circuito Gonzalo Aguirre Beltrán s/n, Zona Universitaria, C.P. 91090, Xalapa, Veracruz, México; ²Departamento de Suelos, Universidad Autónoma Chapingo. Carretera Federal México-Texcoco Km 38.5, C.P. 56230, Texcoco, Estado de México, México

La inoculación micorrízica en plantas coberteras incrementa la obtención de nutrientes y el establecimiento de otros microorganismos simbioses, como las bacterias fijadoras de nitrógeno. La competencia en el suelo con otros microorganismos afecta la eficiencia de la inoculación micorrízica. La respuesta de la planta a la introducción de inóculos externos es diferente a la de micorrizas nativas. El presente trabajo tuvo como objetivo: comparar la eficiencia entre un inoculante introducido y un nativo en el crecimiento de seis coberteras, su influencia en el establecimiento de bacterias fijadoras de nitrógeno y el efecto de la microbiota nativa. La metodología consistió en sembrar seis especies de coberteras en suelo estéril y no esterilizado, que fueron inoculadas con hongos micorrízicos introducidos y nativos; las variables de crecimiento se evaluaron 60 días después de la siembra. Como resultado se observó que: la inoculación de hongos introducidos incrementó los valores de todas las variables de crecimiento y número de nódulos en suelo esterilizado, mostrando una relación entre el peso de nódulos y el porcentaje de colonización micorrízica, así como un efecto supresivo por acción de la comunidad microbiana nativa. En conclusión, el uso de inoculantes micorrízicos introducidos mostró ventaja sobre las especies nativas.



Avances en el estudio del papel del etileno y su biosíntesis en la simbiosis leguminosa-rizobio

German O. Gómez-Fernández¹, María Isabel Rubia¹, Robin van Velzen², Raúl Huertas³, Michael K. Udvardi⁴, Jeong-Hwan Mun⁵, Douglas R. Cook⁶, Wouter Kohlen⁷, Estíbaliz Larrainzar¹

¹Institute for Multidisciplinary Research in Applied Biology (IMAB), Universidad Pública de Navarra (UPNA), Campus de Arrosadía, Pamplona, E-31006 España; ²Biosystematics Group, Wageningen University and Research Center, Wageningen, 6708 PB Países Bajos; ³The James Hutton Institute, Dundee, Reino Unido; ⁴Queensland Alliance for Agriculture and Food Innovation, Universidad de Queensland, St. Lucia, QLD, Australia; ⁵Department of Bioscience and Bioinformatics, Universidad Myongji, Yongin, 17058, Korea; ⁶Department of Plant Pathology, Universidad de California, Davis 95616, CA USA; ⁷Laboratory of Cell and Developmental Biology, Department of Plant Sciences, Wageningen University and Research, 6708 PB Wageningen

El etileno es una hormona vegetal que juega un papel regulador en muchos procesos fisiológicos en plantas. En concreto, se ha descrito como inhibidor de la simbiosis que se establece entre leguminosas y bacterias del género *Rhizobium*. Esta hormona se produce mediante la transformación de la S-adenosil-L-metionina por acción de 1-amino- ciclopropano 1-carboxilato sintasas (ACS) y oxidasas (ACO). En plantas modelo como *Arabidopsis thaliana*, se ha encontrado que estas enzimas pertenecen a familias génicas relativamente pequeñas con patrones de expresión distintos dependiendo del tejido. No obstante, en la leguminosa modelo *Medicago truncatula* los genes que componen estas familias no han sido descritos en detalle. De hecho, anotaciones automáticas del genoma de *Medicago* y discrepancias en su nomenclatura obstaculizan el avance de la investigación en torno a su participación específica en diversos procesos biológicos, incluyendo el de nodulación. Este trabajo de investigación aborda las inconsistencias en la clasificación de las ACS y ACO en *M. truncatula* mediante un análisis *in silico*, depurando anotaciones incorrectas y proponiendo una nomenclatura unificada. Adicionalmente, realizamos un análisis filogenético y recopilamos los perfiles de expresión de estos genes poniendo énfasis en las primeras etapas de la simbiosis. Nuestro estudio proporciona una base para investigaciones futuras que nos permitan analizar la contribución específica de estas enzimas en la biosíntesis de etileno en leguminosas y su participación en la simbiosis fijadora de nitrógeno.

Agradecimientos: Proyecto MCIN/AEI/10.13039/501100011033, "FEDER Una manera de hacer Europa" y "Unión Europea NextGenerationEU/PRTR". EL es una investigadora Ramón y Cajal (RYC2018-023867-I). GOG disfruta de una ayuda predoctoral de la Universidad Pública de Navarra-RyC.



Deciphering the molecular mechanisms in the interaction of the beneficial fungal endophyte *Colletotrichum tofieldiae* with maize

Carlos González-Sanz^{1,2}, Sara González-Bodi^{1,2}, Sandra Díaz-González¹, Eric Torres^{1,2},
Victor Flors³, Soledad Sacristán^{1,2}

¹Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas (UPM-INIA/CSIC), Madrid, Spain; ²Dpto. Biotecnología-Biología Vegetal, Escuela Técnica Superior de Ingeniería Agronómica, Alimentaria y de Biosistemas, Universidad Politécnica de Madrid (UPM) Madrid, Spain; ³Plant Immunity and Biochemistry Lab. Associated Unit Estación Experimental del Zaidín-CISIC-Universitat Jaume I.

Fungal endophytes (FEs) are a diverse group of fungi that colonize internal plant tissues without causing disease symptoms. Many FEs are beneficial to the plant, with functions such as plant growth promotion or the increase of plant tolerance to biotic and abiotic stresses. However, there is a great lack of studies that explain how do FEs really interact with the plant. *Colletotrichum tofieldiae* (Ct) is a FE that was isolated from a wild population of *Arabidopsis thaliana* (dicot Brassicaceae). Ct colonizes the root of *Arabidopsis* and transfers phosphorus to the plant, increasing plant biomass and yield under phosphate (Pi)-deficient conditions. This beneficial interaction is dependent on the presence in the plant of indole-glucosinolates (IGs), defense related indole-derived compounds of *Brassicaceae* that are not present in other plant species.

We have shown recently that Ct is able to colonize and promote growth of maize (monocot, Poaceae) under optimal Pi conditions. To unravel the molecular mechanisms involved in the interaction of Ct with this host, we have analyzed the transcriptome of both plant and fungus in roots and leaves of maize seedlings at different times post inoculation. Our results have revealed the role of Benzoxazinoids (BXDs), plant defense indole-derived metabolites typical of Poaceae, in the interaction of Ct with maize. These results suggest that the interaction of Ct with distant related hosts may follow analogue patterns that depend on the regulation of indole derived secondary metabolites involved in plant defense.

Research is supported by PID2021-123697OB-I00 grant by MCIN/AEI/10.13039/501100011033/ and "ERDF A way of making Europe" to S.S., C.G.-S was supported by grant PEJ-2020-AI/BIO-19580 funded by Comunidad de Madrid and the European Social Fund Plus (FSE +) and is currently supported by grants PRE2022-103983 and CEX2020-000999-S-20-3 funded by MCIN/AEI/10.13039/501100011033 and "ESF Investing in your future". S.G.-B. was supported by grant PTA2021-020636-I, funded by the Spanish Ministry of Science, Innovation and Universities (MCIN/AEI/ 10.13039/501100011033) and the European Social Fund Plus (FSE +).



Deciphering the mechanisms underlying *Arabidopsis* growth promotion mediated by the *Sinorhizobium meliloti* volatilome

María J. Soto¹, Lydia M. Bernabéu-Roda¹, Eliana Molina-Moya¹, Lidia Martín-Solana¹, José M. López-Ramos¹, Virginia Cuéllar¹, Laura C. Terrón-Camero², Eduardo Andrés-León², Javier Pozueta-Romero³, María C. Romero-Puertas¹.

¹Estación Experimental del Zaidín, CSIC, Granada, Spain; ²Instituto de Parasitología y Biomedicina “López-Neyra”, CSIC, Granada, Spain; ³Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea “La Mayora”, UMA-CSIC, Málaga, Spain

Sinorhizobium meliloti (Sm) is a soil-dwelling bacterium known for its ability to establish nitrogen-fixing root nodule symbiosis with legumes. During the study of Sm life on surfaces, we found that this rhizobacterium releases several volatile compounds with interesting biological activities, which could extend the beneficial effects of Sm beyond leguminous plants (Soto et al. 2021). The volatile blend or volatilome emitted by Sm shows phytostimulatory effects on the model plant *Arabidopsis thaliana*, inducing significant increases in shoot and root biomass and promoting the formation of lateral roots. *Arabidopsis* plants exposed to the Sm volatilome exhibit an increase in chlorophyll content and some plant iron-deficiency responses in roots such as rhizosphere acidification and activation of the high-affinity iron transporter IRT1. However, the behaviour of two mutant lines defective in IRT1 demonstrate that an enhanced iron-acquisition capacity of the root system is not responsible for the Sm volatilome-mediated phytostimulatory effect. The transcriptome profile of *Arabidopsis* seedlings in response to rhizobial volatiles has been determined by RNA-Seq. Results obtained in the genome-wide transcriptional analyses together with the behaviour of iron-related genes and plant mutant lines altered in iron homeostasis, suggest that the molecular mechanisms underlying the plant growth-promoting effect of Sm volatiles are different from those described for the phytostimulatory effect of other microorganism volatiles.

Soto et al. 2021. Front Plant Sci 12: 698912; doi: 10.3389/fpls.2021.698912.

Funded by MCIN/AEI/ 10.13039/501100011033 and by “ERDF A way of making Europe” (grants PGC2018-096477-B-I00 and PID2021-123540NB-I00) and by Junta de Andalucía (PAIDI 2020, grant P20_00225).



RAPID ALKALINIZATION FACTOR 22 is a key modulator of the root hair growth responses to fungal ethylene emissions in Arabidopsis

Jesús Leal-López¹, Rafael Jorge León Morcillo¹, Alberto Férez-Gómez¹, Lidia López-Serrano¹, Edurne Baroja-Fernández², Samuel Gámez-Arcas³, Germán Tortosa⁴, Verónica G. Doblas¹, Laura Frías-España¹, María Dolores García-Pedrajas¹, Jorge Sarmiento-Villamil¹ and Javier Pozueta-Romero¹

¹Institute for Mediterranean and Subtropical Horticulture “La Mayora” (IHSM), CSIC-UMA, Campus de Teatinos, Avda. Louis Pasteur, 49, 29010 Málaga, Spain; ²Instituto de Agrobiotecnología (IdAB), CSIC-Gobierno de Navarra. Iruñako etorbidea 123, 31192 Mutiloabeti, Nafarroa, Spain; ³Instituto de Bioquímica Vegetal y Fotosíntesis, Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC)-Universidad de Sevilla, Sevilla, Spain; ⁴Department of Soil and Plant Microbiology, Estación Experimental del Zaidín (EEZ-CSIC), Profesor Albareda, 1, 18008 Granada, Spain

In nature, plants and microorganisms communicate with each other by exchanging different signaling compounds including hormones, peptides, sugars, etc. Microorganisms also emit volatile compounds (VCs), some of which have biostimulating properties. In *Arabidopsis*, VCs from the fungal phytopathogen *Penicillium aurantiogriseum* promote growth, photosynthesis and root hair (RH) proliferation and hyper-elongation through mechanisms involving ethylene, auxin and photosynthesis signaling. A striking alteration in the proteome of roots of fungal VC-treated plants involves strong up-regulation of RALF22 (García-Gómez et al. 2020). To test the possible involvement of the RALF22 in the fungal VC-promoted RH changes, we characterized the RH responses of *ralf22* and *fer-4* plants impaired in RALF22 and its receptor FERONIA to VCs emitted by *P. aurantiogriseum*. We found that these plants were unresponsive in terms of VC-promoted RH elongation and proliferation. Unlike in WT roots, fungal VCs did not enhance the transcript levels of *RALF22* in roots of *fer-4* and ethylene- and auxin-insensitive mutants, and those of RH-related, ethylene-responsive genes (e.g. *RSL4*, *RHD2*, *PRX1* and *PRX44*) in *ralf22* and *fer-4* roots. Moreover, *cfbp1* plants, defective in photosynthetic responsiveness to VCs, exhibited weak *RALF22* expression and RH growth responses to fungal VCs. Finally, we identified ethylene as the bioactive fungal VC, as VCs of Δ *efeA* strains of *P. aurantiogriseum* cultures impaired in ethylene synthesis weakly promoted RH proliferation and elongation in exposed plants. Collectively, our results demonstrate that RALF22-FERONIA complex is a key determinant of the ethylene, auxin and photosynthesis signaling-mediated RH response to fungal ethylene emissions.

Acknowledgments and funding: Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades (MCIU) and Agencia Estatal de Investigación (AEI) / 10.13039/50110001103/ (grants PID2019-104685GB-I00 and PID2022-137292NB-I00). J L-L acknowledges MCIN for a pre-doctoral fellowship.



De tal palo tal astilla: Microbiota de semillas

Tatiana Gil, Inês Romão, João Barnabé, Daniel Silva, João Silva, Juan Ignacio Vílchez

Instituto de Tecnologia Química e Biológica (ITQB)-NOVA, iPlantMicro Lab. Oeiras, Lisboa, Portugal

La microbiología de semillas es un campo emergente por su potencial uso biotecnológico y sus implicaciones biológicas. Sin embargo, la variabilidad del sistema, así como la falta de metodologías consolidadas, hacen que sea un campo relativamente complejo de trabajar. Sin embargo, recientemente se han comenzado a reportar metodologías y resultados muy interesantes, y es que la presencia de determinados microorganismos podría elucidar relaciones más complejas de las que se esperaban. Si bien parece que la mayor carga microbiana en semillas provendría del ambiente (transferencia horizontal), siendo por tanto inespecífica, la evaluación de microbiota seleccionada por la línea parental (transferencia vertical) puede resolver muchos interrogantes y poner en valor procesos de coevolución y adaptación al ambiente a nivel transgeneracional. En nuestros estudios ponemos en contexto esta perspectiva comparando variedades salvajes, locales y comerciales, así como haciendo uso de análisis fisiológicos y genéticos contextualizados con el ambiente para discernir las pistas que nos ayuden a entender los mecanismos implicados. Algunos de estos estudios han establecido conexiones con la adaptación a ambientes agrestes o los efectos de la selección dirigida, así como han resultado en una elección de cepas más eficientes para su uso como biotratamientos ajustados. Como ejemplos más avanzados, venimos a destacar tres casos: i) la evaluación de la microbiota en leguminosas adaptadas a ambientes desérticos; ii) el uso de microbiota de semillas de maíz para mejorar la resistencia a sequía; iii) y la recuperación de microbiota asociada a variedades locales no presentes en judías comerciales actuales para su uso como biotratamientos.

Queremos agradecer a nuestros colaboradores Dr. Mallor del CITA Aragón, Dr. Egea del CEBAS-CSIC, Dr Abbo del Hebrew University of Jerusalem y Dr. Oliveira de la Universidade do Algarve, por suministrarnos las variedades ensayadas y su apoyo en esta investigación. Así mismo, agradecer a la unidad de investigación GREEN-IT por su apoyo y colaboración.



Sustainable strategies to improve crop resistance against pathogens through the use of fungal culture filtrate as effective biostimulants

Abdellatif Bahaji Nazih¹, Edurne Baroja-Fernández¹, Francisco José Muñoz¹, Ángela-María Sánchez-López¹, Luis María Larraya Reta², María Inmaculada Farran Blanch², Alicia Fernández-San Millán²

¹IdAB-CSIC, Mutilva, Spain; ²Universidad Publica de Navarra UPNA-IMAB, Pamplona, Spain

The effects of climate change favour the spread of increasingly destructive pathogens that threaten the survival of crops of agronomic interest. Currently, chemicals are being used to control these pathogens and improve crop yields and productivity. However, it has been seen that these products, in the long term, deteriorate the environment and can produce detrimental effects on human health. This situation poses a growing threat to food security and the global challenge in the coming years will be to ensure food security in a sustainable and environmentally friendly. The objective is to search for new strategies to improve resistance to pathogens, increase crop yields and reduce the impact of agrochemicals on the environment.

We have shown that soil application of cell-free culture filtrates (CFs) of phytopathogenic fungi promotes root growth and improves the yield of pepper and tomato plants. Therefore, CFs of phytopathogenic fungi can be used as biostimulants to improve crop yield. We propose the use of cell-free CFs of the phytopathogenic fungi *Alternaria alternata* to improve the resistance of tomato plants against two plant pathogens: the root-knot nematode (*Meloidogyne incognita*) and the necrotrophic fungi (*Botrytis cinerea*) that lead to significant losses in crop yields.

The results show that irrigation of tomato plants with the cell-free CFs of *A. alternata* prior to infection with the nematode (*M. incognita*) reduces the number of galls formed on tomato roots. Likewise, soil application of these extracts before infection of tomato plant leaves with the fungi (*B. cinerea*) reduces the area of lesions caused by this phytopathogen.

In conclusion, the results obtained indicate that metabolites derived from phytopathogenic microorganisms can be an interesting and sustainable alternative to mitigate biotic stress and maintain crop yields.

This work was supported by the R & D project funded by the government of Navarra, Reference: PC148-REPABIO.



Implicación de la proteína FixK₂ en la adaptación al estrés oxidativo inducido por cobre en la simbiosis soja-*Bradyrhizobium diazoefficiens*

Germán Tortosa, Juan Cabrera, Andrea Jiménez-Leiva, María J. Delgado, Socorro Mesa

Grupo Metabolismo del Nitrógeno en Bacterias Rizosféricas (NITRORHIZ). Departamento de Microbiología del Suelo y la Planta. Estación Experimental del Zaidín (EEZ-CSIC), C/ Profesor Albareda, 1, 18008, Granada (España)

Los cultivos de leguminosas son imprescindibles para la sostenibilidad de los agroecosistemas, ya que pueden fijar nitrógeno atmosférico gracias a la simbiosis que establecen con algunos microorganismos del suelo conocidos como rizobios. Dicho proceso está modulado por factores medioambientales, como la baja tensión de oxígeno, que actúan como inductores de redes de regulación complejas. En particular, en el caso del endosimbionte de la soja *Bradyrhizobium diazoefficiens*, el factor transcripcional FixK₂ es clave para el control de numerosos genes, entre los que destaca el operón *fixNOQP*, que codifica la oxidasa terminal *cbb₃* esencial para la respiración bacteriana en el ambiente microaeróbico de los nódulos. En este trabajo se estudió el papel de FixK₂ en la adaptación de la simbiosis soja-*B. diazoefficiens* frente a un estrés oxidativo inducido por cobre. Para ello, se inocularon plantas de soja con la cepa parental y otra que codifica la variante C183A FixK₂, que se cultivaron en presencia de cobre (0, 0,8, 20 y 40 µM de cobre añadido). Tras 28 días de cultivo, se observó una reducción drástica en todos los parámetros fisiológicos analizados, como la biomasa vegetal, en plantas tratadas con concentraciones superiores a 20 µM, de forma concomitante con el incremento de la acumulación de cobre en los tejidos vegetales y la peroxidación lipídica en los bacteroides. La fijación de nitrógeno fue ligeramente superior en las plantas inoculadas con la cepa C183A FixK₂, mientras que la capacidad respiratoria del bacteroide no se alteró en esta cepa, lo que sugiere una menor sensibilidad de la misma al estrés oxidativo producido por el cobre. Con este trabajo se demuestra el papel del regulador FixK₂ en la respuesta adaptativa de la simbiosis frente al estrés oxidativo por cobre, siendo la cepa C183A FixK₂ una potencial herramienta para mejorar la tolerancia de la soja a este metal.

Este trabajo se financió con fondos procedentes de los proyectos PID2020-114330GB-I00 y PID2021-1240070B-I00 del MCIN/AEI/10.13039/501100011033 "A way of making Europe" del FEDER y del Proyecto P18-RT-1401 / CA11207 de la Junta de Andalucía.



***Rhizobium tropici* CIAT 899 y riboflavina condicionan la colonización micorrízica en *Phaseolus vulgaris* L.**

Jacob Bañuelos¹, Esperanza Martínez-Romero², Noé Manuel Montaña³, Sara Lucía Camargo-Ricalde ³

¹Afiliación 1 Doctorado en Ciencias Biológicas y de la Salud, Universidad Autónoma Metropolitana, Ciudad de México, México; ²Afiliación 2 Centro de Ciencias Genómicas, Universidad Nacional Autónoma de México, Cuernavaca, Mexico; ³Afiliación 3 Departamento de Biología, División de Ciencias Biológicas y de la Salud, Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Iztapalapa, Mexico City, Mexico

Phaseolus vulgaris L. (Leguminosae) forma simbiosis con hongos micorrízicos arbusculares (HMA) y bacterias fijadoras de nitrógeno (BFN). La relación tripartite emplea señalización molecular para establecer simbiosis intracelular en las raíces. El objetivo de este trabajo fue determinar si *Rhizobium tropici* CIAT 899 y la aplicación exógena de riboflavina (vitamina B2) tuvieron influencia en la selección de especies de HMA y la colonización de raíces de *P. vulgaris*. Al utilizar amplificación de ADN ribosomal extraído de raíces de *P. vulgaris*, encontramos que la presencia de *R. tropici* alteró la distribución relativa de las especies de HMA en la raíz. *Dominikia bernensis* fue la especie micorrízica más abundante en las raíces, pero cuando se coinoculó con *R. tropici*, distintas especies de *Glomus* dominaron. La riboflavina puede ser producida y secretada por rizobacterias como *R. tropici*. Al adicionar 50 µM of riboflavina a raíces de *P. vulgaris*, se incrementó el crecimiento vegetal, peso seco de nódulos, colonización micorrízica y frecuencia de vesículas en raíces. Las concentraciones 3.12 y 12.5 µM de riboflavina, favorecieron la presencia de *Glomus macrocarpum* en *P. vulgaris* roots. Este trabajo permite expandir el conocimiento sobre interacción hongo-bacteria-planta.

Los autores agradecen al CONAHcyT por la beca otorgada al primer autor, al Centro de Ciencias Genómicas de la Universidad Nacional Autónoma de México, y a la Universidad Autónoma Metropolitana, por los recursos para desarrollar el proyecto.



Selección natural acelerada para mejorar la eficiencia de PGPR

Cristina Lomas Martínez, Manuel Espinosa-Urgel

Departamento de Biotecnología y Protección Ambiental. Estación Experimental del Zaidín. CSIC

La rizosfera es un hábitat favorable para el crecimiento de distintos microorganismos. Entre ellos, las rizobacterias promotoras del crecimiento vegetal (PGPR) son de gran interés por su potencial aplicación en agricultura sostenible y adaptación al cambio global. Ahora bien, es necesario analizar y combinar diferentes características a la hora de seleccionar cepas PGPR para la formulación de bioinoculantes: tolerancia a estrés, capacidad de colonizar la superficie radicular, competitividad y persistencia, compatibilidad con la planta, y propiedades beneficiosas para la misma. Distintas evidencias indican que no solo las condiciones ambientales, sino las propias plantas, ejercen una presión selectiva sobre las comunidades microbianas del suelo, de manera que determinados genotipos podrían estar favorecidos en la rizosfera. Sin embargo, los trabajos a nivel evolutivo en bacterias rizosféricas son hasta ahora limitados. Se presentan datos preliminares de un proyecto que tiene como objetivo estudiar las rutas evolutivas que determinan la adaptación bacteriana a situaciones de estrés en la rizosfera, empleando dos cepas bacterianas: *Pseudomonas putida* KT2440 y *Stutzerimonas stutzeri* MJL19. Ambas han mostrado su capacidad como PGPR, particularmente en condiciones de alta salinidad. Mediante un diseño de “selección natural acelerada” en la rizosfera de plantas de maíz en condiciones control y de elevada salinidad, se han obtenido variantes de *P. putida* KT2440 con mayor eficiencia competitiva que la cepa parental. Estas cepas están siendo caracterizadas a nivel fenotípico, y se secuenciará el genoma de aquellas que presenten la mayor eficiencia colonizadora para determinar qué cambios genéticos se asocian a la misma. Actualmente se está realizando el mismo tipo de ensayos con *S. stutzeri* MJL19.

Financiación: Proyecto de Excelencia de la Junta de Andalucía ProyExcel_00293



BSocial: descifrando el comportamiento social de PGPMs

María García-Toledo^{1,2}, Antonio Castellano-Hinojosa^{1,2}, Belén Juárez^{1,2}, Belén Rodelas^{1,2}, Clementina Pozo^{1,2}, Jessica Purswani^{1,2}

¹Instituto del Agua, Universidad de Granada; ²Departamento de Microbiología, Universidad de Granada

La aplicación de consorcios microbianos en áreas biotecnológicas tales como la biorremediación o la biofertilización se ha mostrado mucho más eficiente que el uso de poblaciones constituidas por un solo microorganismo debido a la capacidad de aumentar la estabilidad y la eficiencia funcional. La principal dificultad en el estudio de los consorcios microbianos radica en el gran número de poblaciones a ensayar. El uso de modelos/protocolos para predecir la eficiencia funcional de forma masiva, observando las interacciones complejas de más de 2 especies, son la clave para incorporar una mayor diversidad microbiana en la industria biotecnológica. Un ejemplo de ello es la herramienta *BSocial* (<http://m4m.ugr.es/BSocial.html>), que asigna un comportamiento social a cada cepa en base a su contribución al crecimiento (número de generaciones y tasa de crecimiento) global del consorcio mediante un análisis estadístico, definiendo así la composición del “consorcio social” (Purswani et al., 2017). Esta herramienta se ha utilizado para diseñar consorcios microbianos para la biorremediación de ambientes contaminados con oxigenantes de gasolina y fármacos (Ángeles de Paz et al., 2023; Purswani et al., 2017; Purswani et al., 2019). Con el fin de determinar la eficacia de la herramienta *BSocial* para su uso en el diseño de biofertilizantes, se analizó el comportamiento social de 8 PGPMs (*Azospirillum*, *Bradyrhizobium*, *Ensifer*, *Pseudomonas spp.*, *Mesorhizobium*), así como 3 funciones (PGPT) de la combinatoria completa (255 poblaciones). Obtuvimos 3 consorcios sociales de los cuales uno presentó valores elevados para las 3 funciones evaluadas (producción de sideróforos, solubilización de fosfato y producción de ácido indol acético). La estabilidad, tras el aumento en diversidad, se observó en todas las funciones salvo en la producción de sideróforos. Los resultados han mostrado la eficiencia de la herramienta *BSocial* en la predicción de biofertilizantes con consorcios sociales.

Esta investigación es parte del proyecto de I+D+i BSocial_PGPM PID2020-118959RA-I00, financiado por MCIN/AEI/10.13039/501100011033/.

Análisis del sistema CfcA/CfcF/CfcR de *Stutzerimonas stutzeri* MJL19 y su implicación en la producción de c-di-GMP

Rafael Nisa-Martínez, Manuel Espinosa-Urgel, María Isabel Ramos-González

Estación Experimental del Zaidín, Consejo Superior de Investigaciones Científicas.

Stutzerimonas stutzeri MJL19, (antes *Pseudomonas stutzeri*), es una bacteria colonizadora de la rizosfera que fue aislada de la planta suculenta halófila *Sesuvium portulacastrum* L. que crece en “Salinas Grandes” en Santiago del Estero (Argentina). Esta bacteria promueve la germinación de las semillas y el crecimiento de esta planta en condiciones de alta salinidad. CfcA/CfcR es un sistema de dos componentes (TCS) fundamental en la regulación mediada por c-di-GMP en *Pseudomonas putida*, siendo un nodo central de una compleja red reguladora que conecta señales ambientales (como la sal) con la formación de biofilm. La proteína CfcR homóloga de *S. stutzeri* (CfcR^{S.s.}) tiene una identidad aminoacídica del 54% con la de *P. putida*, y conserva el residuo Asp susceptible de ser fosforilado, además de dos dominios con posible actividad diguanilatociclasa y fosfodiesterasa respectivamente. Hay dos proteínas con similitud a la histidina kinasa (HK) CfcA^{P.p.}, una con una identidad del 60% y con un dominio CHASE3 y la otra con una similitud menor del 39% y un dominio CHASE. La última HK (CfcF) es codificada por el gen que se encuentra inmediatamente aguas arriba de *cfcR*^{S.s.}. CfcF está ausente en *P. putida*, lo que nos ha llevado a comparar el funcionamiento molecular del TCS CfcA/CfcR de ambas bacterias. Se han obtenido los mutantes por delección en los tres genes (*cfcA*^{S.s.}, *cfcF*^{S.s.} y *cfcR*^{S.s.}) tanto de forma individual como las distintas combinaciones dobles y el triple. En esta comunicación presentamos los resultados obtenidos en relación a los cambios producidos tanto en morfología, como en producción y distribución aparente del segundo mensajero c-di-GMP usando el biosensor pCdrA::gfp^COriT. Además, se muestran resultados que nos indicarían una prominente actividad fosfodiesterasa de CfcR^{S.s.}, (mientras que CfcR^{P.p.} presenta actividad diguanilato ciclasa), la posible regulación de esta a través de CfcF^{S.s.} y la posible participación de CfcA^{S.s.} en este sistema.

Agradecimientos: A M^a Luisa Travieso Huertas y al Servicio de Microscopía Confocal y Electrónica de Transmisión de la Estación Experimental del Zaidín. CSIC.

Financiación: Este estudio ha sido financiado por los proyectos de I+D+i PID2019-109372GB-I00 del MCIN/AEI//10.13039/501100011033 FEDER ‘Una manera de hacer Europa’ y PID2022-141962NB-I00 del MCIU/AEI/10.13039/501100011033/ FEDER, UE.



Deciphering the mechanisms underlying trehalose-induced resistance against *Tetranychus Urticae*.

Ivan Ortega-Miralles ¹, Maria Manresa-Grao ¹, Victoria Pastor ¹, Antoni Garcia ², Victor Flors ¹, Paloma Sánchez-Bel ¹

¹Plant Immunity and Biochemistry Group, Department of Biology Biochemistry and Natural Sciences, Universitat Jaume I, Avd. Vicente Sos Baynat s/n, 12071 Castelló, Spain; ²Centre for Research in Agricultural Genomics (CRAG) CSIC-IRTA-UAB-UB, C/Vall Moronta, Edifici CRAG, 08193 Bellaterra. (Cerdanyola del Vallès), Barcelona, Spain

Plants exhibit a wide array of metabolic and hormonal responses when faced with biotic challenges, which include signaling molecules. Among the metabolites induced upon herbivore attack, carbohydrates have long been recognized as defensive compounds and priming molecules involved in pathway signaling. Trehalose, a well-known sugar, plays a key role in *Arabidopsis* resistance against powdery mildew (*Blumeria graminis*) by activating genes such as phenylalanine ammonia-lyase and peroxidase. Infestation of *Arabidopsis* with *Myzus persicae* leads to the accumulation of trehalose in the plant, and exogenous trehalose treatment enhances plant resistance against peach aphids by modulating the expression of the phytoalexin deficient 4 gene.

In the current study, exogenous treatments with trehalose on *Arabidopsis* and tomato plants demonstrated increased resistance against two-spotted spider mites (*Tetranychus urticae*). Experiments conducted in growth chambers (with both *Arabidopsis* and tomato plants), greenhouses, and semi-field conditions (limited to tomato plants) consistently showed induced resistance following treatment. The observed resistance mechanisms relay on antibiosis effect.

The next step was to investigate the underlying mechanisms. Hormonal, metabolomic and transcriptomic analysis of *Arabidopsis* plants treated with trehalose and subsequently infested was performed. The discovery of the mechanisms underlying trehalose-mediated resistance against herbivores in different plant species can provide valuable insights and potential tools for further exploration in sustainable crop protection and integrated pest management.



Plant-soil feedback outputs on tomato growth and resistance are modulated by plant genotype and soil history

Guadalupe Zitlalpopoca-Hernández, Pablo Manuel Rodríguez-Blanco, María Gloria González-Holgado, Iván Manuel Fernández-López, Ainhoa Martínez-Medina

Plant-Microorganism Interactions Unit, Institute of Natural Resources and Agrobiology of Salamanca (IRNASA-CSIC), Salamanca, Spain.

By altering soil properties through root exudates, plants modify soil microbial communities. In this way, plants leave a microbial legacy that can affect the growth of subsequent plants that grow in the same soil. This process is known as plant-soil feedback (PSF), and represents a promising strategy for promoting plant health. However, the implementation of PSF strategies is limited by the high context-dependency of their outputs. We investigate how the growth and resistance-related legacy effect of PSF in tomato plants are influenced by 1: the specific genotype of the plant that shapes microbial legacies; and 2: the soil management history. We steered soil microbial communities with four different grasses (*Lolium perenne*, *Agrostis stolonifera*, *Dactylis glomerata* and *Festuca rubra*) and a mix of them; and used three differently-managed soils from the Dehesa ecosystem (a non-managed plot, a plot devoted to grazing under an extensive system and a plot under monoculture management). After the conditioning phase, the different microbiome legacies were used as inoculants for tomato plants. We evaluated their impact on plant growth and resistance to the generalist insect *Spodoptera exigua*. Our results show that plant genotype and soil management history modulated the output of PSF regarding tomato growth and resistance. Specifically, our results demonstrate that 1) the soil microbiome from the Dehesa soils strongly affects the performance of tomato plants; 2) *L. perenne* and *F. rubra* may recruit specific microbial taxa that affect plant resistance to herbivory; 3) plant diversity (mix of grasses) is associated with stronger effects on promoting plant performance, compared with the effect of PSF of single grass species (monoculture). Overall, managing the residing soil microbiomes by applying the concept of PSF seems to be an effective approach for improving the performance of tomato plants.

Our research was supported by the projects PID2021-128318OA-I00 funded by MCIN/AEI/10.13039/501100011033 and "ERDF A Way of Making Europe; Ramón y Cajal grant RYC2020-030727-I from MICIN; Junta de Castilla y León and European Union (FEDER "Europe Drives Our Growth;" CLU-2019-05-IRNASA/CSIC Unit of Excellence); and the program for strengthening research structures "Stairway to Excellence," cofunded by the European Regional Development Fund.



The use of cell-free culture filtrates as a potential sustainable alternative to reduce chemical fertilizers in agriculture

Izurdiaga D, Aranzábal A, Almagro G, Sánchez-López AM, Bahaji A, Muñoz FJ, Baroja-Fernández E

Instituto de Agrobiotecnología (IDAB), CSIC-Gobierno de Navarra, Iruñako etorbidea 123, 31192 Mutiloabeti, Nafarroa, Spain

Interaction between plants and beneficial microorganisms is one of the biological strategies used to improve nutrient acquisition efficiency and reduce the use of chemical fertilizers on crops. It is known that beneficial microorganisms emit diffusible substances (secondary metabolites) that promote growth. These microorganisms increase nutrient assimilation by promoting nitrogen fixation, phosphorus solubilization and root development. Previous research has shown that plant pathogen microorganisms also produce secondary metabolites that stimulate plant growth and production (Sánchez-López et al., 2016), and increase their tolerance against abiotic stresses. In addition, these substances promote changes in root development and activate the expression of genes involved in root architecture and nutrient transport and assimilation (García-Gómez et al., 2020). Specifically, volatile compounds emitted by the phytopathogenic fungus *Penicillium aurantiogriseum* improved the growth of Arabidopsis plants grown under P and N deficiency. In this context, the use of cell-free filtrates (CFs) would provide an alternative to apply these secondary metabolites for a sustainable agriculture (Baroja-Fernández et al., 2021). Consistently, soil application of CFs from *P. aurantiogriseum* promotes root development and improves yield and quality in tomato plants grown with reduced doses of P, both in greenhouse and field conditions. High-throughput amplicon sequencing of bacterial 16S and fungal ITS rRNA genes of the soil microbiota revealed that CFs treatments altered the native microbial community compositions, and led to the enrichment of the populations of the beneficial bacterial and fungal taxa which participate in P mineralization and assimilation by the plant. Based on the information available to date, we propose the application of CFs obtained from liquid cultures of *P. aurantiogriseum* as a potential eco-friendly alternative to the use of chemical fertilizers while maintaining crop yield.

Sánchez-López et al. (2016) Plant Cell Environ. doi: 10.1111/pce.12759

García-Gómez et al. (2020) Plant Cell Environ. doi: 10.1111/pce.13817

Baroja-Fernández et al. (2021) Front. Plant Sci. doi: 10.3389/fpls.2021.752653

This work was supported by the Departamento de Universidad, Innovación y Transformación Digital (Gobierno de Navarra) grant PC036-037 BIOMEF.



Melatonina como agente protector en plantas: análisis del papel bioestimulante *in vivo* y fungitoxicidad *in vitro*.

Manuela Giraldo-Acosta, M. Emilia Requena, Amina El Mihyaoui, Josefa Hernández-Ruiz, Antonio Cano y Marino B. Arnao

Departamento de Biología Vegetal (Fisiología Vegetal). Facultad de Biología. Universidad de Murcia.
Grupo de Investigación Fitohormonas y Desarrollo Vegetal.

La fitomelatonina es una hormona vegetal con elevada capacidad antioxidante y múltiples funciones fisiológicas y de protección frente a estreses bióticos y abióticos en las plantas. Está implicada en procesos como la germinación, el enraizamiento, el crecimiento, la fotosíntesis, los metabolismos primario y secundario y la regulación de la mayoría de las fitohormonas. Por todo ello, una aplicación emergente de la melatonina es la de agente protector (*safener*) y bioestimulante, presentando una alta capacidad para mejorar el rendimiento y la calidad de los cultivos en situaciones de estrés.

En este trabajo se estudia el papel de la melatonina como agente bioestimulante y *safener* en plantas de *Vigna radiata* L. tratadas con fungicida (oxicloruro de cobre), así como su capacidad fungitóxica *in vitro*. Para estudiar el papel protector y bioestimulante se miden parámetros fisiológicos (longitud de la raíz, área de las hojas, número de raíces secundarias, peso fresco y seco), parámetros bioquímicos relacionados con el estado redox celular tales como los niveles de MDA y H₂O₂, pigmentos fotosintéticos y la actividad antioxidante total y la actividad de enzimas antioxidantes. Para el estudio de la fungitoxicidad *in vitro* se analiza el crecimiento de hongos de los géneros *Alternaria*, *Fusarium*, *Botrytis* y *Aspergillus* en placas de PDA en presencia y ausencia de melatonina.

Los resultados muestran que la melatonina alivia el estrés ejercido por el fungicida, reestableciendo el desarrollo y la homeostasis celular. En el estudio de fungitoxicidad de la melatonina *in vitro* se observa una respuesta antifúngica dosis-dependiente diferente para cada especie ensayada.

M. Giraldo-Acosta disfruta de un Contrato Predoctoral FPU-UM-23. A. El Mihyaoui disfruta de un contrato de investigación UM-23. Este trabajo forma parte del Proyecto PID2020-113029RB-I00 financiado por el Ministerio de Ciencia e Innovación de España.



Efecto del manejo del olivar sobre las comunidades microbianas de los suelos de la Cuenca Mediterránea

Antonio J. Fernández-González, Pablo J. Villadas, Ana V. Lasa, Jesús Mercado Blanco,
Manuel Fernández-Lopez

Departamento de Microbiología del Suelo y la Planta, Estación Experimental del Zaidín, CSIC, Profesor Albareda 1, 18008, Granada, España.

Desde su domesticación hace unos 6500 años, el olivo (*Olea europea* L.) es el árbol de fruto más prominente e importante socioeconómicamente de Europa. La superficie de cultivo dedicada al olivar ocupa unos 6 millones de ha. de suelo de la Unión Europea. A pesar de estas cifras, falta una visión holística y un análisis comprensivo de cómo la salud de la biodiversidad del suelo puede mejorar la funcionalidad de este agro-ecosistema, que a su vez se refleje en la salud del olivar y de la calidad del aceite obtenido. En nuestro trabajo se han muestreado 52 olivares de 5 países (Grecia, Italia, Marruecos, Portugal y España) cultivados con 3 manejos diferentes: tradicional (21 olivares), orgánico (20) y de alta densidad o seto (11), obteniéndose un total de 472 muestras de suelo rizosférico. De estas muestras se ha obtenido el ADN ambiental y se ha procedido la secuenciación de las comunidades procarióticas (mediante amplicones de las regiones V3-V4 del gen 16S *rRNA*) y fúngicas (amplicones de la región ITS2) usando una estrategia PE 300 en MiSeq de Illumina. La obtención de más de 90 millones de lecturas resultó en la identificación de 10.611 ASVs (Amplicon Sequence Variants) bacterianos y 5.411 ASVs fúngicos. El análisis taxonómico mostró que en Marruecos y España predomina el phylum Actinobacteria, mientras que en Grecia, Italia y Portugal predomina Proteobacteria. En todos los casos, en las comunidades fúngicas predominó el phylum Ascomycota, aunque en los suelos españoles hubo una alta abundancia de Basidiomycota y Glomeromycota; y en los marroquíes del phylum Mortierellomycota.

El presente trabajo ha sido financiado por la Unión Europea, HORIZON-MISS-2021-SOIL-02, Project 101091255, Soil O-live.



Fungal filtrates for biocontrol of postharvest *Botrytis cinerea* infection on tomato fruit

Alicia Fernández-San Millán¹, María Inmaculada Farran Blanch¹, Abdellatif Bahaji Nazih², Edurne Baroja-Fernández², Francisco José Muñoz², Ángela María Sánchez-López², Luis María Larraya Reta¹

¹ Institute for Multidisciplinary Research in Applied Biology (IMAB), Universidad Pública de Navarra (UPNA), Navarra, Spain; ² Instituto de Agrobiotecnología (IDAB), CSIC-Gobierno de Navarra, Navarra, Spain.

Botrytis cinerea causes major crop losses, especially under postharvest conditions. Cultural practices and chemical fungicides are employed to manage the infection. However, new control strategies are urgently needed due to an increasing demand for more efficient and sustainable treatments. One of the emerging approaches in the management of plant phytopathogens involves the utilization of cell-free fungal filtrates (CFs) as biocontrol agents. Therefore, the main objective of this study was to evaluate the biocontrol potential in tomatoes of two CFs to broaden the spectrum of biocontrol agents against *B. cinerea* during the postharvest period. For this purpose, *Alternaria alternata* and *Penicillium aurantiogriseum* were cultured at different periods (3, 7, 14 and 28 days) to optimize the bioactivity of their CFs. Subsequent *in vitro* plate analysis and *in vivo* tomato fruit protection assays have allowed us to identify the best CFs with antifungal compounds able to control the gray mold infection. Specifically, the fruits treated with *P. aurantiogriseum* CFs showed reduced levels of disease incidence and severity in comparison to untreated tomatoes or those treated with *A. alternata* CFs. In addition, we have observed that CFs are able to promote the induced resistance of tomato fruits against *B. cinerea*. Therefore experiments are undergoing to elucidate the molecular nature of this ability.

In conclusion, the results obtained in this study indicate that fungal CFs can be an alternative to chemical fungicides to protect postharvested fruits and increase their shelf life.

This work was supported by the R & D project funded by the government of Navarra, Reference: PC149-REPABIO.



Exploring the role of microbial VOC-responsive soil native beneficial microbes in the enhancement of drought tolerance in crops

Baroja-Fernández E¹, Aranzabal A¹, Izurdiaga D¹, Almagro G¹, Sánchez-López AM¹,
Pozueta-Romero J², Bahaji A¹, Muñoz FJ¹

¹ Instituto de Agrobiotecnología (IDAB), CSIC-Gobierno de Navarra, Iruñako etorbidea 123, 31192 Mutiloabeti, Nafarroa, Spain; ² Institute for Mediterranean and Subtropical Horticulture “La Mayora” (IHSM), CSIC-UMA, Campus de Teatinos, Avda. Louis Pasteur, 49, 29010 Málaga, Spain

One of the major issues that limits the global productivity of major crops is drought. A common, safe and environmentally friendly practice to increase crop yield and/or protect plants from abiotic stress is based on the use of microbial-based biostimulants (Morcillo et al., 2022). We found that soil application of volatile organic compounds (VOC) from different fungal cell-free culture filtrates (CFs) stimulated root growth, induced fruit production and increased the number of commercial fruits per plant and yield (Baroja-Fernández et al. 2021). In addition, this treatment strongly enriched the population of some growth promoting microorganisms including *Pseudomonas mediterranea* and *Geotrichum candidum* (Baroja-Fernández et al. 2021). We propose that soil inoculation with these microbial species enhances drought tolerance and increases fruit yield and quality of tomato plants. To test this hypothesis, we characterized the fruit yield and quality responses of tomato plants cultured under optimal and reduced irrigation conditions to soil application of CFs from the fungal phytopathogen *Penicillium aurantiogriseum* and to inoculation of *P. mediterranea* and *G. candidum*. All treatments improved fruit quality in plants cultured under optimal and suboptimal irrigation conditions, and yields in plants cultured under suboptimal irrigation conditions. However, the effect of soil inoculation of microorganisms was weaker than that of irrigation with fungal CF. These data indicate that the beneficial effects exerted by soil irrigation CFs on tomato plants is only partly due to enrichment of beneficial microbial species. The molecular mechanisms involved are under investigation.

Baroja-Fernández et al. (2021) Front. Plant Sci. doi: 10.3389/fpls.2021.752653

Morcillo et al. (2022) Front. Plant. Sci. DOI: 10.3389/fpls.2022.1040515

This work has been funded by the Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades (MCIU) and Agencia Estatal de Investigación (AEI) (grant TED2021-130603B-C21)



Soil application of acetic acid increases fruit yield through mechanisms involving enhancement of water use efficiency in tomato plants

Alberto Férrez-Gómez¹, Lidia López-Serrano^{1,2}, Rafael Jorge León Morcillo¹, Jesús Leal-López¹, Edurne Baroja-Fernández³, Javier Pozueta-Romero¹

¹Institute for Mediterranean and Subtropical Horticulture “La Mayora” (IHSM), CSIC-UMA, Campus de Teatinos, Avda. Louis Pasteur, 49, 29010 Málaga, Spain; ² Department of Vegetal Production, Polytechnic University of Valencia, Camino de Vera, s/n 46022 Valencia, Spain; ³Instituto de Agrobiotecnología (CSIC/Gobierno de Navarra). Iruñako etorbidea 123, 31192 Mutiloabeti, Nafarroa, Spain

One of the environmental stress factors that limits global productivity of major crops is water scarcity. It is mandatory to establish strategies for a sustainable and eco-friendly agriculture aimed at enhancing crop yield while reducing water necessities and the negative impact of agrochemicals on the environment. Potential solutions may be fostered using microbial-based biostimulants (Morcillo et al. 2022). Acetic acid, a volatile organic molecule emitted by several microorganisms, has emerged as a compound with high biostimulant potential in agriculture. Its application has improved drought tolerance in *Arabidopsis thaliana* and different crops like cassava, cotton, rice and apple plants (Kim et al. 2017, Utsumi et al. 2019, Li et al 2021, Ogawa et al 2021, Sun et al 2022). The objective of this work was to evaluate the effects of soil application of acetic acid on tomato plants cultured under reduced water irrigation conditions. To do it, we characterized the response to soil application of 20 mM acetic acid of vegetative biomass, photosynthesis, water potential and fruit yield of hybrid tomato plants (cv. Macizo F1) cultured under optimal irrigation (OI) and water reduction (60% of OI, WR60) conditions. Under WR60 conditions, plants treated with acetic acid showed higher root weight, photosynthetic activity, water potential and fruit yield than non-treated plants. Collectively, these data indicate that soil application of acetic acid increases fruit yield through mechanisms involving enhancement of water use efficiency in tomato plants. The molecular mechanisms therein involved are currently being investigated.

Kim, J-M. et al. (2017). *Nature plants*, 3 (7), 1-7; Li, C. et al. (2021). *Acta Physiologiae Plantarum*, 43, 1-10; Morcillo, R.J.L. et al. (2022) *Front. Plant. Sci.* Volume 13 ; Ogawa, D. et al. (2021) *Scientific reports*, 11(1), 6280 ; Sun, T. et al. (2022) *Tree Physiology*, 42(9), 1827-1840; Utsumi, Y. et al. (2019) *Frontiers in plant science*, 10, 521.

This work has been funded by the Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades (MCIU) and Agencia Estatal de Investigación (AEI) (grant TED2021-130603B-C21). Lidia López-Serrano was beneficiary of a Margarita Salas postdoctoral fellowship from the Polytechnic University of Valencia funded by the “Ministerio de Universidades” and the European Union-NextGeneration EU.



SESIÓN III

Interacciones Perjudicales Planta-Organismo



Novel insights into plant mechanisms of glycan perception and immune activation: deciphering the function of Leucine Rich Repeat-Malectin Receptor Kinases

Antonio Molina^{1,2}, Marina Martín-Dacal^{1,2}, Klara Culjak^{1,2}, Diego José Berlanga^{1,2}, Miguel Ángel Torres^{1,2}, Gemma López¹, Meriem Aitoguine¹, Varun Kumar¹, Gonzalo Vilchez^{1,2}, María Garrido-Arandía^{1,2}, Patricia Fernández-Calvo^{1,2}, and Lucia Jordá^{1,2}

¹Centro 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, Spain; ²Departamento de Biotecnología-Biología Vegetal, Escuela Técnica Superior de Ingeniería Agronómica, Alimentaria y de Biosistemas, UPM, 28040, Madrid, Spain.

Plant immune system perceives a diversity set of carbohydrate ligands through the extracellular ectodomains (ECDs) of plant Pattern Recognition Receptors, which activate Pattern-Triggered Immunity (PTI; Molina et al., 2024). Among these ligands are oligosaccharides from wall polymers like cellulose (β -1,4-D-(Glc)₃, CEL3), mixed-linked glucans (β -1,4-D-(Glc)₂- β -1,3-D-Glc, MLG43), xylans (β -1,4-D-(xylose)₄, XYL4) and arabinoxylans (3³- α -L-arabinofuranosyl-xylotetraose, XA₃XX) (Rebaque et al., 2021; Mérida et al., 2020; Martín-Dacal et al., 2023). With a few exceptions the mechanisms behind carbohydrate perception and PTI activation in plants are poorly characterized. We recently described the function in CEL3/CEL5 perception of a group of receptors with Leucine Rich Repeat-Malectin ECDs (LRR-MAL RKs; IGP1/CORK1, IGP3 and IGP4) (Martín-Dacal et al., 2023; Tseng et al. 2022). We demonstrated that IGP1 (Impaired in Glycan Perception) is the receptor for CEL3/CEL5, whereas IGP3 and IGP4 probably function as co-receptors in this recognition (Martín-Dacal et al., 2023). Notably, IGPs also participate in MLGs perception, but direct binding of ECD-IGP1 to MLGs was not found. We recently discovered that these 3 IGPs are also required for PTI activation triggered by additional β -glycans, like XYL4 and XA₃XX, further demonstrating the relevance of LRR-MAL RLKs in PTI. Recent progresses in the functional characterization of IGP1/3/4 and novel IGPs proteins will be presented.

Martín-Dacal, M. et al. (2023). The Plant Journal 113: 833-850

Melida, M. et al. (2020). Frontiers in Plant Science 11: 1210

Rebaque, D. et al. (2021). The Plant Journal 106: 601-615

Molina et al., 2024 (2024). Molecular Plant, doi.org/10.1016/j.molp.2024.04.003

Agradecimientos y Financiación: Grant PID2021-126006OB-I00 to AM/LJ, funded by MCIN/AEI/ 10.13039/501100011033 and by “ERDF A way of making Europe”; Grants SEV-2016-0672 and CEX2020-000999-S funded by MCIN/AEI/ 10.13039/501100011033 MCIN/AEI/ 10.13039/501100011033; MM-D, DJB, and GV were recipient of PhD fellows (PRE2019-08812, PRE2019-091276, and PRE2021-100446 respectively), funded by MCIN/AEI/10.13039/501100011033 and by FSE+. KC was the recipient of PhD fellow (PIFF-2022/BIO-24511) of Madrid Regional Government.



The transcriptional and hormonal trade-offs established in Arabidopsis upon spider mite infestation enable plant survival imposing a fitness cost

Alejandro García¹, Lucía Talavera-Mateo¹, Laura Barcenilla¹, Ivan Petrik², Jana Oklestkova², Ondrej Novak², M. Estrella Santamaria^{1,3}

¹Centro 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, Pozuelo de Alarcón, 28223 Madrid, Spain; ²Laboratory of Growth Regulators, Faculty of Science, Palacký University Olomouc & Institute of Experimental Botany, The Czech Academy of Science, Šlechtitelů 27, CZ-78371, Olomouc, Czech Republic; ³Departamento de Biotecnología-Biología Vegetal, Escuela Técnica Superior de Ingeniería Agronómica, Alimentaria y de Biosistemas, Universidad Politécnica de Madrid, Madrid, Spain

Tetranychus urticae is an important pest that causes severe damage to a wide variety of plants and crops, leading to a substantial productivity loss. While previous research has been limited to studying the short-term defence response of Arabidopsis to *T. urticae*, this work presents a comprehensive evaluation of the interaction over the whole plant life cycle, considering both defence and growth responses. Through physiological, biochemical, transcriptomic and hormonomic evaluation, we uncover the molecular mechanisms directing the defence-growth trade-off established in Arabidopsis upon *T. urticae* infestation. Upon mite attack, plants suffer an adaptation process characterized by a temporal separation between the defence and growth responses. Initial responses involving JA and SA, in combination with auxin, GA and ABA regulation, appear to regulate the main defence responses and subsequent growth inhibition, while certain BR and CK compounds diminish after infestation. These alterations lead to a plant developmental delay that impact both seed production and longevity. Our studies demonstrate that multiple hormonal trade-offs determine plant adaptation and survival, revealing mite infestation a long-lasting effect negatively impacting seed viability. This study sheds new light on the defence-growth trade-offs providing additional tools to design pest management strategies that improve resistance without penalty in plant fitness.

The authors also gratefully acknowledge the Grants PID2020-112756RA-I00 and CNS2022-135194 funded by MCIN/AEI/10.13039/501100011033 and by European Union NextGenerationEU/PRTR, the Convenio Plurianual between Comunidad de Madrid and Universidad Politécnica de Madrid (UPM) through the Apoyo Jóvenes Investigadores Program (Grant APOYO-JOVENES-SUR6Q9-22-YTFC3Z) and Predoctoral Programa Propio 2019 UPM fellow which finances AG. The work was also financially supported by Czech Science Foundation (grant number 22-17435S).



Molecular basis of constitutive defense mechanisms underlying resistance to *Verticillium dahliae* in the AC18 clone of wild olive

Beatriz Mascuñano¹, Jerónimo Coto-Elena², Víctor M. Guerrero-Sánchez^{1,3}, Candelas Paniagua², Rosario Blanco-Portales¹, José L. Caballero¹, Rafael M. Jiménez-Díaz⁴, Fernando Pliego-Alfaro², José A. Mercado², Juan Muñoz-Blanco¹, Francisco J. Molina-Hidalgo¹

¹Department of Biochemistry and Molecular Biology, University of Cordoba, Edificio Severo Ochoa, Campus de Rabanales, E-14014 Córdoba. Spain; ²Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea 'La Mayora' (IHSM-UMA-CSIC), Departamento de Botánica y Fisiología Vegetal, Universidad de Málaga, 29071 Málaga, Spain; ³Vascular Pathophysiology Area, Cardiovascular Proteomics Laboratory, Centro Nacional de Investigaciones Cardiovasculares Carlos III (CNIC), 28029 Madrid, Spain; ⁴Agronomy Department, University of Córdoba. Edificio C4 Celestino Mutis. Campus de Rabanales, E-14014 Córdoba. Spain.

The use of host resistance is the most effective and practical control method for the management of Verticillium wilt (VW) in olive caused by *Verticillium dahliae*, which remains one of the major threats to this crop. However, most olive cultivars of agronomic and commercial interest are susceptible to *V. dahliae*, and particularly the highly virulent D pathotype. Previous research has shown that wild olive (*Olea europaea* L. subsp. *europaea* var. *sylvestris*) germplasm harbours resistance, which could be crucial for the development of resistant rootstocks and breeding new, resistant olive cultivars. We compared transcriptomes from uninfected stems of wild olive clones AC18 and AC15, previously shown as highly resistant and susceptible to D *V. dahliae*, respectively. GO-term enrichment analysis revealed terms related to systemic acquired resistance and the plant cell wall biogenesis and assembly. qRT-PCR analysis of selected genes showed differences in the expression of phenylpropanoid and lignin metabolism-related genes between the two wild olive clones. The phenolic content of cell walls from stem tissues was higher in the resistant AC18, also presenting different monolignol composition although the total lignin content was similar in both clones. The lignin composition of the stem cell wall reflects these differences. This work identifies key genes that could aid in breeding olive cultivars resistant to D. *V. dahliae*. The research findings may contribute to the conservation and utilization of wild olive genetic resources to tackle future agricultural challenges, such as climate change and emerging diseases.

This work was funded by the Andalusian Regional Council (P18-RT-1933) and Fund. Torres Gutierrez. FJM is supported by the program "Juan de la Cierva-Incorporación" (IJC2020-045526-I), funded by MCIN/AEI/10.13039/501100011033 and the European Union. "NextGeneration EU"/PRTR.



Mecanismos de defensa frente a insectos fitófagos en chirimoyas, género *Annona* (Annonaceae)

Eduardo de la Peña, Helena Romero

Consejo Superior de Investigaciones Científicas, Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea, Finca Experimental La Mayora, IHSM-UMA-CSIC, Avenida Dr. Wienberg S/N, Algarrobo-Costa 29750, España.

El género *Annona* comprende una diversa colección de especies presentes en distintos contextos ecológicos y geográficos, con varias de ellas de interés agronómico, como *A. cherimola*, bien representada en la costa de Granada y Málaga, y *A. muricata*. Estas especies tienen principalmente una distribución (sub)tropical, y la mayor diversidad del género se origina en el Neotrópico. La diversidad de insectos fitófagos asociados con estas especies es extremadamente alta, observándose más de 400 especies de insectos en algunas de ellas, con ciertos grupos particularmente destacados, como las cochinillas y las moscas de la fruta. Sin embargo, a pesar de la diversidad de especies, la información disponible sobre cómo se estructuran las interacciones planta-insecto en este género es escasa. Este hecho contrasta con la diversidad de metabolitos secundarios y mecanismos de defensa que posee el género *Annona*. Para abordar esta laguna de conocimiento, recopilamos información de múltiples bases de datos especializadas, realizando un primer inventario de especies de insectos fitófagos asociadas al género *Annona*. Además, revisamos la diversidad de metabolitos secundarios con actividad potencialmente defensiva contra estos insectos y exploramos la abundancia de distintas plagas e insectos fitófagos en la colección de germoplasma de *Annona* del IHSM-CSIC, única en el mundo. Nuestros hallazgos revelan la complejidad de las interacciones dentro del género, sugiriendo que una señal filogenética podría reflejar las relaciones planta-insecto en este grupo.

Agradecimientos y Financiación: EFSA grant: GP/EFSA/PLANTS/2022/05: Development of crop-based survey tools for plant pests of fruit trees to EDLP. Conserving the past, nourishing the future: unlocking the agronomical potential of traditional food systems in Northern Uganda. Research Grant VLIR-UOS



Estudio de la ruptura de la resistencia de Ty-2 por el geminivirus *Tomato yellow leaf curl virus* (TYLCV)

Verónica Pérez-Rubio^{1*}, Beatriz Romero-Rodríguez^{1*}, Ana Perez-Luna¹, Tábata Rosas-Díaz¹, Marta Alcalá-Rey¹, Emmanuel Aguilar-Parras², Rosa Lozano-Durán², Isabel Fortes¹, Juan Antonio Diaz-Pendon¹, Rafael Fernández-Muñoz¹, Enrique Moriones¹, Eduardo R. Bejarano¹, Araceli G. Castillo¹.

¹Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea “La Mayora”, Universidad de Málaga-Consejo Superior de Investigaciones Científicas (IHSM, UMA-CSIC), Málaga; ²Department of Plant Biochemistry, Centre for Plant Molecular Biology (ZMBP), Eberhard Karls University, D-72076 Tübingen, Germany.

La enfermedad del rizado amarillo del tomate (TYLCD, tomato yellow leaf curl disease) es una de las amenazas más importantes para los cultivos de tomate en todo el mundo y se origina por un complejo de especies de geminivirus. Uno de sus agentes causales, *el virus* del rizado amarillo del tomate (TYLCV), es un miembro monopartito del género *Begomovirus* de la familia *Geminiviridae* transmitido por la mosca blanca. El enfoque principal en la mejora genética de tomate que confiera resistencia al geminivirus TYLCV es la transferencia de genes de resistencia al virus de plantas silvestres del tomate al tomate cultivado. El gen Ty-2, una resistencia dominante derivada de *Solanum habrochaites*, se ha identificado como un gen de inmunidad del tipo “nucleotide-binding leucine-rich repeat (NLR)”. Trabajos previos del grupo (Tomás et al., 2011) mostraron que plantas de la accesión EELM-889 de *S. habrochaites* eran resistentes a algunos de los virus asociados a TYLCD. Esta resistencia impedía la infección sistémica de TYLCV aislado Israel (TYLCV-IL), mientras que los aislados de TYLCV-Mld y TYLCV-Mld eran capaces de infectar sistémicamente las plantas EELM-889. Además, se identificó la proteína C4 de TYLCV-Mld como la responsable de conferir la capacidad de infectar sistémicamente plantas Ty-2. El objetivo de este estudio es determinar el mecanismo implicado en la resistencia diferencial mediada por Ty-2 a los virus del complejo TYLCD. Utilizando versiones de virus recombinantes para el gen C4 de TYLCV-IL y TYLCV-Mld se ha identificado una región de la proteína implicada en la respuesta diferencial que contiene la secuencia de interacción con la proteína RLD (RCC1-like domain), implicada en el desarrollo de síntomas. La mutación de este dominio de TYLCV-IL supera la resistencia mediada por Ty-2, lo que sugiere una relación entre la formación de síntomas y la resistencia mediada por la NLR. Se presentará y discutirá el análisis de la ruptura de la resistencia utilizando clones de TYLCV-IL que contienen versiones recombinantes entre TYLCV-IL y TYLCV-Mld o mutadas del gen C4.

Este trabajo ha sido financiado por el Ministerio de Economía y Competitividad (PID2022-139376OB-C31 y PID2022-139376OB-C32). VPR y MAR tienen un contrato predoctoral para la formación de doctores (PRE2020-094458 y PRE2022-000504, respectivamente).



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

Irene Villar^{1,2}, Núria Real¹, Bin Liu¹, José Antonio Daròs³ and Ana Montserrat Martín-Hernández^{1,4}

¹Centre for Research in Agricultural Genomics (CRAG) CSIC-IRTA-UAB-UB, C/ Vall Moronta, Edifici CRAG, Bellaterra (Cerdanyola del Vallés), 08193 Barcelona, Spain. ² Universidad de Zaragoza, Zaragoza, Spain.

³Instituto de Biología Molecular y Celular de Plantas (IBMCP), CSIC, Ciudad Politécnica de la Innovación (CPI), Ed. 8E, C/Ingeniero Fausto Elio s/n., 46022 Valencia, Spain. ⁴ IRTA (Institut de Recerca i Tecnologia Agroalimentàries), Caldes de Montbui, Barcelona, Spain.

Plant viruses, as obligate parasites of plants, need host factors to complete their life cycle and achieve a successful infection. These host factors are, in fact, susceptibility factors that when mutated, can impede viral infections. Cucumber mosaic virus (CMV) can infect more than 1200 plant species. In melon, we have identified a Vacuolar Protein Sorting 41 (VPS41) which is involved in intracellular transport of proteins. During the infection, it acts as a gatekeeper for resistance to CMV by either restricting the virus in the bundle sheath cells or allowing phloem entry. This resistance is based on the interaction between the VPS41 and the Movement Protein (MP) of the virus. To unravel the mechanism beyond VPS41-MP, a Y2H screening was performed in a CMV-infected melon library to find new MP-interacting proteins and identified a Niemann-Pick protein C1 (NPC1). CmNPC1 is a transmembrane cholesterol transporter related to VPS41 and to local changes in membrane composition. Melon encodes two NPC1 genes, one in chromosome 7 and another in chromosome 11, the most expressed and the one identified in the Y2H screening. Both CmNPC1 interaction domains interact with MP at the plasmodesmata. RNA silencing of both CmNPC1 by VIGS experiments in melon has demonstrated that although the one located in chromosome 11 has a stronger role, both NPC1s are necessary for the infection and that the knockdown of these proteins affects the movement of the virus. The results are fundamental to understanding the role of NPC1 in the intracellular transport of viruses and to design strategies to develop resistance against viruses.

Acknowledgments: I.V. is the recipient of a Margarita Salas contract from Ministerio de Universidades and funded by "Union Europea- Next Generation EU". Funding by project RTI2018-097665-B-C21, from MCIN/AEI/10.13039/501100011033 and "ERDF A way of doing Europe". CRAG was also supported by grants SEV-2015-0533 and CEX2019-000902-S, funded by MCIN/AEI/10.13039/501100011033, and by the CERCA Program, Generalitat de Catalunya.



Decaimiento de *Pinus sylvestris* en Sierra Nevada: la importancia de la microbiota asociada a la raíz

Ana V Lasa¹, Antonio J. Fernández-González¹, Pablo J. Villadas¹, Jesús Mercado-Blanco¹, Antonio J. Pérez-Luque^{2,3}, Manuel Fernández-López¹

¹Departamento de Microbiología del Suelo y la Planta, Estación Experimental del Zaidín, CSIC, Profesor Albareda 1, 18008, Granada, España; ²Servicio de Evaluación, Restauración y Protección de Agrosistemas Mediterráneos (SERPAM), Estación Experimental del Zaidín, CSIC, Profesor Albareda 1, 18008, Granada, España; ³Instituto de Ciencias Forestales ICIFOR, INIA-CSIC. Crta. La Coruña km 7.5, 28040, Madrid, España (dirección actual)

El decaimiento forestal está afectando a los bosques de todo el mundo, ocasionando un debilitamiento generalizado e incluso la muerte de los árboles. Las formaciones de *Pinus sylvestris* del sudeste de la Península Ibérica, al encontrarse en el límite más meridional de esta especie, también sufren gravemente este fenómeno lo que las convierte en bioindicadores de decaimiento para otras especies forestales. Si bien dicha pérdida de vigor se ha achacado tradicionalmente a eventos recurrentes de intensas sequías, el papel de ciertos factores biológicos como la microbiota de los árboles afectados ha sido poco estudiada. Así pues, en este trabajo se estudiaron las diferencias en la diversidad, estructura, perfiles taxonómicos y patrones de asociación de la comunidad microbiana de la rizosfera y de la endosfera radicular entre *P. sylvestris* asintomáticos y con síntomas de decaimiento forestal, mediante técnicas de metabarcoding. La endosfera radicular de ambos tipos de árboles se encontraba fuertemente dominada por la bacteria fitopatógena '*Candidatus Phytoplasma pini*', suponiendo hasta un 99 % del total de secuencias en algunos árboles. Sin embargo, el título del patógeno en la endosfera de árboles con síntomas de decaimiento (determinado mediante qPCR) fue cuatro veces superior al cuantificado en árboles sanos. Además, se pudo observar que la microbiota de la endosfera de los árboles afectados se ensamblaba formando una red de co-ocurrencia menos compleja y más modularizada que la correspondiente a los árboles asintomáticos. Así pues, los cambios observados en las comunidades microbianas podrían ser causa o consecuencia del decaimiento de *P. sylvestris*. A su vez, la presencia de '*Ca. P. pini*' se encuentra correlacionada positivamente con los eventos de decaimiento forestal, siendo el agente causal primario o un patógeno oportunista que podría exacerbar el desarrollo de síntomas una vez los árboles se encuentran debilitados por otros factores no medidos en el presente trabajo.

Financiado por el Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades (SUMHAL, LIFEWATCH-2019-09-CSIC-13, POPE 2014-2020). Antonio J. Pérez-Luque se encuentra financiado actualmente por CIN/AEI/10.13039/50110001103 y "European Union NextGenerationEU/PRT" mediante un programa Juan de la Cierva (Ayuda JDC2022-050056-I). Queremos agradecer al Doctor Jordi Sabaté Rabella por su asesoramiento en el estudio de fitoplasmas.

Cooperative colonization of the plant by *Pseudomonas syringae* involves stochastic and spatial expression patterns of the flagellar and type III secretion systems

Nieves López-Pagán¹, José S. Rufián¹, Julien Luneau^{2,3}, María-Antonia Sánchez-Romero⁴, Laurent Aussel⁵, Simon van Vliet^{3,6}, Javier Ruiz-Albert¹, Carmen R. Beuzón¹

¹Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea, Universidad de Málaga-Consejo Superior de Investigaciones Científicas (IHSM-UMA-CSIC), Depto. Biología Celular, Genética y Fisiología, Campus de Teatinos s/n, Málaga, E-29071-Spain; ²Department of Computational Biology, University of Lausanne, Lausanne, Switzerland; ³Department of Fundamental Microbiology, University of Lausanne, Lausanne, Switzerland; ⁴Departamento de Microbiología, Facultad de Farmacia, Universidad de Sevilla, Sevilla, Spain; ⁵Aix Marseille Université, CNRS, LCB UMR7283, IMM, Marseille, France; ⁶Biozentrum, University of Basel, Basel, Switzerland

Cell-to-cell variation in the transcriptional expression within isogenic populations is a common response to changing environments within the bacterial world. The biological relevance of this phenotypic heterogeneity has been demonstrated for few paradigmatic examples in the virulence of animal pathogens. We described the first example of such phenomenon in the model plant pathogen *Pseudomonas syringae* for the phenotypic heterogeneity of the type III secretion system (T3SS) and the formation of bistability (a T3SS^{ON} and a T3SS^{OFF} subpopulations). Now we investigate single-cell flagellar expression in relation to T3SS expression and describe that both systems independently undergo phenotypic heterogeneity throughout plant colonization. We find that although as reported flagellin is downregulated inside the plant, it is still expressed by part of the bacterial population that maintains high expression levels during colonization of the apoplast. We show that expression of the T3SS and flagellar systems displays counter regulation at the single-cell level as supported by a preponderance of T3SS^{ON}/Flagella^{OFF} and T3SS^{OFF}/Flagella^{ON} subpopulations. We analyze the biological implications of heterogeneity and establish that high expression of these system carries growth penalties. Stochastic, spatial and time factors shape dynamics of a phenotypically diverse population during the expansion of microcolonies formed in the apoplast, which displays division of labor during colonization: T3SS^{ON} bacteria effectors act as ‘common goods’ to suppress immunity, allowing the increase of motile bacteria that actively leave the infected tissue before necrosis. This is one of the few examples where phenotypic heterogeneity is analyzed in natural conditions within the context of host colonization.

We wish to thank Antonio García, scientific illustrator from Bio-Graphics; Adela Zumaquero and Pablo García Vallejo for technical assistance and Inmaculada Ortiz-Martín for her contribution to preliminary experiments. This work was supported by project grants from Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades (MCIU, Spain, RTI2018-095069-B-I00 and PID2021-127245OB-I00) awarded to CRB and JRA) and “ERDF A way of making Europe”. NLP received funding as a Short-Term Training Mission from COST ACTION SUSTAIN FA1208, supported by COST (European Cooperation in Science and Technology), FEMS research and training grant, and EMBO Scientific Exchange Grant. JSR was supported by Plan Andaluz de Investigación, Desarrollo e Innovación (PAIDI 2020). JSL and SVV were supported by the Swiss National Science Foundation (SNSF) through the Swiss National Centre of Competence in Research (NCCR) Microbiomes and through an Ambizione Fellowship to SVV (grant number: PZ00P3_202186). LA is funded by Aix-Marseille University (AMU) and the Centre National de la Recherche Scientifique (CNRS). MASR was supported by PID2020-116995RB-I00 funded by MCIN/AEI/ 10.13039/501100011033 and, as appropriate, by “ERDF A way of making Europe”.



Genome-wide identification and characterization of NB-LRR genes in wild olive and their expression in response to *Verticillium dahliae* infection

Beatriz Mascuñano¹, Begoña I. Antón-Domínguez², Carlos Agustí-Brisach², Rosario Blanco-Portales¹, José L. Caballero¹, Rafael M. Jiménez-Díaz², Fernando Pliego-Alfaro³, José A. Mercado³, Juan Muñoz-Blanco¹, Francisco J. Molina-Hidalgo¹

¹Department of Biochemistry and Molecular Biology, University of Cordoba, Edificio Severo Ochoa, Campus de Rabanales, E-14014 Córdoba. Spain; ²Agronomy Department, University of Córdoba. Edificio C4 Celestino Mutis. Campus de Rabanales, E-14014 Córdoba. Spain; ³Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea 'La Mayora' (IHSM-UMA-CSIC), Departamento de Botánica y Fisiología Vegetal, Universidad de Málaga, 29071 Málaga, Spain

Verticillium wilt of olive (VWO), caused by the phytopathogenic soil fungus *Verticillium dahliae* Kleb, is one of the most important and harmful diseases of the olive tree. The availability of wild olive (*Olea europaea* L. subsp. *europaea* var. *sylvestris*) germplasm banks is key for generating improved varieties. Its relevance has been demonstrated with *V. dahliae*, where the resistance to the defoliating pathotype has been evaluated in different collections of wild genotypes. Plants have evolved hundreds of resistance (R) genes to defend themselves against pathogens. Most of plant R genes encode proteins with the nucleotide-binding and leucine-rich repeat (NB-LRR) domains that interact with pathogen effectors to induce defense responses. Genome-wide identification and analysis of NB-LRR genes have been performed in several species. However, it is still unknown in wild olive. We have identified 202 putative NB-LRR genes in the wild olive genome, performed phylogenetic studies, as well as its chromosomal distribution, gene structure, protein motifs and gene ontology. The gene expression of NB-LRR genes in wild olive clones AC18 and AC15, previously shown as tolerant and susceptible to D *V. dahliae*, respectively, reported a group of NB-LRR differentially expressed. Among them, we selected OeuNB-LRR94, whose expression was higher in the tolerant AC18 clone, and mainly expressed in the stem. Furthermore, it was observed that the expression of OeuNB-LRR94 was induced in the tolerant AC18 clone upon infection with *V. dahliae*. Constitutive heterologous expression of OeuNB-LRR94 in *N. benthamiana* resulted in an apparent increase of the resistance against the *V. dahliae* infection, but further research is required to disentangle the mechanism underlying this improvement of resistance. In summary, these data suggest that the NB-LRR gene family is a potential target for the genetic improvement of olive tree against verticillium wilt.

This work was funded by the Andalusian Regional Council (P18-RT-1933) and Fund. Torres Gutierrez. FJMh is supported by the program "Juan de la Cierva-Incorporación" (IJC2020-045526-I), funded by MCIN/AEI/10.13039/501100011033 and the European Union. "NextGenerationEU"/PRTR.



Topical application of dsRNA-nanocomposites for the control of plant DNA and RNA viruses

Sara Zarrabi^{1,2}, Emanuel Martínez-Campos¹, Carmen Rangel¹, Josemaría Delgado-Martín³, Ayyoob Arpanaei⁴, Masoud Shams-bakhsh², Leonardo Velasco¹

¹Laboratorio de Fitopatología, Instituto Andaluz de Investigación y Formación Agraria (IFAPA), Churriana, Málaga, Spain; ²Department of Plant Pathology, Faculty of Agriculture, Tarbiat Modares University, Tehran, Iran; ³Centro de Protección Vegetal y Biotecnología, Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias (IVIA), Moncada, Valencia, Spain; ⁴Scion, Private Bag 3020, Rotorua 3046, New Zealand

The control of emerging viruses in current agriculture confronts many challenges, including the appearance of new strains or the arrival of new species, requiring a multidisciplinary approach. The usual methods for the control of these pathogens are based on management practices, vector control, seed control, etc., and the introgression of genetic resistance in cultivars. But the development of resistances by classical genetic methods is a costly and time-consuming process. A promising alternative is the control of these pathogens by means of the so-called SIGS (*Spray-Induced Gene Silencing*) that consists of topical treatments with specific molecules derived from the viruses as double-stranded RNA (dsRNA), triggering the plant defense mechanisms. Topical application of dsRNAs can be facilitated by nanoparticle delivery. In this work, we show the control of two viruses, the potyvirus turnip mosaic virus (TuMV) and the curtovirus beet curly top virus (BCTV) by dsRNA nanocomposites with carbon dots or mesoporous silica nanoparticles in *Nicotiana benthamiana*. The entry and processing of the dsRNAs into the plants was verified by HTS of small RNAs, identifying siRNAs that aligned to the segments of the virus genomes from which the constructs for obtaining these molecules were obtained. In the case of TuMV, the disease was significantly reduced in terms of plant weight, viral titers, symptoms, photosynthetic capacity, in the dsRNA-treated plants. Moreover, when the treatments were carried out with dsRNAs as nanocomposites, the differences were even more noticeable with respect to untreated inoculated plants. In the case of BCTV, a significant delay in symptoms appearance was observed after the treatments with the dsRNA nanocomposites, but not with the naked dsRNAs. Interestingly, viral titers were reduced either with the naked or the nanoparticle-delivered dsRNAs. Differential expression of miRNAs was also investigated between untreated and uninoculated plants, inoculated plants and dsRNA-treated plants.

This work was funded by grant PID2021-125787OR-C32 from the Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades (MICIU). S. Zarrabi acknowledges the Ministry of Science, Research and Technology of Iran for a visitor scientist grant.



From DNA Damage to Defense: ATM and ATR Mediated Immune Responses Triggered by Extracellular Self-DNA

Isaac Vega-Muñoz^{1,3†}, Alfredo Herrera-Estrella², Octavio Martínez-de la Vega², Martin Heil¹

¹Laboratorio de Ecología de Plantas, Departamento de Ingeniería Genética, Centro de Investigación y de Estudios Avanzados (CINVESTAV) – Unidad Irapuato, Irapuato, Guanajuato, México; ²Laboratorio Nacional de Genómica para la Biodiversidad, Centro de Investigación y de Estudios Avanzados (CINVESTAV) – Unidad de Genómica Avanzada, Irapuato, Guanajuato, México; ³Plant Immunity and Biochemistry Group, Department of Biology Biochemistry and Natural Sciences, Universitat Jaume I, Avd. Vicente Sos Baynat S/N, 12071, Castelló, Spain

† Current Address

In recent years a new role for DNA has emerged in plants, to act as damage-associated molecular pattern (DAMP). When DNA is found in aberrant locations it can trigger immune responses. These observations strongly suggest that there is a mechanism that senses DNA and induces an immune response, unfortunately, no DNA receptor has been identified for plants. However, there is emerging evidence of highly integrated responses between the DNA Damage Response (DDR) and DNA-triggered immunity such as DNA damage sensors or DNA repair enzymes that have been identified to directly interact or functionally connect with immune responses in plants, providing a promising framework to understand how DNA as a DAMP, induces immune responses. In this work we conducted experiments using *Arabidopsis thaliana* Col-0 plants and treated them with self-DNA, as well as nonself-DNA from *A. thaliana* Cvi-0 plants, or nonself-DNA from broccoli (*Brassica oleracea*). We observed a highly self/nonselfDNA-specific induction of H₂O₂ formation, as well as for the hormones jasmonic acid (JA) and salicylic acid (SA). Mutant lines lacking the master kinases ataxia telangiectasia mutated (ATM) or ATM and Rad3-related (ATR), which are involved in the DDR, showed a differential induction of JA in response to DNA treatments but completely failed to induce H₂O₂ or SA. Additionally, we observed H₂O₂ formation in response to in situ damaged self-DNA from plants treated with bleomycin, SA, or infected with virulent bacteria *Pseudomonas syringae* pv. tomato DC3000 or *P. syringae* pv. *glycinea* (avrRpt2+), but not in response to DNA from H₂O₂-treated plants or challenged with non-virulent *P. syringae* pv. *glycinea* (avrRpt2-). Both ATM and ATR are necessary for the complete activation of the plant immune response to extracellular DNA. However, an unidentified mechanism allows for the self/nonself-differential activation of the JA-dependent wound response.

This research was funded by the Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACYT) de México, grants number 661846 to IV-M and 278283 to MH.



Peroxin PEX11a role during incompatible interaction *Arabidopsis thaliana*-*Pseudomonas syringae*

Eliana Molina-Moya, María Rodríguez-Serrano, M. Ángeles Peláez-Vico, Luisa M. Sandalio, María C. Romero-Puertas

Stress, Development and Signaling in Plants Department. Estación Experimental del Zaidín, CSIC, Granada, Spain

Reactive oxygen and nitrogen species (ROS/ RNS) function as signal molecules participating in plant development and plant response to stress. In excess however, they can cause severe oxidative damages to macromolecules. Peroxisomes are probably the most important source of ROS production in photosynthetic tissues, participating in the regulation of the redox state of the cell since they also produce RNS and have a complete antioxidant system (Sandalio et al., 2021). These organelles showed high plasticity and dynamic, being considered stress sensors, since in response to different stimuli they are capable of proliferating and/or producing dynamic extensions called peroxules, dependent on ROS and RNS (Terrón-Camero et al., 2020). Peroxins (PEX) are proteins involved in peroxisome biogenesis and in particular, peroxin PEX11a has recently been shown to be necessary for the formation of peroxules (Rodríguez-Serrano et al., 2016). Very little is known about the participation of peroxisomes in the plant response to pathogens. In this work, PEX11a role in the plant response during the interaction *Arabidopsis thaliana*-*Pseudomonas syringae* containing the effector protein AvrB has been studied using WT plants and PEX11a mutants, generated by CRISPR-Cas9 technology. Our results suggest that PEX11a may act as a sensor of redox changes and regulate ROS-dependent signaling playing an important role in plant immunity.

Rodríguez-Serrano M, Romero-Puertas MC, Sanz-Fernández M, Hu J, Sandalio LM (2016) Plant Physiol 171: 1665–1674.

Sandalio LM, Peláez-Vico MA, Molina Moya E, Romero-Puertas MC (2021) Plant Physiology 186, 22-35.

Terrón-Camero LC, Rodríguez-Serrano M, Sandalio LM, Romero-Puertas MC (2020) Plant Cell Environ 43: 2492–2507.

This study was funded by Ministry of Science and Innovation/FEDER funds/State Research Agency (PGC2018-098372-B-100; PID2021-122280NB-I00)). E M-M was supported by a University Staff Training Program (FPU) fellowship from the Spanish Ministry of Education, Culture and Sports of Spain.



Self-DNA induces plant resistance against the western flower thrips *Frankliniella occidentalis* through callose accumulation.

Leila Rassizadeh, Raquel Cervero, Víctor Flors, Jordi Gamir

Plant Immunity and Biochemistry Group, Department of Biology Biochemistry and Natural Sciences,
Universitat Jaume I, Avd. Vicente Sos Baynat s/n, Castellón, Spain

The recognition of self-DNA in aberrant compartments is a danger signal that triggers innate immune responses in both plants and animals. We study plant immune responses after self-DNA application and the molecular mechanisms behind self-DNA-induced resistance (sDNA-IR). For example, a screening of defence signalling marker genes following self-DNA treatment in *Arabidopsis thaliana* showed induction in relevant markers mediating signalling by ROS species, calcium influx and kinase cascades. However, our understanding of whether self-DNA perception can reduce damage caused by herbivorous insects is still restricted. Here, we demonstrated that self-DNA treatment in *Arabidopsis* leaves induced plant resistance against the herbivorous insects *Frankliniella occidentalis* (Pergande) and *Myzus persicae* (Sulzer) without compromising the plant's growth. Additionally, we showed that induced resistance in self-DNA-treated plants is followed by H₂O₂ and callose accumulation in the affected area, and by using a callose-deficient mutant, we found a positive role of callose in self-DNA-IR. Finally, transcriptome analysis showed that this sDNA-IR could be associated with the induction of glucosinolate-dependent genes. Although more study is required to elucidate the molecular mechanisms behind sDNA-IR, our study reveals further evidence for the role of self-DNA inducing the innate immune system against insect pests.



SESIÓN IV

Interacciones Multitróficas



From able to reliable: understanding microbe-induced resistance in a multitrophic context for optimizing agronomic applications

Beatriz Ramirez-Serrano^{1,2}, Zhivko Minchev¹, Marina Querejeta Coma², Victor Flors³, David Giron², Maria J. Pozo¹

¹Department of Soil and Plant Microbiology, Estación Experimental del Zaidín (CSIC), Granada, Spain; ²Institut de Recherche sur la Biologie de l'Insecte (IRBI) - UMR 7261 CNRS/Université de Tours, Tours, France; ³Metabolic Integration and Cell Signaling Group, Plant Physiology Section, Unidad Asociada al Consejo Superior de Investigaciones Científicas (EEZ-CSIC)-Department of Biology, Biochemistry and Natural Sciences, Universitat Jaume I, Castellón, Spain

Evidence supporting the effectiveness of microbe-induced resistance (microbe-IR) against pests is solid. While its potential in agrotechnology is undeniable, the intricate multitrophic interactions inherent in agricultural systems pose limitations to its applicability. Understanding the mechanisms driving microbe-IR and the key factors modulating its efficacy is crucial for optimizing it. Despite being physically separated, soil-borne microbes can impact the fitness of foliar-feeding insects via plant-mediated effects, largely by altering the accumulation of defense related secondary metabolites. These metabolites often offer dual functions, both antimicrobial and insecticide. This suggests that the target of plant defenses could extend beyond the herbivores themselves to act on their microbiomes. This might also be contingent upon various factors such as the identity of the soil microbe, the insect's feeding specialization, or the herbivore's reliance on functional microbial support. We conducted multiple experiments in various setups, including a commercial production trial, to evaluate different plant-beneficial bacteria and fungi for their effectiveness in microbe-IR against insect pests. Our studies include various species of insects, a generalist leaf-chewer (*Spodoptera exigua*) and a specialist leaf-miner (*Tuta absoluta*). We have demonstrated effective plant protection by arbuscular mycorrhizal fungi (AMF), *Trichoderma* spp., and plant growth-promoting rhizobacteria (PGPR). We have delved into potential mechanisms underlying microbe-IR by these microorganisms by exploring changes in the plant defensive capacity through untargeted metabolomics. We have also investigated the effects of microbial root-inoculations on the gut bacterial community of caterpillars via 16S rRNA gene metabarcoding. We found correlations between altered insect performance and modifications in their microbiota. We identified metabolites with primed accumulation in the plants displaying microbe-IR, and tried to functionally characterize them, but testing the insecticidal efficacy of these bioactive compounds to impair herbivores development. These findings illustrate the complexity of microbe-IR functionality and shed light on the underlying mechanisms, and provides the basis for strengthening microbe-IR reliability in agronomic applications.

This work has received funding from the European Union's Horizon 2020 Research and Innovation programme, EU-ITN project MiRA "Microbe Induced Resistance to Agricultural Pests", under grant agreement No 765290.



Polyamine metabolism plays a relevant role in *Trichoderma*-induced pest resistance in tomato

Iván Manuel Fernández López¹, Pedro López Gómez¹, Sara Comerón Tabernero¹, Ana Isabel González Hernández^{2,3}, Gemma Camañes Querol³, Víctor Flors⁴, Ainhoa Martínez Medina¹

¹Molecular AgroEcology Laboratory (MOLECOLAB), Institute of Natural Resources and Agrobiology of Salamanca (IRNASA-CSIC), 37008, Salamanca, Spain; ²Superior Polytechnic School of Zamora, University of Salamanca, 49029, Zamora, Spain; ³Biochemistry and Biotechnology Group, Universitat Jaume I, 12071, Castellón de la Plana, Spain; ⁴Plant Immunity and Biochemistry Laboratory, Department of Biology, Biochemistry and Natural Sciences, Universitat Jaume I, 12071, Castellón de la Plana, Spain

Polyamines are molecules involved in plant development and defense responses against abiotic and biotic stresses, including insect pests. The biosynthesis of polyamines in tomato plants is mainly driven by arginine decarboxylase (ADC) and ornithine decarboxylase (ODC) enzymes. The beneficial soil fungus *Trichoderma harzianum* induces systemic resistance in different plant species, priming plant defenses against pathogens and pests. We hypothesized that polyamine metabolism is involved in *Trichoderma*-induced resistance in tomato plants against the foliar herbivore *Spodoptera exigua*. To test this hypothesis, we first explored the impact of *Trichoderma* inoculation on the polyamine-related response of tomato plants to herbivory. We found that *Trichoderma* primed specifically the ADC-biosynthesis pathway of polyamines, and also it enhanced the expression of genes related to the polyamine conjugates biosynthesis. By contrast, *Trichoderma* inoculation did not affect the ODC-biosynthetic pathway. Interestingly, by using the tomato lines *SilADC* (Knock-down in arginine-decarboxylase) and *SilODC* (Knock-down in ornithine decarboxylase) we found that *Trichoderma*-induced resistance in tomato against *S. exigua* requires both biosynthetic pathways.

Our research was supported by the projects PID2021-128318OA-I00 funded by MCIN/AEI/10.13039/501100011033 and “ERDF A Way of Making Europe; Ramón y Cajal grant RYC2020-030727-I from MICIN; Junta de Castilla y León and European Union (FEDER “Europe Drives Our Growth;” CLU-2019-05-IRNASA/CSIC Unit of Excellence); and the program for strengthening research structures “Stairway to Excellence,” cofounded by the European Regional Development Fund.



Efecto de *Trichoderma harzianum* en el comportamiento del pulgón (*Macrosiphum euphorbiae*) en planta de tomate

Vittoria Caccavo ¹; Gemma Clemente-Orta²; Donatella Battaglia ¹; Alberto Fereres²;
Elisa Garzo²

¹ School of Agricultural, Forestry, Food and Environmental Sciences (SAFE), University of Basilicata, Viale dell'Ateneo Lucano 10, 85100 Potenza, Italy; ² Instituto de Ciencias Agrarias – Consejo Superior de Investigaciones Científicas (ICA-CSIC). Calle de Serrano 115 dpdo, 28006 Madrid, Spain

Los hongos endófitos pertenecientes al género *Trichoderma* colonizan las raíces de las plantas, promueven su crecimiento y son capaces de activar las defensas tanto directas como indirectas de su planta huésped frente a artrópodos fitófagos como los pulgones. El objetivo de este trabajo fue evaluar el efecto indirecto de la colonización en plantas de tomate de la cepa *Trichoderma harzianum* T22 sobre el comportamiento y desarrollo del pulgón *Macrosiphum euphorbiae* (Thomas).

El estudio se realizó con dos clones de *M. euphorbiae* (Me1 y Me2) y se evaluó: 1) la preferencia de asentamiento del pulgón por plantas colonizadas y no colonizadas con *T. harzianum* 2) la reproducción, mortalidad y crecimiento poblacional del pulgón y 3) el comportamiento de prueba y alimentación del pulgón utilizando la técnica de gráficos de penetración eléctrica (EPG). Los resultados indicaron que ambos clones del pulgón *M. euphorbiae* prefirieron asentarse en las plantas no colonizadas frente a las colonizadas por *T. harzianum* (Me1: 57,3% vs 42,7% y Me2: 56% vs 44% respectivamente). La colonización con *T. harzianum* no afectó significativamente a los parámetros de vida del pulgón. El comportamiento de prueba y alimentación solo se vio afectado en el clon Me2 observándose una reducción significativa del número de contactos floemáticos (salivación e ingestión floemática) y un aumento del tiempo necesario para realizar una ingestión continuada de savia floemática en plantas colonizadas (134,4±18,3 min) frente a no colonizadas por *T. harzianum* (84±14,5 min). Sin embargo, no se observaron diferencias significativas en la duración del tiempo de ingestión (E2>10 min: 276±23 vs 285,5±2,1 min; control vs *T. harzianum* respectivamente). Como conclusión de estos resultados podemos decir que las plantas colonizadas con *T. harzianum* fueron menos atractivas para los pulgones, pero no se observaron grandes cambios ni en el desarrollo del pulgón ni en su comportamiento alimentario.



La resistencia inducida por micorrizas en cítricos frente a *Tetranychus urticae* se correlaciona de forma inversa con la resistencia basal propia de la especie

María Manresa-Grao, Victor Flors, Paloma Sánchez-Bel, Josep A. Jaques, Victoria Pastor

Plant Immunity and biochemistry Laboratory, Biology, Biochemistry and Natural Sciences. Unidad Asociada al Consejo Superior de Investigaciones Científicas, Universitat Jaume I, Castelló, Spain

La asociación beneficiosa *Rhizophagus irregularis* con plantas de cítricos se manifiesta en el incremento de resistencia de éstas frente al ataque por *Tetranychus urticae* (fenómeno llamado MIR, mycorrhizal-induced resistance), a nivel local independientemente de la resistencia basal de la variedad. En cambio, en cuanto a la resistencia sistémica, hay diferencias entre las dos variedades. Por una parte, la variedad resistente a araña roja, *Citrus aurantium*, no muestra una inducción de defensas sistémica, mientras que en plantas de cítrico sensibles (*Citrus reshni*) la resistencia inducida por la micorriza se manifiesta tanto a nivel local como a nivel sistémico, llegando incluso al aumento de las defensas indirectas. Aunque en ambos casos (variedad resistente y sensible) se comparten rutas de defensa, como el priming de genes dependientes de JA y la ruta fenilpropanoide, en el caso de la variedad susceptible, la protección mediada por la micorriza implica al ácido abscísico y el metabolismo intacto de los flavonoides, con un claro priming del gen *C4H*. Mediante análisis metabolómico no dirigido hemos llegado a identificar compuestos derivados flavonoides, que presentan perfil de priming en plantas micorrizadas e infestadas, contribuyendo de esta manera a la resistencia local. Además, las plantas micorrizadas son capaces, por una parte, de alterar su propio volatiloма, haciendo a la planta más atractiva para el enemigo natural *Phytoseiulus persimilis* con respecto al control (no micorrizado); y, por otra parte, son capaces de alterar el comportamiento de la araña, eliminando la atracción natural hacia la variedad susceptible. En conjunto, la efectividad de MIR en cítricos se correlaciona de forma inversa la resistencia basal, confiriendo en la variedad susceptible protección polifacética, basada sobre todo en la acumulación de algunas flavonas específicas y el priming the JA.

Agradecemos al SCIC (Servicios Centrales de instrumentación Científica) de la Universitat Jaume I su apoyo en la parte técnica y a los proyectos RTI2018-094350-BC33/PID2021-124813OB-C32 del MCIN/AEI/10.13039/501100011033



Bacillus mycoides* bacteria en diálogo con la planta para combatir *Botrytis cinerea

Marta Orero-Bayo¹, Nadira Oukala², Victoria Pastor¹

¹Plant Immunity and Biochemistry Group, Biochemistry and Molecular Biology Section, Department of Biology, Biochemistry and Natural Sciences, Universitat Jaume I, Avd. Vicent Sos Baynat 12071 Castelló de la Plana, Spain; ²Laboratory of Valorization and Conservation of Biological Resources, Department of Biology, University of M'hamed Bougara, 35000, Boumerdes, Algeria.

Las plantas están constantemente sometidas a estreses tanto abióticos como bióticos, pero han evolucionado para poder hacerles frente. En esta lucha contra los diversos estreses a los que están sometidas, no están solas. Algunos microorganismos beneficiosos pueden aumentar las defensas de las plantas y ayudarlas a sobrevivir. Entre estos microorganismos beneficiosos, las bacterias endófitas son de los microorganismos que mayor interés suscitan, ya que pueden penetrar en la planta a través de la rizosfera y llegar a colonizarla, sin producir ningún tipo de daño en la planta. En nuestro laboratorio se ha aislado e identificado a través de la secuenciación del gen *16S*, *Bacillus mycoides* aislado O2, que es capaz de colonizar plantas de tomate. Se trata de una bacteria endófitas que produce compuestos volátiles capaces de reducir el crecimiento de *Botrytis cinerea*, lo cual se ha confirmado a través de ensayos *in vitro* por medio de cultivos de doble capa. También se han realizado ensayos *in vivo* de resistencia frente a *B. cinerea*, tanto en invernadero como en cámaras de cultivo, y se ha visto que el aislado O2 es capaz de inducir las defensas de las plantas como el priming de calosa. Dado que *B. mycoides* es una bacteria presente en la rizosfera y que el primer contacto es con la zona radicular, hemos realizado un análisis metabólico no dirigido en raíces, colonizadas por la bacteria en diferentes tiempos de colonización. Con estos resultados podremos entender cómo es el diálogo químico entre ambos organismos para la planta permita la entrada de la bacteria.

Esta investigación ha sido financiada por el Ministerio de ciencia e innovación de España (PID2021-124813OB-C32) y por el programa AICO de la Generalitat Valenciana (CIAICO/2021/092)



Estudio multi-ómico de la resistencia inducida por micorrizas en plantas de tomate frente al hongo necrotrófico *Botrytis cinerea*

María Manresa-Grao¹, Maja Zagorscak², Marko Petek², Ziva Ramsak², Paloma Sánchez-Bel¹, Julia Pastor-Fernández³, Kristina Gruden², Víctor Flors¹, Victoria Pastor¹

¹Plant Immunity and biochemistry Laboratory, Biochemistry and Molecular Biology Section. Department of Biology, Biochemistry and Natural Sciences, Universitat Jaume I. Avd Vicente Sos Baynat s/n, 12071 Castellón, Spain; ²Department of Biotechnology and Systems Biology, National Institute of Biology, Ljubljana, Slovenia; ³Department of Biology, Western University, London, Ontario, Canada

El sistema inmune de las plantas puede ser estimulado mediante la asociación con organismos beneficiosos como los hongos micorrízicos arbusculares. Este proceso se denomina resistencia inducida por micorrizas (MIR) y confiere resistencia frente al hongo necrotrófico *Botrytis cinerea* mediante respuestas dependientes de ácido jasmónico. Algunos de estos rasgos defensivos incluyen una mayor acumulación de calosa en plantas micorrizadas infectadas, así como la biosíntesis de metabolitos especializados con propiedades antimicrobianas. En este trabajo, se han realizado cuatro análisis ómicos diferentes incluyendo RNA-seq, proteómica, fosfoproteómica y metabolómica para obtener una visión holística de los mecanismos que regulan MIR en los diferentes niveles moleculares. Por un lado, proteínas, fosfoproteínas y genes diferencialmente expresados como TBL34, ET66 y LHT8, entre otros, indican que el ácido jasmónico, etileno y ácido beta-aminobutírico pueden tener un rol importante en MIR frente a la infección por *B. cinerea*. Estos resultados están correlacionados con una mayor acumulación de metabolitos primarios y secundarios con propiedades antibióticas como los aminoácidos, los lignanos y los flavonoides.

Este trabajo ha sido financiado por la beca RTI2018-094350-B-C33 del Ministerio Español de Ciencia, Innovación y Universidades (MICIU) y PDC2022-133600-C22 de la Agencia Estatal de Investigación (AEI). Agradecimientos a la beca predoctoral PRE2019-088662, para María Manresa y al PRIMA-INTOMED.



Efecto de un inóculo microbiano sobre los mecanismos de defensa en plataneras infectas por *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* (STR4)

Raquel Correa-Delgado¹, Juan M García Ramírez², Zhivko Minchev², Victor Flors, María Quintana González de Chaves¹, Patricia Brito-López¹, Federico Laich¹, María J. Pozo², María C. Jaizme Vega¹

¹ Departamento de Protección Vegetal. Instituto Canario de Investigaciones Agrarias. Santa Cruz de Tenerife. España; ²Departamento de Microbiología del Suelo y Sistemas Simbióticos, Estación Experimental del Zaidín, CSIC, Granada, España; ³Department of BBiCN, Universidad Jaume I, Castellón, España

La raza subtropical 4 de *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* (Foc-STR4) causa la enfermedad del mal de Panamá en los cultivos de plátano de las Islas Canarias. Hasta el momento no existen métodos de control eficaces, y hay un gran interés en el uso de microorganismos beneficiosos para el control biológico como alternativa sostenible al uso de plaguicidas químicos en este cultivo. El objetivo del trabajo fue analizar el efecto de la inoculación con hongos micorrízicos arbusculares en la interacción de las plantas de platanera con el patógeno Foc-STR4. El bioinoculante se aplicó a plántulas procedentes de cultivo *in vitro*, y posteriormente se infectaron con Foc-STR4. Cuatro tratamientos (control –no micorrizadas-, micorrizadas, no micorrizadas con Foc-STR4, y micorrizadas con Foc-STR4) fueron analizados a distintos estadíos: 10, 20, 30, 120 días después de la infección con el patógeno. Se analizaron la incidencia de la enfermedad, los niveles de patógeno en los tejidos y parámetros biométricos de la planta. Además, se investigaron los mecanismos responsables de los cambios observados comparando los niveles de expresión de genes de defensa y de fitohormonas relacionadas con defensa en los distintos tratamientos. Las plantas inoculadas mostraron una reducción significativa de la incidencia y severidad de la enfermedad: menor área de tejido necrosado, mayor desarrollo foliar y pseudotallo con respecto al control de Foc-STR4, así como menores niveles de patógeno en los tejidos. El análisis molecular de las respuestas de defensa de la planta mostró un incremento en la acumulación de hormonas (SA y SAG) en las plantas inoculadas, así como una mayor inducción en la expresión de genes de defensa relacionados con respuestas a estrés oxidativo y la señalización por jasmonatos. Los datos muestran que la bioinoculación redujo eficientemente los daños causados por FOC-STR4 y que la protección está asociada a un preconditionamiento o *priming* de las defensas de la platanera.



Mycorrhizal symbiosis increases natural enemy attraction upon herbivory: a case study with *Tuta absoluta* / *Nesidiocoris tenuis* in tomato

Juan M. García¹, Marina Garcia-Alonso¹, María Luisa Fernandez², Rosa Esmeralda Becerra-García³, Zhivko Minchev¹, Rafael Núñez³, María J. Pozo¹, Emilio Benítez², Martín Aguirrebengoa²

¹Department of Soil and Plant Microbiology, Estación Experimental del Zaidín (CSIC), Spain; ²Department of Biotechnology and Environmental Protection, Estación Experimental del Zaidín (CSIC), Spain; ³Laboratorio de Control Biotecnológico de Plagas, Instituto de Biotecnología y Biomedicina (BIOTECMED), Universitat de València, 46100-Burjassot, València, España; ⁴Scientific Instrumentation Service, Estación Experimental del Zaidín (CSIC), Spain

The leaf miner *Tuta absoluta* (Meyrick) (Lepidoptera: Gelechiidae) is a devastating pest in tomato crops, causing important production and economic losses worldwide. The use of biological control strategies, such as releases of the predator *Nesidiocoris tenuis* Reuter (Heteroptera: Miridae), have demonstrated to be an effective alternative to chemical control strategies. Further, plant inoculation with beneficial soil microorganisms such as arbuscular mycorrhizal fungi can prime plant direct and indirect defenses, leading to induced resistance to insect herbivores. Indeed, recent studies show that mycorrhizal symbiosis induces resistance in tomato plants against *T. absoluta*, increasing larval mortality and reducing plant damage. However, little is known about how mycorrhizal inoculation affects tomato plant indirect defense and *N. tenuis* attraction upon *T. absoluta* infestation. Here we performed different dual-choice olfactometer bioassays with *N. tenuis*, while quantified plant volatile emission. Mycorrhizal inoculation increased *N. tenuis* attraction in response to *T. absoluta* herbivory. Our results indicate that mycorrhizal plants modulate plant volatile profiles upon *T. absoluta* damage increasing *N. tenuis* attraction. The combination of mycorrhizal inoculation and *N. tenuis* releases appears to be a promising and synergistic strategy for sustainable control of *T. absoluta*.

This work is supported by grant P20_00139 funded by Junta de Andalucía, and MCIN/AEI/ PID2021-124813OB-C31 and by “ERDF A way of making Europe”, by the “European Union”.



Herbivory-driven rhizosphere microbial assembly affects plant phenotype differently in tomato and sunflower

Pablo Manuel Rodríguez Blanco¹, Guadalupe Zitlalpopoca Hernández¹, María Gloria González Holgado¹, Iván Manuel Fernández López¹, Lorena Carro², Ainhoa Martínez Medina¹

¹Molecular AgroEcology Laboratory (MOLECOLAB), Institute of Natural Resources and Agrobiology of Salamanca (IRNASA-CSIC), 37008, Salamanca, Spain; ²Microbiology and Genetics Department, University of Salamanca, 37007, Salamanca, Spain

Plants shape soil microbial legacies in a process referred to as plant-soil feedback. Plant root exudates greatly contribute to the assembly of a plant-specific microbiome. In turn, this microbiome affects plant growth and defense, and overall fitness of present and future plants growing on the same soil. Several studies show that abiotic and biotic stresses further influence bacterial and fungal communities in the rhizosphere. Some studies have demonstrated that, via this process, plants can recruit specific microbial taxa to help minimize the damage caused by the stress. However, whether and how insect herbivory influences the dynamic and the outcomes of plant-soil feedback in crop species remains little explored. We hypothesized that leaf herbivory by *Spodoptera exigua* affects the dynamic of plant-soil feedbacks in the crop species tomato (*Solanum lycopersicum*) and sunflower (*Helianthus annuus*); and that the outcomes of herbivore-plant-soil feedback are species-specific. To test these hypotheses, we conditioned the microbiome of a natural soil with the two plant species, both infested and not infested with *Spodoptera*. We first examined both the fungal and bacterial rhizosphere communities. These analyses have shown that plant species was the main factor driving the microbiome assembly, while herbivore effects in the microbiome were less pronounced in both systems (tomato and sunflower). Those different microbial legacies generated were used to inoculate new plants and their influence on growth and resistance plant phenotypes was assessed. We observed that the generated microbial legacies significantly affected plant growth and resistance to herbivory, however, the effects were plant-specific. We conclude that herbivore-plant-soil feedbacks impact the growth and resistance of subsequent plants, however, this effect is highly species-specific.

Our research was supported by the projects PID2021-128318OA-I00 funded by MCIN/AEI/10.13039/501100011033 and "ERDF A Way of Making Europe; Ramón y Cajal grant RYC2020-030727-I from MICIN; Junta de Castilla y León and European Union (FEDER "Europe Drives Our Growth;" CLU-2019-05-IRNASA/CSIC Unit of Excellence); and the program for strengthening research structures "Stairway to Excellence," cofounded by the European Regional Development Fund.



Descubrimiento de virus de ARN de poblaciones españolas de la polilla del tomate *Tuta absoluta*

Rosa Esmeralda Becerra-García, Luis Hernández-Pelegrín, Cristina Crava, Salvador Herrero

Laboratorio de Control Biotecnológico de Plagas, Instituto de Biotecnología y Biomedicina (BIOTECMED), Universitat de València, 46100-Burjassot, València, España

Las interacciones multitróficas entre plantas-insectos-entomopatógenos constituyen sistemas dinámicos y complejos que desempeñan un papel fundamental en la ecología y evolución de los ecosistemas. Los entomopatógenos pueden ocasionar enfermedades en los insectos e incluso modificar las respuestas defensivas de las plantas. La secuenciación de alto rendimiento ha revelado una gran diversidad de virus de ARN en la microbiota de los insectos, los cuales pueden influir en la dinámica tanto de los insectos como de las plantas. Actualmente, la polilla del tomate, *Tuta absoluta*, originario de Sudamérica y establecido en España desde 2006, representa una amenaza global para los cultivos de tomate. Por consiguiente, descifrar su viroma resulta esencial para estudiar las interacciones entre este insecto y su huésped vegetal. En este estudio, se emplearon métodos metatranscriptómicos y análisis bioinformáticos para caracterizar el viroma de ARN de *T. absoluta* a partir de muestras recolectadas en diferentes ubicaciones geográficas de España. El análisis de 16 metatranscriptomas reveló la presencia de 24 secuencias virales, incluyendo siete virus específicos de insectos (ISV), 13 de hongos y cuatro de plantas. De los ISVs identificados, ninguno estuvo presente en las 16 muestras evaluadas, sin embargo, el virus del mosaico del tomate (ToMV) y el virus de la clorosis del tomate (ToCV) fueron los más prevalentes. Adicionalmente, se evaluó la abundancia y prevalencia de los virus en transcriptomas de poblaciones de *T. absoluta* de diferentes países, disponibles en NCBI, destacando la presencia generalizada de ToMV en todas las muestras evaluadas, sugiriendo futuras investigaciones para determinar el papel de *T. absoluta* como posible vector del virus. Este estudio representa la primera caracterización del viroma de ARN de *T. absoluta*, brindando información relevante para el estudio del impacto de estos microorganismos en la biología y ecología de este insecto y su interacción con su planta huésped.

Agradecimientos y Financiación: Investigación principalmente financiada por el proyecto PID2021-124813OB-C33 financiado por MCIN/AEI/10.13039/501100011033 y por FEDER Una manera de hacer Europa. REBG fue financiada por el programa Santiago Grisolia de la Conselleria de Innovación, Universidades, Ciencia y Sociedad Digital, con referencia CPI22259.



SESIÓN V

Aplicaciones de las Interacción Planta-Organismos en la Empresa Agrobiotecnológica



Cultivando el Futuro: Herramientas de Apoyo en el Desarrollo de Bioestimulantes Microbianos

Eva Sánchez Rodríguez

INNOPLANT

El objetivo de la empresa InnoPlant es desarrollar soluciones científico-técnicas para las empresas del sector agrícola. Actualmente está trabajando en una línea de microbiología agrícola para el desarrollo de productos microbiológicos con diferentes usos de interés. La empresa dispone de una línea propia de I+D y acuerdos comerciales con empresas del sector, por lo que demanda la colaboración con diferentes grupos de investigación que se encuentren trabajando en diferentes soluciones microbiológicas de interés. La empresa dispone de conocimiento en la parte de consorcios microbianos y registro de bioestimulantes



Soluciones para el análisis de patógenos y ensayos de alto rendimiento de la eficiencia de tratamientos fitosanitarios mediante fenotipado digital de las plantas

Sandra Cuni Vallduriola

IZASA SCIENTIFIC

Para la salud vegetal es clave la producción de fitosanitarios eficaces mediante herramientas de biología molecular y celular de alta eficiencia. El fenotipado digital de alto rendimiento está siendo cada vez más empleado como un ensayo fundamental de la eficiencia de estos productos fitosanitarios. Los fenotipos de las plantas cambian como respuesta a factores externos como el estrés y las enfermedades. Para el fenotipado fisiológico digital se utilizan tecnologías de imagen como la fluorescencia y la luminiscencia, la imagen hiperespectral o la imagen NIR/IR, que pueden revelar cambios bioquímicos en la proximidad de la superficie que no son detectables en la imagen de luz visible.

Además, el análisis del genotipo, y su correlación con el fenotipo, permite obtener una visión global para la investigación y el desarrollo tanto de cultivos resistentes a enfermedades producidas por patógenos como de productos fitosanitarios.



La influencia de los productos a base de bacterias en el reclutamiento de otros microorganismos beneficiosos, aumentando la diversidad del microbioma

Alejandro Navarro Galiano

ROVENSA NEXT

La biodiversidad del microbioma del suelo es la piedra angular de la salud de los suelos y tiene profundas implicaciones para la sostenibilidad de los ecosistemas y la productividad agrícola. En el centro de esta afirmación se encuentra una verdad fundamental: la intrincada red de vida microbiana del suelo cataliza procesos esenciales que son vitales para el ciclado de los nutrientes, su absorción y su uso eficiente por los cultivos, y la descomposición de la materia orgánica, entre otros beneficios para el equilibrio del ecosistema. Al fomentar la diversidad de especies microbianas, el microbioma del suelo mejora la disponibilidad de nutrientes y complementa o mejora la eficiencia en el uso de insumos externos como fertilizantes tradicionales. De ahí que el estudio del microbioma del suelo haya adquirido mayor relevancia al o largo de los años, con el desarrollo de tecnologías de secuenciación genómica para una visión holística, mostrando el potencial oculto de las comunidades de microorganismos. En este trabajo se presenta una novedosa solución bioestimulante basada en probióticos y prebióticos que, cuando se aplica al suelo, muestra la capacidad de "reclutar" otros tipos de microorganismos beneficiosos para las plantas y promover la abundancia de microorganismos beneficiosos ya existentes en los suelos. Los efectos positivos de este bioestimulante demostraron ser consistentes en una amplia gama de cultivos, climas, geografías (España y Brasil) y tipos de suelo. Cuando se evaluó en tomate, la aplicación produjo un aumento del rendimiento de hasta el 6,2%. Se detectaron géneros exclusivos de bacterias y hongos en la rizosfera tras la aplicación, especialmente en suelos de alta fertilidad. Entre el 24 y el 47% de estos nuevos géneros de bacterias y hongos tenían funciones que afectaban positivamente el rendimiento de los cultivos, como la descomposición de la materia orgánica, la fijación del nitrógeno, la promoción del crecimiento de las plantas o el alivio del estrés abiótico. Del mismo modo, en judías cultivadas en un suelo de alta fertilidad, la aplicación del producto dio lugar a un aumento del 19% y del 24% de la biomasa fresca de brotes y raíces, respectivamente. En ese tipo de suelo, el 4,5% de los géneros bacterianos, y hasta un 74% de los géneros fúngicos identificados fueron diferentes del tratamiento control. Además, cuando se probó en trigo, también se detectó una mayor biomasa microbiana global en respuesta al tratamiento. La actividad de diferentes enzimas del suelo, en particular las fosfatasa alcalina y ácida, también se vio afectada de forma consistente y positiva en estos ensayos, lo que explica algunos de los mecanismos desencadenados por este bioestimulante. Este trabajo revela la importancia de fomentar comunidades microbianas diversas en el suelo, que pueden liberar todo el potencial de los procesos naturales, favoreciendo una mayor diversidad e impulsando la productividad agrícola.



Biofertilización 2.0: las biomoléculas en la agricultura

Juan Antonio Terroba, Esau Megías

AGROGENIA

Las moléculas derivadas del metabolismo secundario de algunos microorganismos nos permiten formular inoculantes moleculares. Dichas moléculas, o metabolitos, presentan efectos que potencian los efectos positivos sobre la planta, actuando de forma sinérgica con los microorganismos constituyentes. En el desarrollo e investigación acerca de las moléculas que actualmente se utilizan y aquellas que, con toda seguridad, surgirán a lo largo de los años, se encuentra el futuro de la biofertilización.



Bioprospección de cepas de interés como microorganismos bioestimulantes y promotores del crecimiento

Chelo Escrig, Max Torrellas

AIMPLAS

- Bioprospección de cepas de interés como microorganismos bioestimulantes y promotores del crecimiento.
- Evolución dirigida de las cepas para mejorar la capacidad o actividad específica de las mismas.
- Incorporación de microorganismos en productos de plasticultura para conferir a estos productos plásticos carácter bioestimulantes y/o fitosanitarios



Uso de hongos micorrícicos y bacterias PGP para hacer frente a los nuevos desafíos de la agricultura

Elías Martínez de la Cuesta

BIOERA

Bioera es una empresa española especializada en la fabricación y comercialización de productos a base de hongos micorrícicos, bacterias PGP y sustancias bioestimulantes. Bioera cuenta con I+D y multiplicación microbiana propias para la formulación de productos, que proporcionan soluciones respetuosas con el medio ambiente mediante la protección, la estimulación, la nutrición y la optimización y mejora de la vida del suelo. La agricultura del siglo XXI está demandando insumos que ayuden a mejorar la tolerancia al estrés hídrico y salino; siendo los formulados con hongos micorrícicos un pilar natural muy importante. También se requieren productos que actúen como estimulantes de diferentes procesos fisiológicos, mejoren la disponibilidad de nutrientes optimizando los aportes de fertilizante y que ayuden en la protección frente a enfermedades causadas por patógenos, como serían los formulados basados en bacterias PGP. El proceso de selección de microorganismos y fabricación de los productos comienza en el laboratorio, con diferentes ensayos *in vitro*, seguido de ensayos en cámara de cultivo e invernadero, para finalizar en ensayos de campo, en los que se puede confirmar y mostrar a agricultores y técnicos del sector las diferentes estrategias desarrolladas. El objetivo de esta ponencia es dar a conocer nuestra visión de la agricultura, mostrando la forma en que estamos trabajando para hacer frente a los nuevos desafíos que tiene el campo. Esto, mediante el uso de programas que combinan la aplicación de consorcios microbianos y sustancias bioestimulantes para promover una agricultura rentable y sostenible.

Actualmente Bioera está trabajando en varias líneas de I+D que podrían estar potencialmente abiertas a proyectos de colaboración con centros de investigación. Entre ellas podemos destacar:

- Caracterización de mecanismos de actuación de bacterias fijadoras de nitrógeno del género *Bacillus* (*cepario propio*)
- Caracterización metabólica de la actividad ACC desaminasa (*cepario propio*)
- Sustancias bioestimulantes compatibles con microorganismos
- Mejora de procesos de multiplicación y downstream de microorganismos PGP
- Herramientas bioinformáticas en la caracterización de genes diana para el desarrollo de biofertilizantes



Aplicaciones de la interacción planta-otros organismos en la empresa agro-biotecnológica

Sonia González Méndez

INTRARADICE

Intra Radice S.L. es una empresa que presta servicios al sector de fabricantes y proveedores de bioestimulantes microbianos o naturales para uso en agricultura. Es el primer y único laboratorio que ha conseguido la Acreditación ENAC según los requisitos de la Norma UNE-EN ISO/IEC 17025 para ensayos con hongos micorrícicos en el año 2022 y aún la mantiene. Desarrolla técnicas y ensayos experimentales a nivel de laboratorio, fitotrón y/o invernadero que permiten poner en evidencia y cuantificar la presencia de microorganismos benéficos cuando son aplicados en suelos o materiales vegetales (hojas, frutos, raíces). Elabora estrategias basadas en el conocimiento de los nuevos componentes bacterianos y/o fúngicos con actividades fisiológicas diversas o con propiedades de biocontrol que requieren una puesta a punto de su dosificación y cadencia de aplicaciones, así como sus potenciales frente a interacciones con otros microorganismos patógenos. La vasta experiencia en la transferencia de tecnología brinda flexibilidad a Intra Radice a la hora de elaborar proyectos que compatibilicen la actividad académica con la comercial. Sus clientes cuentan, de esta manera, con un laboratorio externo para controles de calidad de sus bioestimulantes y disponen de un “consulting” que los puede acompañar en la aplicación optimizada de sus productos. Intra Radice se encuentra disponible para ofrecer y recibir colaboración en estas actividades innovadoras, e incluso participar en Proyectos conjuntos entre el sector privado y/o grupos de investigación de entidades Oficiales.



Assessing plant biotic interactions: A multiomics point of view

Luis Orduña Rubio

VALGENETICS

ValGenetics es una empresa comprometida con el desarrollo de una agricultura sostenible, profesionalizada, saludable, competitiva y rentable. Para ello aplicamos el conocimiento académico al desarrollo de respuestas científicas para las necesidades clave del sector agrícola, agroalimentario y biotecnológico. Con este objetivo, en ValGenetics centramos nuestra actividad investigadora en la generación de una agricultura con alto valor añadido, contando con un equipo científico-técnico multidisciplinar de expertos en fitopatología, microbiología, cultivo in-vitro, genética y bioinformática. Nuestras líneas de I+D se centran principalmente en el desarrollo de metodologías de precisión diagnóstica para el control de fitopatógenos presentes y futuros, la aplicación de técnicas de mejora genética para la generación de nuevas variedades vegetales y el estudio de la microbiota (beneficiosa y patogénica) y sus interacciones con las plantas. Todas las líneas de investigación se benefician de la aplicación de tecnologías ómicas y un análisis bioinformático puntero, que posteriormente se translada a los servicios ofrecidos a los clientes. Es por ello que Valgenetics ofrece una amplia gama de análisis bioinformáticos completamente personalizados para satisfacer las necesidades de cualquier cliente. Entre estos servicios, se ha desarrollado recientemente un pipeline de integración entre transcriptómica y metabolómica, que permite identificar de forma precisa genes potencialmente relacionados con la biosíntesis de metabolitos de interés, pudiendo ser clave en potenciales colaboraciones con la academia.



Actividad de las microalgas sobre enfermedades fúngicas en cultivos hortícolas

Alicia M^a González Céspedes

FUNDACIÓN CAJAMAR

El objetivo del presente estudio fue evaluar el efecto de 4 extractos de microalgas como agentes de control de los síntomas causados por los agentes fitopatógenos como *Oidiopsis* spp, y *Botrytis cinera*, en hojas infectadas de modo natural en cultivos de pimiento y pepino como en el caso de *Botrytis* infectados de forma artificial y en condiciones de laboratorio en hojas pimiento. Se prepararon los extractos mediante extracción con un disolvente a partir de los cultivos de las diferentes cepas, que por razones comerciales se las ha llamado BZN4; BZN5; BZN6 y BZN8. Los extractos fueron aplicados con una dosis de 10 mg/hoja sobre la hoja infectada, en el caso de las hojas infectadas por Oidio, se hicieron tres aplicaciones, en caso de la *Botrytis* se hicieron 2 aplicaciones, con una frecuencia de 2 a 3 días. En el control del Oidio, los diferentes extractos tuvieron un efecto diferente sobre el desarrollo del hongo. Desde las primeras aplicaciones del tratamiento BZN4-BP, los síntomas en las hojas fueron disminuyendo, mientras que en el resto de los tratamientos la aplicación de estos extractos no eliminó el hongo *Oidiopsis* spp., pero si ralentizó el crecimiento y desarrollo en las hojas de pepino y pimiento. La aplicación de los extractos de microalgas para el control de *Botrytis cinerea*, disminuyó la superficie infectada ligeramente empleando el extracto BZN4-BP (5,08%), siendo el tratamiento con menor porcentaje de superficie de hoja infectada. En los tratamientos BZN5-BP (8,13%) y BZN6-BP (6,64%), aunque el hongo siguió creciendo, su desarrollo fue inferior al tratamiento control (17,15%). En el caso del tratamiento BZN8-BP (17,81%), inicialmente el desarrollo del hongo *Botrytis cinerea* fue menor respecto al tratamiento control, al finalizar el ensayo alcanzó igual superficie de hoja afectada que el tratamiento control, no mostrando un efecto supresivo.

Agradecimientos y Financiación

Proyecto ALGAENAUTS, "Eco-friendly and sustainable new family of biopesticides based on microalgae via circular economy approach", convocatoria Blue Economy Window 2020, Comisión Europea, cofinanciado por el Fondo Europeo Marítimo Pesquero.

Proyecto ALCERES, "Economía circular para la producción de extractos bioestimulantes de microalgas mediante recuperación de Nitrógeno y Fósforo residual", convocatoria Colaboración Público Privada 2021, Ministerio de Ciencia e Innovación, cofinanciado tanto por el Ministerio de Ciencia e Innovación a través de la Agencia Española de Investigación y por la Unión Europea a través de los fondos NextGeneration.



Evaluación de la capacidad bioestimulante y antifúngica de un extracto de cebolla estandarizado en compuestos organosulfurados en cultivo de olivo

Ana Falcón-Piñeiro

DOMCA

El hongo *Verticillium dahliae* es responsable de la verticilosis del olivo, una de las enfermedades más amenazadoras para este cultivo y que se encuentra ampliamente distribuida en los países de la cuenca mediterránea. Durante los últimos años, *V. dahliae* ha causado importantes pérdidas económicas, afectando de forma severa principalmente a plantaciones de regadío, que presentan una tendencia al alza debido al impacto del cambio climático en las plantaciones de secano. Además, el escenario actual de emergencia climática, caracterizado por cambios en la intensidad y estacionalidad de las precipitaciones, se ha relacionado con una mayor incidencia de verticilosis. La búsqueda de soluciones más eficaces y sostenibles es una prioridad para el sector oleícola. El objetivo del presente trabajo ha sido evaluar la actividad bioestimulante y antifúngica de un extracto de cebolla estandarizado en compuestos organosulfurados en dos fincas experimentales de olivo de regadío en las que la presencia de *V. dahliae* estaba confirmada. Para ello se procesaron las muestras foliares procedentes de las parcelas control y tratamiento, se determinó la acumulación de malondialdehído (MDA) y reducción de Fe^{3+} a Fe^{2+} como marcadores de estrés, y se llevó a cabo la detección y cuantificación de *V. dahliae* mediante qPCR. Finalmente se llevó a cabo el análisis de los frutos. Los resultados obtenidos sugieren que el extracto de cebolla reduce la peroxidación lipídica, al observarse un descenso significativo de MDA en los olivos tratados, así como la severidad de la infección a través de la disminución de la población del hongo. Además, se ha establecido una correlación directa entre la aplicación del extracto y el porcentaje de grasa del fruto. A falta de más ensayos in planta, se puede concluir que el extracto de cebolla estandarizado en compuestos organosulfurados es una herramienta prometedora en el control integrado de la verticilosis.

El presente trabajo ha sido desarrollado en el marco del proyecto SALUD-OLIVAR, del Ministerio de Agricultura, Pesca y Alimentación y cofinanciado al 80% por el Fondo Europeo Agrícola de Desarrollo Rural – FEADER. Importe total de la ayuda aprobada: 384.830,96 €. Este estudio es parte del Doctorado Industrial de la doctoranda Ana Falcón Piñeiro, otorgado por la Agencia Estatal de Investigación del Gobierno de España, con la siguiente referencia: DIN2019-010792.



Microorganismos extremófilos, una aplicación práctica desde la empresa

Luis Salido Navarro

HEROGRA

Breve presentación de Herogra Group, antecedentes y desarrollos comerciales en biotecnología con perspectiva de empresa, y retos y demandas actuales en este aspecto.



Explorando suelo y planta: nuevas aproximaciones para la evaluación de bioestimulantes

Pedro Palazón, Alexia Stellfeldt

IDEAGRO

Para poder determinar la eficacia de un producto bioestimulante a base de microorganismos, o compuestos derivados de estos, es necesario tener en cuenta lo que ocurre en la planta y en el suelo. Para poder cuantificar lo que ocurre en el suelo en respuesta a un bioestimulante la medida más fiable y objetiva es la actividad enzimática del suelo. Esta herramienta, ha permitido conocer de una manera más profunda la relación entre microorganismos y los parámetros físico-químicos del suelo en el entorno radicular, y su impacto en el cultivo. Estando cubierta esta primera etapa, lo que ocurre en las raíces cuando aplicamos un bioestimulante es también crucial. A partir de aquí, ya podemos determinar que ocurre en los tejidos de la planta. Para ello, profundizamos en el desarrollo del cultivo, teniendo en cuenta no sólo los parámetros de crecimiento, sino determinando parámetros de calidad como son el contenido de polifenoles o vitaminas que impactarán además en la salud del consumidor. Pero en Ideagro, hemos dado un paso más allá para estudiar el microbioma tanto de la planta como del suelo, y su impacto en diferentes variables tanto de desarrollo como de calidad del cultivo. Es por ello por lo que hemos incluido las técnicas 'ómicas' aplicada a la detección y cuantificación del metaboloma, innovando en la forma de estudiar los microorganismos. Los enfoques ómicos se basan en la generación de una gran cantidad de datos biológicos, que suelen ser información genética y espectrométrica exclusiva de un sistema biológico y se utilizan para caracterizar estos sistemas en parte o en su totalidad. Para distintos microorganismos la aplicación de métodos ómicos, incluida la genómica, la transcriptómica, la proteómica y la metabolómica para la identificación microbiana, puede ampliar los programas de muestreo y aumentar la detección de microorganismos patógenos.



El suelo, donde comienza la alimentación. Reconectar para Regenerar

Pablo Ibort Pereda

REKA SOIL AG (grupo KOPPERT)

ReKa B.V. es una empresa de reciente creación que centra sus actividades en la bioestimulación y regeneración del suelo para el sector agrícola. Nuestra visión se basa en cultivar un sistema agrícola que ayude a los agricultores a mejorar sus objetivos en la producción de biomasa vegetal y alimentos, mientras que se fomenta la sostenibilidad del medioambiente, se mejora la calidad de vida de la población, y la prosperidad económica o rendimiento de los cultivos. Para ello, Reka ofrece varias líneas de productos basadas en nutrientes (mejorando su eficiencia y/o disponibilidad para la planta en comparación con los fertilizantes convencionales), microorganismos (inóculos bacterianos y/o fúngicos de manera individual o en consorcio para mejorar la accesibilidad a los nutrientes presentes en el suelo y aire), y bioestimulantes (dirigiendo el metabolismo vegetal hacia un crecimiento óptimo o mejorando la salud del suelo), además de productos auxiliares para mejorar el rendimiento de los anteriores.



PARTICIPANTES



Apellidos	Nombre	E-mail
Alba Cano	Juan Manuel	j.m.albacano@ihsm.uma-csic.es
Azcón-Aguilar	Concepción	cazcon@eez.csic.es
Baeza Guzmán	Yajaira	ybaezaguzman@gmail.com
Bahaji Nazih	Abdellatif	abdellatif.bahaji@csic.es
Bañuelos Trejo	Jacob	jbanuelos@uv.mx
Baroja Fernández	Eduarne	e.baroja@csic.es
Barón Ayala	Matilde	mbaron@eez.csic.es
Becerra García	Rosa Esmeralda	rosa.becerra@uv.es
Boutazakht Sánchez	Elena Azahara	elenaazaharabs@correo.ugr.es
Burni	Magali	mburni@imbiv.unc.edu.ar
Cabrera Chaves	Javier	javier.cabrera@inia.csic.es
Correa Delgado	Raquel	rcorrea@icia.es
Crespo Rivas	Juan Carlos	jccresporivas@gmail.com
Cuni Vallduriola	Sandra	scuni@izasascientific.com
de la Cruz Perez	Andres	andres.delacruz@dva.com
de la Fuente González	Elena	elena.delafuente.gonzalez@gmail.com
de la Peña	Eduardo	e.delapena@csic.es
del Pozo Benito	Juan Carlos	pozo@inia.csic.es
Díaz	Isabel	i.diaz@upm.es
Díaz González	Sandra	sandra.diaz.gonzalez@upm.es
Dominguez Solera	Elena	edominguez@aimplas.es
España Luque	Luis	luis.espana@eez.csic.es
Espinosa Urgel	Manuel	manuel.espinosa@eez.csic.es
Expósito Díaz	Anabel	c.c.abanillas@phytoplant.es
Falcón Piñeiro	Anabel	anafalcon@dmcrc.com
Férez Gómez	Alberto	albertofg@ihsm.uma-csic.es
Fernandez Lopez	Iván Manuel	ivan.fernandez@irnasa.csic.es
Fernandez Lopez	Manuel	manuel.fernandez@eez.csic.es
Fernández San Millán	Alicia	alicia.fernandez@unavarra.es
Ferrol González	Nuria	nuria.ferrol@eez.csic.es
Flors	Victor	flors@uji.es
G. Castillo	Araceli	araceligcastillo@ihsm.uma-csic.es
Gamir	Jordi	jgamir@uji.es
García García	Alejandro	alejandro.garciagar@upm.es
García Garrido	Jose Manuel	joemanuel.garcia@eez.csic.es
García López	Laura	lauragalo1998@gmail.com
García Ramírez	Juan Manuel	jmgarcia@eez.csic.es
García Toledo	María	mariagt@ugr.es
Garcia-Molina	Antoni	antoni.garcia@cragenomica.es
Garzo González	Elisa	elisa.garzo@ica.csic.es
Giraldo Acosta	Manuela	manuela.giraldoa@um.es



Gomez Fernandez	Germán Orlando	german.gomez@unavarra.es
González Céspedes	Alicia María	aliciagonzalez@fundacioncajamar.com
Gonzalez Guzman	Miguel	mguzman@uji.es
González Méndez	Sonia	hola@intraradice.com
Grilli	Gabriel	ggrilli@imbiv.unc.edu.ar
Guillamón Ayala	Enrique	eguillamon@correo.ugr.es
Hernández Acosta	Elizabeth	ehernandeza@chapingo.mx
Hernandez Cotan	Almudena	a.hernandez@phytoplant.es
Hernández Dorrego	Adriana	laboratorio@microbiol.es
Ho Plágaro	Tania	tania.ho@eez.csic.es
Ibort Pereda	Pablo	p.ibort@rekasoilag.com
Izurdiaga Abaigar	David	david.izurdiaga@csic.es
Jaizme Vega	Maria del Carmen	mcjaizme@icia.es
Jordá Miró	Lucía	lucia.jorda@upm.es
León Morcillo	Rafael	rafael.morcillo@csic.es
Lidoy Logroño	Javier	jlidoy@gmail.com
Lomas Martínez	Cristina	cristina.lomas@eez.csic.es
López Castillo	Olga	olga.lopez@eez.csic.es
López Gómez	Miguel	mlgomez@ugr.es
López Pagán	Nieves	nieves.lpg@uma.es
López Ráez	Juan Antonio	juan.lopezraez@eez.csic.es
Magarzo Manchón	Alba	albamagarzo@gmail.com
Manresa Grao	María	manresa@uji.es
Manyani Charroudi	Hamid	hamman@agrogeniabiotech.com
Marini	Alessandro	
Martín Hernández	Montserrat	montse.martin@irta.es
Martínez	Manuel	m.martinez@upm.es
Martinez Medina	Ainhoa	ainhoa.martinez@irnasa.csic.es
Masculano Sánchez	Beatriz	beamas96@gmail.com
Megías Saavedra	Esaú	esau@agrogeniabiotech.com
Minchev	Zhivko	zhivko.minchev@eez.csic.es
Molina Fernández	Antonio	antonio.molina@upm.es
Molina Hidalgo	Francisco Javier	javier.molina@uco.es
Molina Luzón	María Jesús	mariajesus.molina@eez.csic.es
Moreno Garrido	Lucía	lucia@biopolym.eu
Navarro Galiano	Alejandro	alejandro.navarro@rovensanext.com
Nisa Martínez	Rafael	rafael.nisa@eez.csic.es
Orduña Rubio	Luis	luis.orduna@valgenetics.com
Orero Bayo	Marta	morero@uji.es
Palazón Monreal	Pedro Antonio	aarnaldos@ideagro.es
Pastor Fuentes	Victoria	pastorm@uji.es
Pineda Dorado	Monica	monica.pineda@eez.csic.es



Pozo Jiménez	Maria José	mjpozo@eez.csic.es
Pozueta Romero	Javier	javier.pozueta@csic.es
Puertas Bonachela	Antonio	
Purswani	Jessica	jessicapurswani@ugr.es
Quintana González de Chaves	María	mquintana@icia.es
Ramírez Serrano	Beatriz	beatriz.ramirez@eez.csic.es
Ramos Molina	Andrea	andrea.ramos@eez.csic.es
Rodríguez Bejarano	Eduardo	edu_rodri@uma.es
Rodríguez Blanco	Pablo Manuel	pablo.rodriguez@irnasa.csic.es
Rojas González	Jose Antonio	jarojas@servalasa.com
Romero Rodríguez	Beatriz	bearomrod6@gmail.com
Romero-Puertas	Maria C.	maria.romero@eez.csic.es
Rosales Reyes	María	mrosales@izasascientific.com
Ruiz de Gauna Gutierrez	Gonzaga	gruizgauna@invegen.org
Sacristán Benayas	Maria Soledad	soledad.sacristan@upm.es
Salido Navarro	Luis Enrique	lsalido@herogra.com
Sánchez Bel	Paloma	pbel@uji.es
Sanchez López	Cristobal	administracion@microgaia.es
Sánchez Rodríguez	Eva	evasanchez@innoplant.es
Santamaría Fernández	Antonio	me.santamaria@upm.es
Soto Misffut	M ^o José	mariajose.soto@eez.csic.es
Stellfeldt Castellote	Alexia	astellfeldt@ideagro.es
Tietz	Robert	robert.tietz@lemnatec.com
Torrellas	Max	mtorrellas@aimplas.es
Tortosa Muñoz	Germán	german.tortosa@eez.csic.es
Trejo Aguilar	Dora	dtrejo@uv.mx
Vega Muñoz	Isaac	ivega@uji.es
Velasco Arjona	Leonardo	leonardo.velasco@juntadeandalucia.es
Vera Arroyo	Alfredo	avanet@agroeniabiotech.com
Vílchez	Juan Ignacio	nacho.vilchez@itqb.unl.pt
Yon Torres	Felipe	felipe.yon.t@upch.pe
Zitlalpopoca Hernandez	Guadalupe	zitlalpopocahz@gmail.com



INTERACCIONES
BIOTICAS EN PLANTAS