

7-5-2012 UPM

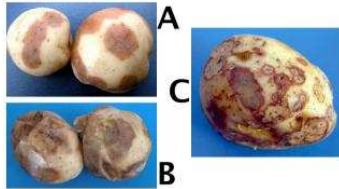
Identifican hasta 36 genes que intervienen en los procesos de infección de esta bacteria causante de la podredumbre blanda de los vegetales

Importante avance en el conocimiento de los procesos de infección de la podredumbre blanda

Un equipo internacional de investigadores, liderados por la Universidad Politécnica de Madrid (UPM), han identificado 36 genes que intervienen en el proceso de infección de la bacteria *Dickeya dadanti* 3937 (antes *Erwinia chrysanthemi*) y en su resistencia al sistema inmune de la planta. La podredumbre blanda es la enfermedad bacteriana que provoca más pérdidas en la agricultura mundial.

0 3 0

Dickeya dadantii (antes *Erwinia chrysanthemi*) es uno de los agentes causales de la podredumbre blanda de los vegetales, que se produce en todo el mundo y ocasiona unas pérdidas totales superiores a cualquier otra enfermedad bacteriana. Se ha identificado como un problema emergente en Europa, incluida España.



Podredumbre blanda de la patata

• OMAFRA (Gobierno de Ontario)

A - Síntomas iniciales de podredumbre blanda en patatas inmaduras. B - Síntomas avanzados de podredumbre blanda (soft rot en inglés). C - Lenticelas infectadas. La podredumbre blanda de los vegetales es la enfermedad de origen bacteriano que más pérdidas causa en la agricultura a nivel mundial.

Las enfermedades producidas por bacterias son particularmente difíciles de controlar debido a que se reproducen exponencialmente en condiciones favorables, y a que hay muy pocas sustancias agroquímicas efectivas contra estas.

El equipo de expertos del **Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas de la Universidad Politécnica de Madrid** (CBGP, UPM-INIA) y del **James Hutton Institute de Invergowrie** (Escocia), liderado por la profesora de la UPM **Emilia López-Solanilla**, ha analizado el transcriptoma, es decir el conjunto de genes que expresa la bacteria cuando está expuesta a los **péptidos antimicrobianos**, proteínas que forman parte del sistema de defensa de la planta.

Para López-Solanilla, los resultados "permiten establecer cuáles son los genes que intervienen en el proceso de infección de la planta, aquellos que contribuyen a que puedan enfrentarse a las defensas vegetales y los que le llevan a adaptarse al sistema inmune vegetal y aumentar su virulencia". Gracias a ello, "se podrán buscar nuevas dianas de tratamiento más efectivas frente a estas infecciones", añade.

En busca de genes

Después de un primer análisis que identificó 36 genes sobrexpresados en la bacteria durante su enfrentamiento con las defensas vegetales, los investigadores escogieron cinco genes que representaban toda la gama de acciones que se desencadenaban en la bacteria *Dickeya dadanti* 3937. Tras generar cepas con los genes alterados, se inyectaron en varios cultivos (patata, endibia y violeta africana), y se observó si seguían siendo capaces de infectar a la planta y de luchar contra los péptidos del sistema defensivo del vegetal.

Los resultados del estudio demostraron que las bacterias genéticamente modificadas eran menos virulentas y presentaban una menor resistencia a las defensas de la planta. Además, los investigadores descubrieron que las defensas del vegetal no solo luchan contra el sistema de la bacteria, sino que también inducen en ella una respuesta que hace que se vuelva más virulenta.

Así, cuando *Dickeya dadanti* 3937 entra en contacto directo con el organismo al que va a infectar, desencadena una respuesta global que hace que, si la bacteria ya ha estado expuesta previamente a los péptidos antimicrobianos de la planta, sea capaz de esquivar su acción y aumentar su virulencia.

Referencia: Río-Álvarez I, Rodríguez-Herva, JJ, Cuartas-Lanza R, Toth I, Pritchard L, Rodríguez-Palenzuela P, López-Solanilla E. Abril 2012. "*Genome-wide analysis of the response of Dickeya dadantii 3937 to plant antimicrobial peptides*" **Mol Plant Microbe Interact.** 25 (4):523-533