



Poscosecha

El estudio desarrolla nuevas herramientas genómicas

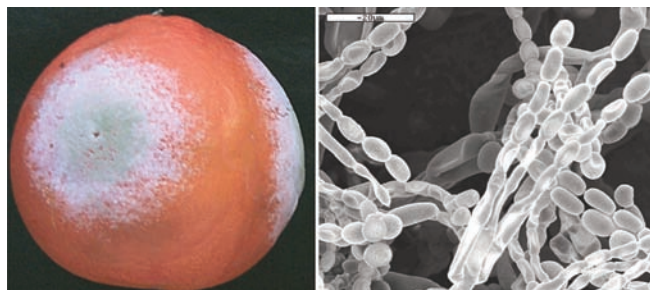
Dissección de factores de patogenicidad del hongo patógeno poscosecha de cítricos 'Penicillium digitatum'

'Penicillium digitatum', agente causal de la podredumbre verde en los frutos cítricos, es el hongo patógeno más importante durante la poscosecha de los cítricos en las regiones de clima mediterráneo. Es un hongo que penetra en la fruta a través de heridas. A pesar de la importancia económica de este hongo nuestro conocimiento sobre sus mecanismos de patogenicidad son aún muy limitados.

López-Pérez, M.; Ballester, A. R.; González-Candelas, L., del Instituto de Agroquímica y Tecnología de Alimentos (IATA-CSIC)

En esta comunicación, se presenta un conjunto de herramientas moleculares que hemos desarrollado para llevar a cabo una caracterización en profundidad de este importante patógeno poscosecha, junto con un borrador de la secuencia del genoma de 'P. Digitatum' y los resultados del análisis de los primeros genes presun-

tamente implicados en patogenicidad. Hemos obtenido una genoteca subtractiva enriquecida en genes de P. digitatum que se inducen durante la infección de los frutos cítricos. A partir de esta genoteca se han identificado varios genes con un posible papel en virulencia. Varios de estos genes presuntamente implicados en patogenicidad.



A la izquierda, una naranja infectada con 'Penicillium digitatum', mostrando los síntomas típicos de la podredumbre verde. A la derecha, una imagen al microscopio electrónico de barrido del hongo 'Penicillium digitatum' en la que se ven las cadenas de esporas.

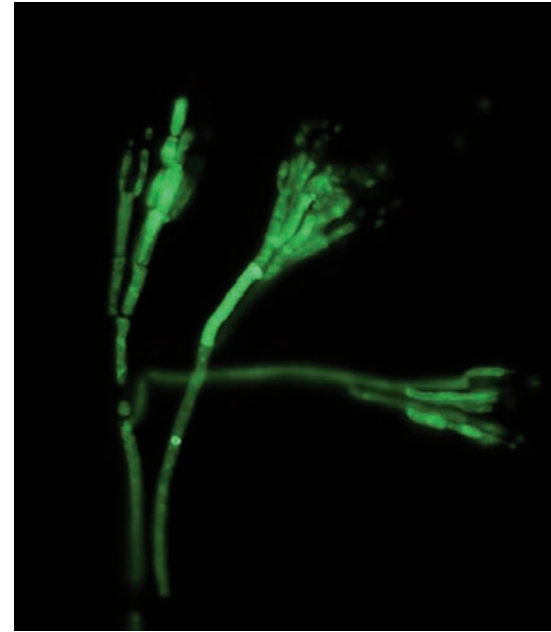
dad han sido aislados a partir de una genoteca de ADN genómico, y se ha determinado las secuencias de los mismos, incluyendo las regiones flanqueantes.

Hemos obtenido una genoteca substractiva enriquecida en genes de 'P. digitatum' que se inducen durante la infección de los frutos cítricos. A partir de esta genoteca se han identificado varios genes con un posible papel en virulencia. Varios de estos genes presuntamente implicados en patogenicidad han sido aislados a partir de una genoteca de ADN genómico, y se ha determinado la secuencia de los mismos, incluyendo las regiones flanqueantes.

Con el fin de determinar el papel de estos genes es necesario obtener mutantes nulos que carezcan de estos genes. Para ello, hemos desarrollado un sistema de transformación de este hongo basado en el empleo de la bacteria 'Agrobacte-

rium' tumefaciens. Así, hemos conseguido transformantes de 'P. digitatum' fluorescentes, ya que producen la proteína fluorescente verde. Estos transformantes constituyen una herramienta útil para realizar estudios ecofisiológicos. Utilizando la misma metodología de transformación, hemos obtenido distintos mutantes de 'P. digitatum' que carecen de alguno de los genes implicados en la degradación de la pared celular.

Como una herramienta adicional para caracterizar este hongo también hemos iniciado la secuenciación del genoma de 'P. digitatum' mediante pirosecuenciación con tecnología 454 Titanium. Hemos obtenido más de 650.000 lecturas con una longitud media de 350 nucleótidos, lo que representa una cobertura del genoma de 6,5 veces. El ensamblaje global del conjunto de lecturas obtenidas ofrece un tamaño de 25,5 millones de pares de bases, que está cerca del tamaño del genoma esperado. ■



Fotografía microscópica de fluorescencia en la que se observa un mutante de 'Penicillium digitatum' que expresa la proteína verde fluorescente. Este mutante ha sido obtenido mediante transformación genética.

calidad y tecnología...



... al servicio de la agricultura bajo abrigo



ULMA invernaderos

Con más de 30 años de experiencia
presente en más de 50 países