

En el análisis de proteínas diferenciales entre frutos control e infectados con *B. cinerea* se tomaron como criterios de selección la presencia en el 100% de los geles y un valor de $t\text{-test} \leq 0.05$. Con estas asunciones, se detectaron 34 proteínas de interés, de las cuales 16 aparecían incrementadas en muestras infectadas y 18 presentaban una disminución de cantidad. Se discuten los resultados del análisis por espectrometría de masas de las proteínas seleccionadas.

P 08-007: CARACTERIZACIÓN DE UNA PROTEÍNA RELACIONADA CON LA PATOGENESIS 4 (PR-4) INDUCIDA EN PLANTAS DE CAPSICUM CHINENSE L3 CON ACTIVIDAD DUAL DE RNASA Y DNASA

Guevara Morato, M.A. - García de la Coba, M. - García Luque, I. - Serra Yoldi, M.T.
Centro de Investigaciones Biológicas. CSIC

La resistencia conferida por el gen L3 de *Capsicum* spp. es activa frente a la mayoría de los tobamovirus, incluyendo la cepa española del virus del moteado suave del pimiento, (PMMoV-S), la más prevalente en los cultivos españoles, pero no es activa frente a los patotipos P1,2,3, tales como la cepa italiana de dicho virus, o el patotipo P1,2,3,4.

PMMoV-S induce una reacción hipersensible en las hojas inoculadas de las plantas de *C. chinense* PI159236 que se manifiesta por la producción de lesiones locales necróticas y la restricción del virus a los lugares de infección primarios.

Hemos identificado una proteína PR-4 de *C. chinense* que se induce en ambas interacciones, compatible e incompatible; si bien su expresión se incrementa notablemente durante la inducción de la HR, y sólo se detecta en la reacción compatible en los estadios tardíos de la infección.

Hemos observado también que su expresión se asocia a la respuesta necrogénica inducida por el virus X de la patata (PVX) en las hojas sistémicas de *C. chinense*.

La proteína pertenece al subgrupo II de las PR-4 por cuanto que carece del dominio heveína. Hemos determinado que la proteína PR-4 de *C. chinense* no tiene actividad quitinasa, pero que posee tanto actividad DNasa como RNasa, siendo la primera vez que se detecta la actividad DNasa para una proteína PR.

Mediante análisis en gel de dichas actividades, hemos podido establecer que su contribución al total de ambas actividades en la planta es baja.

P 08-008: ROLE OF ASCORBATE PEROXIDASE 3 FROM ARABIDOPSIS DURING FORMATION AND/OR MAINTENANCE OF GIANT CELLS AFTER ROOT-KNOT NEMATODE INFECTION

Sanchez Alonso, M.¹ - de Almeida Engler, J.² - Yuste, A.B.¹ - Fenoll Comes, C.¹
Escobar Lucas, C.¹

¹ Universidad de Castilla La Mancha

² Institut National de La Recherche Agronomique

Root-knot nematodes cause important losses in horticultural crops all over the world, particularly in Mediterranean areas; the relevant species are *Meloidogyne incognita*, *arenaria* and *javanica*. They infect the plant-roots and form swelling structures, galls, formed by several hypertrophied tissues. Inside the galls, they induce the formation of particular feeding sites in provascular cells called giant cells, GCs (Escobar and Fenoll, 2008).

In plants, Reactive Oxygen Species (ROS) can be both toxic, promoting oxidative damage to cellular structures (under stress conditions), but also play a pivotal role in the cell signalling, especially in defence responses. They have developed efficient antioxidant systems to modulate ROS in the different cells compartments (Asada 1999; Mittler et al.,

2004) through the use of enzymes such as superoxide dismutases, catalases or ascorbate peroxidases (APX). APX are enzymes that detoxify H₂O₂ using ascorbic acid as the electron donor (Asada, 1992, 1999; Shigeoka et al., 2002). In plants, different APX isoforms occur in distinctly separate cellular compartments. In *Arabidopsis*, 9 genes have been described coding APXs, with different subcellular localizations (Narendra et al., 2006; www.arabidopsis.org). Among them, APX3 is likely to be peroxisomal in its localization (Narendra et al., 2006). It has been demonstrated that transcripts of APX3 show low abundance in the stem, leaves and roots of *A. thaliana*, in contrast, in flowers the accumulation of transcripts was high. In situ hybridisation localized the signal in tapetum cells at the development stages 3-4 defined by Ferreira, et al., (1997; Escobar 1998) which show several similarities to the giant cells formed by nematodes. Transcripts accumulation corresponds to the accumulation of the protein after immunolocalization in the anthers. Moreover, the protein is also accumulated in giant cells induced by nematodes in *Arabidopsis* roots. We examined three lines of *Arabidopsis thaliana*, two transgenic plants containing T-DNA insertions within APX3 in comparison to Columbia wild type (Col-0), for their ability to tolerate attack by root-knot nematode *Meloidogyne javanica*. Our initial results suggest that APX3 have a possible role during the formation and/or maintenance of GCs induced by nematodes, since the female reproduction decreased in the plant mutants regarding wild type individuals. Therefore, modulation of H₂O₂ should be relevant for the nematode establishment in compatible interactions.

P 08-009: REQUERIMIENTOS ESTRUCTURALES PARA EL TRÁFICO INTRACELULAR DE UNA PROTEÍNA DE MOVIMIENTO VIRAL Y SU INFLUENCIA EN EL MOVIMIENTO DEL VIRUS

Genovés Martínez, A. - Navarro Bohigues, J.A. - Pallas Benet, V.
Instituto de Biología Molecular y Celular de Plantas

Los virus de plantas requieren la intervención de una serie de factores proteicos propios conocidos como proteínas de movimiento (MPs) para progresar célula a célula, alcanzar el sistema vascular y lograr una invasión generalizada de la planta. Estas MPs dirigen el transporte del virus desde el punto de infección primario hasta las células vecinas interaccionando directamente con los viriones o con intermediarios ribonucleoproteicos. No obstante, estos elementos móviles tienen que atravesar la pared celular para llegar a las células vecinas siendo los plasmodesmos (PD) la única vía de comunicación plasmática que existe entre las células vegetales. La interacción de las MPs con el sistema de endomembranas celular es un fenómeno decisivo que ocurre durante este proceso patogénico. En muchas MPs, la capacidad de anclarse a la membrana depende de la presencia de dominios hidrofóbicos que pueden inducir o no modificaciones en la morfología del retículo endoplasmático (RE), la envoltura nuclear y otros orgánulos. p7B es una de las dos MPs implicadas en el movimiento célula a célula del virus de las manchas necróticas del melón (MNSV). Esta proteína inicia su camino hacia el plasmodesmo (PD) insertándose en la membrana del RE para después ser exportada al aparato de Golgi (AG) en un proceso de salida controlado por señales de estructura primaria. Desde el AG la MP alcanzaría el PD en un proceso desconocido aún y que abre nuevas perspectivas de estudio. Mediante ensayos de traducción in vitro en presencia de microsomas se determinó que la asociación de esta proteína a la membrana del RE era consecuencia de la inserción completa de su único dominio hidrofóbico en la bicapa lipídica. Esta región adopta una estructura secundaria en alfa-hélice que se inserta cotranslacionalmente en un proceso mediado por la propia maquinaria de translocación celular. La hidrofobicidad total, la presencia de residuos aromáticos y/o con cargas flanqueando un dominio hidrofóbico así como la estructura secundaria son factores críticos que controlan el reconocimiento de éste como un fragmento transmembrana por parte de la maquinaria de translocación y que