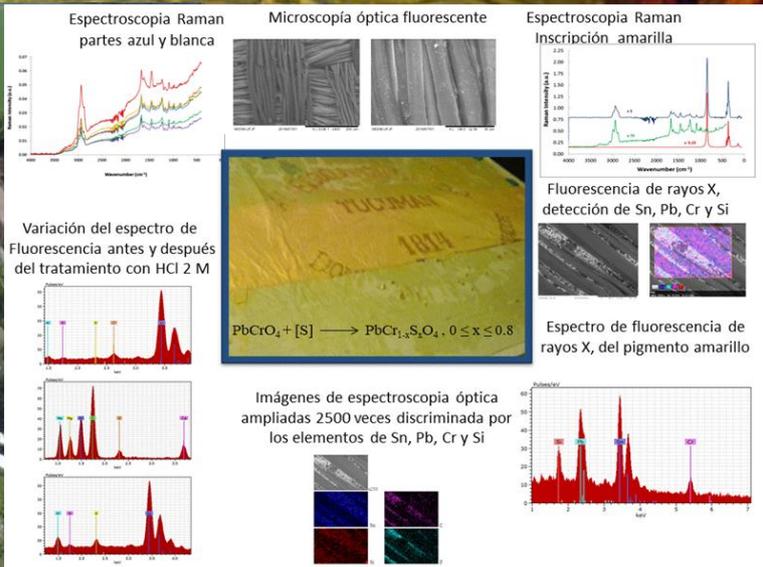


INDUSTRIA & QUÍMICA

ISSN 0368-0819

Septiembre 2020 – N° 370

REVISTA DE LA ASOCIACION QUIMICA ARGENTINA



BICENTENARIO DEL FALLECIMIENTO DEL GRAL. MANUEL BELGRANO. CIENCIA Y TECNOLOGÍA APLICADA A LOS COLORES ORIGINALES DE LA BANDERA ARGENTINA

Av. Santa Fe 1145 4 Piso – C1059ABF – Ciudad Autónoma de Buenos Aires- Argentina-Tel./Fax: (54) 11 4814-5942 – aqa@aq.org.ar

Editorial

El presente número llega a los miembros de la Asociación Química en un período complejo para nuestro país a consecuencia de la pandemia que nos afecta directa e indirectamente.

Vivimos un mundo globalizado cultural y económicamente, donde una enfermedad desatada en una región alejada de nuestro país, se esparció a escala global, a una velocidad increíble, apoyada en los distintos medios de transporte, por aire, agua y tierra.

Las sociedades debieron adoptar medidas sanitarias urgentes para contenerla, con mayor o menor éxito. Pero todo indica, que el coronavirus que causa la enfermedad COVID-19, al igual que otros, llegó para instalarse y generar nuevas complicaciones. Las economías sufrieron un golpe muy fuerte, tanto en los países con mayores niveles de desarrollo como en aquellos donde los niveles de pobreza son elevados.

Para combatir la pandemia, se iniciaron esfuerzos internacionales significativos entre distintos laboratorios estatales y privados en la búsqueda de una vacuna que pudiera atenuar los efectos de un virus cuyos efectos en la salud humana se están descubriendo diariamente. Hay evidencias de resultados esperanzadores, pero falta un largo camino que recorrer en los próximos meses.

En nuestro país, desde el CONICET, Universidades y los organismos de salud se concentraron en la búsqueda de respuestas, tanto para la detección como para la protección de nuestros habitantes.

El sistema de salud tanto en hospitales (médicos, enfermeros, laboratoristas, administrativos) como en laboratorios privados de bioquímicos y químicos clínicos, estuvo al frente de este desafío. Otros servidores públicos acompañaron la aplicación de las normas adoptadas para que los habitantes reduzcan al mínimo la propagación del virus.

Los sectores que mueven la economía sufrieron en todos los niveles (industrias, Pymes, construcción, comercios, etc.) y experimentaron un impacto muy fuerte desde el principio de las medidas de aislamiento hasta el denominado distanciamiento social, que a esta fecha sigue manifestándose.

ISSN: 2591-6718



COMISION DIRECTIVA DE LA
ASOCIACION QUIMICA ARGENTINA

Presidente

Dr. Carlos Oscar Cañellas

Vicepresidente

Dr. Alberto Luis Capparelli

Secretaria

Dra. Alicia B. Pomilio

Prosecretario

Dr. Isaac Marcos Cohen

Tesorero

Dr. Arturo Vitale

Protesorero

Tco. Qco. Claudio Salvador

Director de Biblioteca

Dr. Máximo Barón

Vicedirectora de Biblioteca

Dra. Stella Maris Battista

Vocales Titulares

Dr. Ángel Alonso

Dr. Máximo Barón

Dra. Stella Maris Battista

Dr. Eduardo Alberto Castro

Dr. Jorge Oscar Ciprian Ollivier

Dr. Isaac Marcos Cohen

Dr. Pablo Román Duchowicz

Dra. Sandra Hernández

Dr. Alberto Jorge Lazarowski

Dra. Alicia Beatriz Pomilio

Dra. Marisa Gabriela Repetto

Lic. Enrique G. Rodger

Técnico Químico Claudio Salvador

Dr. Arturo Alberto Vitale

Vocales Suplentes

Dr. Luis Bruno Blanch

Dr. Franco Martín Cabrerizo

Dra. Alicia Jubert

Dr. Gustavo Ruiz

El Fitobioma y sus Interacciones con los Componentes del Sistema Inmune de las Plantas

Silvina M.Y López^{1,2}, Rocío Medina^{1,3}, Juan. M. Reparaz^{1,2}, P. A. Balatti^{1,2*}

RESUMEN

Las plantas contienen comunidades microbianas que en conjunto constituyen su fitobioma, conformado por todos los organismos que interactúan en distintos niveles con la planta y que incluye a los microorganismos endófitos y saprofitos. Estos microorganismos interactúan con el complejo sistema inmune de las plantas, que se define en tres etapas principales: la detección del patógeno, la transducción de la señal y los mecanismos de defensa de la planta. Este sistema está influenciado por metabolitos secundarios que son producidos por los microorganismos como los hongos patógenos, cuyo ejemplo es *Stemphylium lycopersici*, pero también con los metabolitos secundarios que liberan las bacterias endófitas que muchas veces actúan como promotoras del crecimiento. En cualquier caso, el contenido genético de las comunidades microbianas es un aporte superior a la genética de las plantas y determinan el estado de crecimiento y sanidad de las mismas.

INTRODUCCIÓN

Las diversas estructuras u órganos que conforman los organismos se encuentran asociados a comunidades bacterianas que resultan ser específicas. El número y las bacterias que conforman estas comunidades contribuyen con una dotación genética que aumenta la potencialidad de los organismos y sus capacidades, porque su aporte genético es mayor que el del propio organismo hospedante. Estas

comunidades microbianas se conocen como microbiomas y en el caso de las plantas como fitobioma [1]. Esta comunidad está formada por todos los organismos que interactúan con la planta y que están contenidos en la superficie de los diversos órganos, dentro de los órganos y/o tejidos y dentro de las células [2].

Estas comunidades conviven con el complejo sistema inmune de las plantas (Figura 1) en donde es posible identificar procesos vinculados a la detección del

patógeno, la transducción de señales que genera ese reconocimiento y las respuestas que se disparan en respuesta a la presencia del patógeno y del resto de los organismos que conforman el fitobioma.

Sintéticamente, en lo que hace al reconocimiento, las plantas detectan patrones conservados de los patógenos y/o los daños que estos producen en las plantas, así como las proteínas efectoras de los patógenos a través de los genes de resistencia [3]. Este reconocimiento activa múltiples

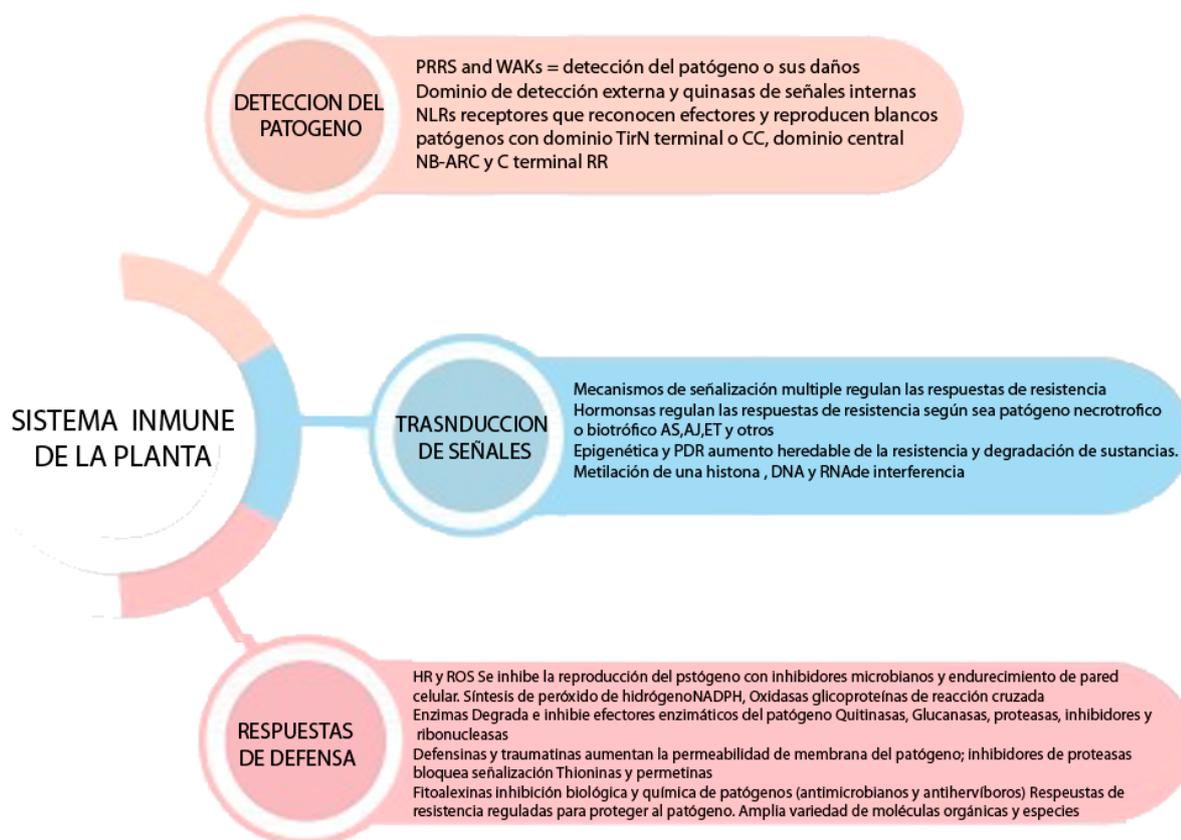


Figura 1. Sistema inmune de las plantas y sus etapas de detección de patógenos, transducción de señales y las respuestas de defensa que se disparan en las plantas.

camino de regulación positiva y negativa, lo que además es acompañada por la regulación sistémica que realizan las hormonas vegetales que además dependen de si los patógenos son biotróficos y necrotróficos [3]. A esto se le suma la acción de

1-Centro de Investigaciones de Fitopatología (CIDEFI CIC-UNLP); Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales Universidad Nacional de La Plata

2-Comisión de Investigaciones de la Provincia de Buenos Aires, Calle 60 y 119, La Plata, 1900, Argentina

3-Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnica (CONICET)

factores de transcripción que se unen a promotores de genes, activando procesos de fosforilación [5]. El resultado es la síntesis de especies reactivas de oxígeno y la reacción de hipersensibilidad, estos dos procesos resultan en el endurecimiento de las paredes de las células de las plantas y en la síntesis de antimicrobianos como enzimas, defensinas y fitoalexinas [6]. Estos compuestos reducen la multiplicación e invasión del patógeno o dificultan el avance de la infección e invasión del patógeno [7]. Además las moléculas que se liberan como resultado de la degradación de estructuras del patógeno actúan como elicitores (disparadores) de

los mecanismos de defensa de la planta, que se comporta mejor frente al patógeno [8]. La epigenética afecta a todos estos mecanismos, y tiene como factores prevalentes al conjunto de moléculas que liberan los organismos del fitobioma, sean estos patógenos o benéficos o saprófitos, epifíticos, intercelulares o intracelulares [9].

Por este motivo en nuestro laboratorio estudiamos a los organismos que conforman el fitobioma de las plantas, que incluye organismos patógenos y benéficos y los metabolitos secundarios que sintetizan y liberan estas bacterias endófitas y

los patógenos fúngicos que interactúan con las plantas.

UN PATOGENO DEL TOMATE

Stemphylium lycopersici

Stemphylium spp. (*Pleosporales*) es un género monofilético que incluye más de 150 especies diferentes [10-12], algunas de las cuales son patógenas de plantas leguminosas, espárragos, cebolla, ajo, perejil, pera, remolacha azucarera y tomate en varias familias de plantas [13-20]. *Stemphylium lycopersici* es el agente causal de la enfermedad conocida como “la mancha gris de la hoja de tomate” en la Argentina [20]. Esta enfermedad se destaca por su incidencia y severidad, que además es el resultado de la ineficiencia de los tratamientos de control, lo que genera crecientes pérdidas económicas porque se reduce el rendimiento del cultivo.

Durante el inicio de la infección el hongo excretotifotoxinas que actúan como factores de virulencia y/o de patogenicidad, que alteran las células huésped y/o inducen la liberación de nutrientes [21-23], pero algunas de ellas también activan los mecanismos de defensa de la planta [24,25]. Los hongos necrótrofos del género *Stemphylium* sintetizan metabolitos secundarios, como las toxinas huésped-específicas (HSTs) y las toxinas huésped-no específicas (*non*-HSTs), mientras las primeras son factores de

patogenicidad, las segundas son factores de virulencia [26]. Los genes responsables de la síntesis de metabolitos secundarios se presentan en arreglos o clusters que se distribuyen en el genoma [27]. *Stemphylium* produce también proteínas efectoras, ricas en residuos de cisteína, que son secretadas al espacio apoplástico durante la interacción con la planta hospedadora [28]. Estas proteínas se caracterizan por la presencia de un péptido señal y la ausencia de un dominio transmembranal [29]. Estas características estructurales permitieron el desarrollo de softwares y bases de datos experimentales, que junto con la disponibilidad de datos genómicos direccionaron el estudio del secretoma hacia metodologías predictivas, además de las experimentales.

A partir de la secuencia genómica borrador de *S. lycopersici*, se anotaron 8.997 genes que codifican proteínas [30] (GenBankBioSample no.SAMN03332054; GenBankAccession no. LGLR00000000). En busca de conocer el metabolismo secundario de este hongo, Franco y colaboradores [31] analizaron el genoma borrador buscando los clústeres de genes que codifican metabolitos secundarios, con herramientas bioinformáticas online, Secondary Metabolite Unknown Region Finder (SMURF) [32] and Antibiotics and Secondary Metabolite Analysis

Shell (antiSMASH) [33] a través del algoritmo Cluster Finder [34].

Así, se identificaron 36 clústeres de genes potencialmente implicados en la virulencia del patógeno, que incluyen genes de la biosíntesis de terpenos, policétidos, péptidos no ribosomales, híbridos terpeno: péptidos no ribosomales, e híbridos policétidos: péptidos. *S. lycopersici* tiene el potencial genético de sintetizar sinocromos A, B y C, que son compuestos estructuralmente relacionados con toxinas huésped no específicas como altertoxina I, cercosporina, hypericina, hypocrellina A y phleischromo [35,36].

S. lycopersici también, tiene la capacidad genética para sintetizar micotoxinas como aristolocheno [37,38] y giberellina [39-44]. El hongo contiene genes que codifican proteínas de la biosíntesis de toxinas hospedante no específicas como fujikurina, cuya estructura está relacionada con la del ácido alternárico [45,46]; así como con alternariol, neosartoricina aspertecina, trypanidina, emerlicina, ácido pesteico y viricatumtoxina [47-50] compuestos con anillos aromáticos y policétidos no reducidos. *Stemphylium* también contiene genes para la síntesis de toxinas como betaenona A, B y C, compuestos antraquinónicos relacionados con la stemphyloxina [51]; sirodesmina [52] y trico-tecenos que son toxinas terpe-

noides [53]. *S. lycopersici* tiene la capacidad genética para sintetizar deoxysambucinol, sambucinol y roridin E, que son tricotecenos macrocíclicos, sesquiterpenoides tóxicos [54,55] como así también harzianum B que es una micotoxina derivada de tricotecenos [56]. La presencia de las secuencias génicas sugiere que el hongo tiene la capacidad de sintetizar tricodermina [57-58], (-)-mulleína [59]; T-toxina [60], fusarina [61], phomopsina [62] y destruxina B [63]. De modo complementario, un estudio reciente empleando el genoma borrador de *S. lycopersici* predijo al menos 511 potenciales proteínas de secreción, de las cuales 12 se caracterizan por ser ricas en cisteína [28], así es que probablemente están relacionadas con la virulencia del patógeno. Los estudios descritos no hacen más que establecer la importancia de realizar estudios del interactoma, de la expresión génica y un estudio proteómico de la interacción patógeno-planta para identificar los factores de virulencia y patogenicidad que permitan evaluar la respuesta de las plantas a la exposición de metabolitos secundarios y factores de virulencia y patogenicidad.

Con el objetivo de poder vincular la metabolómica predictiva a través del análisis de clústeres con la síntesis de metabolitos secundarios, en nuestro laboratorio se obtuvo el perfil de metabolitos de *S. lycopersici*, que fueron identificados con marca-

dores moleculares así como por secuenciación de su genoma (Tabla 1, [20,27]).

Se encontró que *S. lycopersici* sintetiza stemphylyna, altersolanol B, stemphyprone, deoxyuvidina, phomapyrona D, deoxyuvidina B, infectopyrona, phomapyrona C, albrassitriol, phomapyrona G, phomapyrona A, stemphol, brefeldina A, 7-oxo-brefeldina y brassicadiol.

Particularmente, deoxyuvidina B, albrassitriol, phomapyrona A son toxinas hospedante no específicas descritas en *Alternaria brassicae* y *Phoma*. Sin embargo, no se detectó en el aislado estudiado stemphyloxinal ni macrosporina, dos toxinas huésped no específicas reportadas en *S. lycopersici* [79, 80].

Por último, es importante mencionar que los compuestos orgánicos volátiles (COVs) sintetizados y liberados por el hongo pueden jugar un rol clave en interacciones biológicas a "larga distancia" [81]. Estos pueden desencadenar y/o alterar las respuestas de defensa, directas o indirectas en las plantas huésped [82, 83]. Medina et al. [84] estudiaron el perfil de COVs producidos por *S. lycopersici* y se encontró que este sintetiza al menos 11 COVs que incluyen alcoholes primarios, cetonas y aldehídos que, si bien no son vitales para el crecimiento del patógeno, podrían otorgar ventajas adaptativas. Además, los autores detectaron furfural alcohol, probablemente asociado al

desarrollo de la sintomatología y otros COVs involucrados en el quorum sensing, proceso clave durante la colonización del hongo en el inicio del proceso de infección. En síntesis, el hongo sintetiza una amplia gama de metabolitos secundarios que pueden interaccionar con los organismos que se encuentran en la planta y con los mecanismos de defensa que componen el sistema inmune de las plantas de tomate. En estos momentos continuamos los estudios que permiten conocer el rol biológico de estos compuestos.

LAS COMUNIDADES DE MICROORGANISMOS ENDÓFITOS DE TOMATE y la PRODUCCIÓN DE METABOLITOS SECUNDARIOS

Estudios metagenómicos y aislamientos bacterianos a partir de semillas y plantas de tomate enfermas y sanas condujeron a identificar los grupos de organismos que forman parte del fitobioma del tomate, cuya presencia y cantidad modifican la sanidad de la planta.

Las semillas de cada cultivar de tomate contiene una comunidad bacteriana característica, lo que no es llamativo, considerando que las simientes representan una fase clave de las plantas espermatófitas. Los organismos pueden persistir durante años en las semillas en dormición y cuando se presentan condiciones

Tabla 1: Metabolitos secundarios identificados en cultivos de *Stemphylium lycopersici* CIDEFI 216.

Metabolito	Actividad	Reportes Previos	Referencias
Stemphyliina	Actividad fitotóxica y antibiociada	<i>Stemphylium botryosum</i> , <i>S. globuliforme</i> , <i>Alternaria</i> spp.	S. 64-68.
Altersolanol B	Actividad fitotóxica	<i>Alternaria</i> spp.	67
Stemphyprona	Sin reporte previo	<i>S. botryosum</i> , <i>S. globuliforme</i>	64-67
Deoxyuvidina	Sin reporte previo	<i>Alternaria brassicae</i>	69
Phomapyrona D	Actividad Fitotóxica	<i>Phoma</i> and <i>Alternaria</i> spp.	55, 70, 71.
Deoxyuvidina B	Actividad Fitotóxica (HST)	<i>A. brassicae</i>	71, 72
Infectopyrona	Potencial mycotoxina	<i>Alternaria</i> spp., <i>Ulocladium consortiale</i> , <i>S. eturmiunum</i> , <i>S. sarciniforme</i> and <i>S. vesicarium</i>	70, 73, 74.
Phomapyrona C	Actividad fitotóxica	<i>Phoma</i> and <i>Alternaria</i> spp.	70; 71; 75.
Albrassitriol	Actividad fitotóxica (HST)	<i>A. brassicae</i>	71, 72.
Phomapyrona G	Actividad fitotóxica	<i>Phoma</i> and <i>Alternaria</i> spp.	70; 71; 75.
Phomapyrona A	Actividad fitotóxica (HST)	<i>Phoma</i> and <i>Alternaria</i> spp.	70; 71; 75.
Stemphol	Actividad antibiótica y fitotóxica	<i>S. botryosum</i> , <i>S. majusculum</i> , <i>S. cf. lycopersici</i> ; <i>Stemphylium</i> sp.	65; 74, 76, 77-78.
7-Oxo-brefeldin	Actividad fitotóxica	<i>Penicillium</i>	78.
Brassicadiol	Actividad no-fitotóxica	<i>A. brassicae</i>	71, 72.

predisponentes para la germinación, originan una planta que lleva a los organismos que sobrevivieron durante este

período. Estos organismos endófitos se transmiten de generación en generación lo que sugiere que evolutivamente se vuelven indispensables para que

la planta complete su ciclo. Esta transmisión vertical selecciona en contra de los organismos patógenos, pero a favor de los benéficos. Por esto es que es

crítico conocer cuáles son las comunidades bacterianas asociadas a las plantas.

En estudios realizados sobre semillas de tomate de dos cultivares Elpida y Silverio, se encontró que las bacterias endófitas presentes en las semillas de cultivares de tomate representan cuatro linajes. Los Firmicutes que componen aproximadamente el 50 % de la comunidad, Proteobacterias en aproximadamente un 28 %, Actinobacterias en un 20 % y también un porcentaje pequeño de Bacteroidetes (2 %). Estos y otros resultados sugieren que las semillas de tomate contienen un set de bacterias que probablemente ingresa durante el desarrollo reproductivo y luego juegan un rol clave en la promoción del crecimiento y en la sanidad de las plantas de tomate. Estas bacterias liberan compuestos solubles que inhiben el crecimiento y desarrollo de patógenos fúngicos, pero también liberan compuestos orgánicos volátiles (COV).

En estudios posteriores se realizó un estudio metagenómico de las poblaciones bacterianas que se encuentran en los diversos órganos (raíz, tallo, hojas, frutos) de plantas sanas y enfermas de tomate.

En estos estudios se encontraron unas 218 unidades taxonómicas operativas (OTU) de bacterias que se distribuyeron con un 97% de identidad. Ciento diez y seis se

Tabla 2. Especies bacterianas presentes en semillas y plántulas de tomate. Las especies se identificaron en base a sus características culturales y a la secuencia del 16SrDNA. Las especies en negrita demostraron tener actividad inhibitoria sobre tres patógenos fúngicos^[79].

Cultivar de origen	Especie
Semillas	
Elpida	<i>Micrococcus</i> sp.
Elpida	<i>Bacillus</i> sp.
Elpida	<i>Paenibacillus polymyxa</i>
Silverio	
Silverio	<i>Bacillus</i> sp.
Silverio	<i>Sphingomonas</i> sp.
Silverio	<i>Brevundimonas</i> sp.
Silverio	<i>Paenibacillus</i> sp.
Plántulas	
Elpida	<i>Acinetobacter</i> sp.
Elpida	<i>Microbacterium</i> sp.
Elpida	<i>Paenibacillus</i> sp.
Elpida	<i>Bacillus</i> sp.
Elpida	<i>Psychrobacillus</i> sp.
Silverio	<i>Bacillus subtilis</i>

agruparon a nivel de género y 108 de estos géneros se encontraron en plantas sanas y enfermas El análisis estadístico indicó que la metodología aplicada permitió detectar a todos los microorganismos que se

encontraban interactuando con la planta y que estos representan a las comunidades originales.

Se procedió a calcular la diversidad de los endófitos de tomate (Hill 1973), ⁰H (riqueza), ¹H (diversidad) and ²H (nivel de

igualdad). Las raíces y los tallos de las plantas enfermas de tomate presentaron una comunidad microbiana más rica y diversa que las de plantas sanas (Tabla 2). En contraposición, la comunidad endofítica de las hojas de plantas sanas es más rica y diversa que las de las plantas enfermas.

Los organismos identificados en las muestras analizadas pertenecen fundamentalmente a cuatro linajes *Actinobacteria*, *Bacteroidetes*, *Firmicutes* y *Proteobacteria*, siendo la primera y la última las más abundantes.

Las comunidades bacterianas endofíticas de las raíces, tallos y frutos de las plantas enfermas fueron *Proteobacteria* (31.71 %, 50.76 % y 62.53 %, respectivamente). En los tallos y los frutos, el segundo filum más abundante fue *Actinobacteria* (6.1 % y 25.21 %, respectivamente) y en las raíces *Firmicutes* (18.73 %). En la Tabla 3 se presentan las especies que se encontraron en base a los estudios metagenómicos en las raíces y en las hojas de plantas de tomate de campo. En principio se aprecia que mientras que algunas especies se encuentran en las raíces pero también en las hojas, otras parecen ser típicas de la raíz y otras de las hojas.

En la Tabla 4 se presentan los Compuestos Orgánicos Volátiles (COVs) más importantes que liberaron 9 especies bacterianas

que inhibieron en al menos un 30% el crecimiento de tres patógenos fúngicos *A. alternata*, *C. cassicola* y *S. lycopersici*.

El metil butanol es un compuesto que se ha demostrado actúa como biocontrolador de hongos como *Sclerotinia sclerotiorum*, *Colletotrichum gloeosporioides* y *Colletotrichum acutatum*. Este compuesto también es producido por *Trichoderma*, hongo de suelo que biocontrola patógenos. Otro compuesto como el Butanediol se ha encontrado actúa sobre la virulencia de los patógenos. El Fenil etil alcohol se ha demostrado tiene un efecto bactericida. Es decir que gran parte de los compuestos volátiles que sintetizan y liberan los endófitos del tomate afectan a las bacterias, hongos o plagas de las plantas. Con lo cual se puede concluir que probablemente cumplen un rol más importante del que se les ha dado hasta el momento.

En estos momentos, continuamos estudiando endófitos de plantas de trigo cultivadas a campo con el fin de conocer a las comunidades que contribuyen al crecimiento y desarrollo de estas plantas. En estos momentos disponemos de una colección de 4500 aislados aproximadamente que serán caracterizados molecularmente y metabólicamente. Además, estamos estudiando la manera en que ingresan los endófitos a las plantas de manera de conocer de

que manera adicionar complejos microbianos tendientes a promover el crecimiento o la sanidad de las plantas. Por otro lado, estamos estudiando cómo interactúan estos compuestos que tanto patógenos como organismos benéficos liberan, y de qué manera interaccionan.

AGRADECIMIENTOS

Rocío Medina es Becaria Postdoctoral del Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Silvina M.Y. Lopez y Pedro Balatti son miembros de la carrera del Investigador de la Comisión de Investigaciones Científicas de la Provincia de Buenos Aires. Juan Manuel Reparaz es becario doctoral de la Comisión de Investigaciones Científicas de la Provincia de Buenos Aires.

Tabla 3: Especies Bacterianas presentes en Raíces y Hojas de plantas de Tomate

Especies Bacterianas	Raíces	Hojas	Filum
<i>Arthrobacter</i>	XXX		Actinobacteria
<i>Clavibacter</i>	XXX		Actinobacteria
<i>Corynebacterium</i>	XXX	XXX	Actinobacteria
<i>Curtobacterium</i>	XXX	XXX	Actinobacteria
<i>Micrococcus</i>	XXX	XXX	Actinobacteria
<i>Propionibacterium</i>	XXX	XXX	Actinobacteria
<i>Enterococcus</i>	XXX	XXX	Firmicutes
<i>Streptococcus</i>	XXX	XXX	Firmicutes
<i>Bacillus</i>	XXX		Firmicutes
<i>Staphylococcus</i>	XXX	XXX	Firmicutes
<i>Ralstonia</i>	XXX		Beta proteobacteria
<i>Acinetobacter</i>	XXX	XXX	Gamma Proteobacteria
<i>Enhydrobacter</i>	XXX		Gamma Proteobacteria
<i>Pseudomonas</i>	XXX	XXX	Gama proteobacteria
<i>Pantoea</i>	XXX	XXX	Gama proteobacteria
<i>Pectobacterium</i>	XXX	XXX	Gama proteobacteria
<i>Rhizobium</i>		XXX	Alfa proteobacteria
<i>Shinella</i>		XXX	Alfa proteobacteria
<i>Sphingobacterium</i>		XXX	Bacteroidetes
<i>Chryseobacterium</i>		XXX	Bacteroidetes
<i>Sphingobium</i>		XXX	Bacteroidetes
<i>Acidovorax</i>		XXX	Beta proteobacteria
Others	XXX	XXX	

Tabla 4: Compuestos orgánicos volátiles que producen las cepas que provocan la inhibición del crecimiento de los hongos fitopatógenos.

Especie	Alcoholes	Cetonas	Esteres, HC saturados y no saturados y ácidos
<i>Microbacterium</i> sp.	Octanol	Undecanona	C no saturados C14:1-PM196
	Decanol	Tridecanona	
	Nonanol	Heptanona	
	Metil butanol		
<i>Bacillus</i> sp.	Metil butanol	Acetoína	Metil butanoico
	butanediol	Thiofenona	Isobutanoico
<i>Bacillus subtilis</i>	Metil butanol	Acetoína	Metil butanoico
	butanediol	Metil heptanona	
		Nonanona	
<i>Arthrobacter</i> sp. MH915621.1	Metil butanol	Heptanona	Nonano
	Fenil etil alcohol	Butanona	
<i>Arthrobacter</i> sp. MH915638.1	Metil butanol	Heptanona	Acetato de ipentilo
	Fenil etil alcohol	Nonanona	Metil butanotionato
	Heptanol		
<i>Stenotrophomonas</i> sp. MH915950.1	Metil Butanol	Heptanona	Metil butanotionato
	Fenil Etil Alcohol	Undecanona	Metil butanoico
	Heptanol	Tridecanona	
<i>Acinetobacter</i> sp. MH915653.1	Metil butanol	Undecanona	Metil butanoico
	Fenil etil alcohol	Metil heptona	
	Undecanol	Metil tridecanona	
	Nonanol		
<i>Pantoea</i> sp. MH915629.1	Metil butanol	Acetoína	Ac. Octanoico
	Butanediol	Nonanona	Ac. decanoico
	Fenil etil alcohol		
	nonanol		
<i>Pseudomonas</i> sp. MH 915632.1	Metil butanol	Nonanona	Acetato de isopentilo
		Heptanona	Metil butanotionato

REFERENCIAS

- [1] J. E. Leach, L. R. Triplett, C. T. Argueso, and P. Trivedi, *Cell*, 2017, 169, 587-596
- [2] C. Viera de Almedida, F. Dini Andreote, R. Yara, F. A. Ossanu Tanaka, J. L. Acevedo and M. de Almeida. *World Journal of Microbiology and Biotechnology*, 2009, 25, 1757–1764.
- [3] Ethan J. Andersen, Shaukat Ali, Emmanuel Byamukama, Yang Yen, and Madhav F. Nepal. *Genes*, 2018, 339, 1-30, (DOI.org/10.3390/genes9070339)
- [4] S. W. Wilkinson, M. H. Magerøy, A. Lopez Sanchez, L. M. Smith, L. Furci, T.E. Anne Cotton, P. Krokene, and J. Ton, *Annual Review in Phytopathology*, 2019, 57, 505-529.
- [5] M.P.S. Câmara, N.R. O'Neill, P. Van Berkum, *Mycologia*, 2002, 94, 660-672.
- [6] Kirk, P. M., Cannon, P. F., David, J. C., Stalpers, J. A. Ainsworth and Bisby's Dictionary of the Fungi (No. Ed. 9). CABI publishing, 2001.
- [7] Y. Wang, and X. G. Zhang, *Mycotaxon*, 2006, 96, 77-81.
- [8] D. J. Bradley, G. S. Gilbert, and I. M. Parker, *American Journal of Botany*, 2003, 90, 857-864.
- [9] J. Köhl, B. Groenenboom-de Haas, H. Goossen van de Geijn, A. Speksnijder, P. Kastelein, S. de Hoog and B. Gerrits van den Ende, *European Journal of Plant Pathology*, 2009, 124, 151–162.
- [10] S. Koike, N. O'Neill, J. Wolf, P. Berkum, and O. Daugovish., *Plant Disease*, 2013, 97, 315-322.
- [11] B. Hanse, E. Raaijmakers, A. Schoone, and P. Oorschot, *European Journal of Plant Pathology*, 2015, 142. 319-330, DOI; 10.1007/s10658-015-0617-8.
- [12] L. Gálvez, J. Gil-Serna, M. García, C. Iglesias and D. Palmero, *The plant pathology journal*, 2016, 32, 388-395.
- [13] S. Graf, H. Bohlen-Janssen, S. Miessner, A. Wichura and G. Stammle, *European journal of plant pathology*, 2016, 144, 411-418.
- [14] M. Tanahashi, S. Okuda, E. Miyazaki, R.Y. Parada, A. Ishihara, H. Otani and K. Otsaki Oka, *Journal of Phytopathology*, 2017, 165, 189–194.
- [15] M. E.E. Franco, M. I. Troncozo, S. M. Yanil López, G. Lucentini, R. Medina, M. C. N. Saparrat, L. B. Ronco and P. A. Balatti, *European Journal of Plant Pathology*, 2017a, 149, 983-1000.
- [16] T. J. Wolpert, L. D. Dunkle, and L. M. Ciuffetti, *Annual Review of Phytopathology*, 2002, 40, 251-285.
- [17] A.O. Berestetskiy, *Applied Biochemistry and Microbiology*, 2008, 44, 453-465.
- [18] I. Stergiopoulos, J. Collemare, R. Mehrabi, P.J.G.M. De Wit, *FEMS Microbiology Reviews*, 2012, 37, 67-93.
- [19] H. Yang, T. Zhao, J. Jiang, X. Chen, H. Zhang, G. Liu, D. Zhang, C. Du, S. Wang, X. Xu and Ji. Li, *Frontiers in Plant Science*, 2017, 8, 1257.
- [20] R. de Jonge, H.P. van Esse, K. Maruthachalam, M.D. Bolton, P. Santhanam, M. K. Saber, Z. Zhang, T. Usami, Bart Lievens, Krishna V. Subbarao, and Bart P. H. J. Thomma, *PNAS Proceedings of the National Academy of Sciences*, 2012, 109, 5110-5115.
- [21] L. Lo Presti, D. Lanver, G. Schweizer, S. Tanaka, L. Liang, M. Tollot and R. Kahmann, *Annual Review of Plant Biology*, 2015, 66, 513-545.
- [22] N. P. Keller, *Nature Reviews Microbiology*, 2019, 17, 167-180.
- [23] R. Zeng, S. Gao, L. Xu, X. Liu, and F. Dai, *BMC Microbiology*, 2018, 18, 191, <https://doi.org/10.1186/s12866-018-1329-y>
- [24] J. Sperschneider, P. N. Dodds, D. M. Gardiner, J. M. Manners, K. B. Singh, and J. M. Taylor, *PLoS Pathogen*, 2015, 11, 1-7.
DOI:10.1371/journal.ppat.1004806
- [25] M. E. E. Franco, S. López, R. Medina, M. C. N. Saparrat, P. Balatti, *Genome Announce*, 2015, 15, 1-2.
- [26] M. E. E. Franco, S. M. Y. López, M. Saparrat, and P.A. Balatti, *American Phytopathological Society Annual Meeting*. 2016, July, 72-P.
- [27] N. Khaldi, F. T. Seifuddin, G. Turner, D. Haft, W. C. Nierman,

- K. H. Wolfe, and N. D. Fedorova, *Fungal Genetics and Biology*, 2010, 47, 736-741.
- [28] T. Weber, K. Blin, S. Duddela, D. Krug, H. Uk Kim, R. Bruccoleri, S. Yup Lee, M. A. Fischbach, R. Müller, W. , Wohlleben, R. Breitling, E., Takano, and M. H Medema *Nucleic Research*, 2015, 43, W237-W243.
- [29] P. Cimermancic, M. H. Medema, J. Claesen, K. Kurita, L.C. Wieland Brown, K. Mavrommatis, A. Pati, P. A. Godfrey, M. Koehrsen, J. Clardy, B. W. Birren, E. Takano, A. Sali, R. G. Linington, and M. A. Fischbach, *Cell*, 2014, 158, 412-421.
- [30] M. E. Daub, S. Herrero, and K. Chung, *FEMS Microbiology Letters*, 2005. 252, 197-206.
- [31] H. Liao, and K. Chung, *New Phytologist*, 2007, 177, 239-250.
- [32] T. M. Hohn, and R. D. Plattner, *Archives of Biochemistry and Biophysics*, 1989, 272,137-143.
- [33] R. H. Proctor, and T. M. Hohn, *The Journal of Biological Chemistry*, 1993, 268, 4543-4546.
- [34] G. W. Robinson, Tsay, Y. H., Kienzle, B. K., Smith-Monroy, C. A., and Bishop, R. W., *Molecular and Cellular Biology*, 1993, 13, 2706-2717.
- [35] Y. Gao, R. B. Honzatko, and R. J. Peters, *Natural Product Reports*, 2012, 29,1153-1175.
- [36] N. P. Keller, G. Turner, and J. W. Bennett, *Nature Reviews Microbiology*, 2005, 3, 937-947.
- [37] K. Mende, V. Homann and B. Tudzynski, *Molecular and General Genetics*, 1997, 255, 96-105.
- [38] T. Pusztahelyi, I. Holb, and I. Pócsi, *Frontiers in Plant Science*, 2015, 6, Artículo 573, 1-23 (DOI:10.3389/fpls.2015.00573).
- [39] C. Schmidt-Dannert, *Biosynthesis of Terpenoid Natural Products in Fungi*. In: Schrader J., Bohlmann J. (Eds), *Biotechnology of Isoprenoids. Advances in Biochemical Engineering/Biotechnology*, Springer, Cham, 2014, 148.19-61.
- [40] K. W. von Bargaen, E. M. Niehaus, I. Krug, K. Bergander, E. U. Würthwein, B. Tudzynski, and H. U. Humpf, *Journal of natural products*, 2015, 78, 1809-1815.
- [41] S. M. Rösler, C. M. K. Sieber, H. Humpf, and B. Tudzynski, *Applied Microbiology and Biotechnology*, 2016, 100, 5869-5882.
- [42] Ö. Bayram, K. Feussner, M. Dumkow, C. Herrfurth, and G. H. Braus, *Fungal genetics and biology*, 2016, 87, 30-53.
- [43] Y. Chooi, J. Fang, H. Liu, S. G. Filler, P. Wang, and Y. Tang, *Organic Letters*, 2013, 15, 780-783.
- [44] Y. Li, Y. Chooi, Y. Sheng, J. S. Valentine, and Y. Tang, *Journal of the American Chemical Society*, 2011, 133, 15773-15785.
- [45] X. Xu, L. Liu, F. Zhang, W. Wang, L. Li, and L. Guo, *ChemBioChem*, 2014, 15, 284-292.
- [46] G. Brauers, R.A. Edrada, R. Ebel, P. Proksch, V. Wray, A. Berg, U. Gra, C. Scha, F. Totzke, D. Marme, M. Mu, M. Michel, G. Bringmann, and K. Schaumann., *Journal of Natural Products*, 2000, 63, 739-745.
- [47] (a) D. M. Gardiner, A. J. Cozijnsen, L. M. Wilson, M. S. C. Pedras, and B. J. Howlett, *Molecular Microbiology*, 2004, 53, 1307-18. (b) R. H. Proctor, S. P. McCormick, H. S. Kim, R. E. Cardoza, A. M. Stanley, L. Lindo, A. Kelly, D. W. Brown, T. Lee, M. M. Vaughan, N. J. Alexander, M. Busman, and S. Gutiérrez, *PLoS Pathogens*, 2018, 14, 1-36, (e1006946).
- [48] M. Namikoshi, K. Akano, S. Meguro, I. Kasuga, Y. Mine, T. Takahashi, and H. Kobayashi, *Journal of Natural Products*, 2001, 64, 396-398.
- [49] S. C. Trapp, T. M. Hohn, S. McCormick, and B. B. Jarvis, *Molecular and General Genetics*, 1998, 257, 421-432.
- [50] H. Z. Jin, J. H. Lee, W. D. Zhang, H. B. Lee, Y. S. Hong, Y. H. Kim, and J. J. Lee, *Journal of Asian Natural Products Research*, 2007, 9, 203-207.

- [51] I. Kumari, M. Ahmed, and Y. Akhter, *Biochimie*, 2018, 144, 9–20.
- [52] I. Izquierdo-Bueno, J. Moraga, R. E. Cardoza, L. Lindo, J. R. Hanson, S. Gutiérrez, and I. G. Collado, Relevance of the deletion of the: Tatri4 gene in the secondary metabolome of *Trichoderma Arundinaceum*. *Organic and Biomolecular Chemistry*, 2018, 16, 2955–2965.
- [53] Y. Chooi, C. Krill, R. A. Barrow, S. Chen, R. Trengove, P. Richard, R. P. Oliver, and S. Solomon, *Applied and Environmental Microbiology*, 2015, 81, 177–186.
- [54] R. P. Wise, C. R. Bronson, S. S. Patrick, and H. T. Horner, *Advances in Agronomy*, 1999, 65, 79–130
- [55] Z. Song, R. J. Cox, C. M. Lazarus, and T. J. Simpson, *ChemBioChem*, 2004, 5, 1196–1203.
- [56] C.C.J. Culvenor, J.A. Edgar, M- F. Mackay, C. P. Gorst-Allamn, W. F. O. Marasas, P. S. Steyn, R. Vleggarr, and P. L. Wessels, *Tetrahedron*, 1989, 45, 2351–2372.
- [57] M. S. C. Pedras, L. I. Zaharia, and D. E. Ward, *Phytochemistry*, 2002, 59, 579–596.
- [58] I. Barash, A.L. Karr, G.A. Strobel, *Plant Physiology*, 1975, 55, 646-651.
- [59] G. Assante, G. Nasini, *Phytochemistry*. 1987, 26, 703-705.
- [60] B. Andersen, M. Solfrizzo, A. Visconti, *Mycology Research*, 1995, 99, 672-676.
- [61] A. Debbab, A.H. Aly, R. Edrada-Ebel, Wray, V., W.E.G. Müller, F. Totzke, U. Zirrgiebel, C. Schächtele, M.H.G. Kubbutat, W.H. Lin, M. Mosaddak, A. Hakiki, P., Proksch, R. Ebel, *Journal of Natural Products*, 2009, 72, 626-631.
- [62] A. Debbab, A.H. Aly, R. Edrada-Ebel, V. Wray, A. Pretsch, G. Pescitelli, T. Kurtan and P. Proksch, *European Journal of Organic Chemistry*, 2012, 7, 1351-1359.
- [63] G.S. Saharan, N. Mehta, P. Dayal Meena, *Alternaria diseases of crucifers: biology, ecology and disease management*. Springer Singapore, 2016.
- <https://doi.org/10.1007/978-981-10-0021-8>.
- [64] M.S.C. Pedras, Y. Yu, *Natural Products Communications*, 2009.4, 1201-1304
- [65] A. Evidente, A. Cimmino and M. Masi, *Photochemistry Reviews*, 2019, 18, 843-870.
- [66] W.A. Ayer and L.M. Pena-Rodriguez, *Journal of Natural Products*, 1987, 50, 400–407.
- [67] T.O. Larsen, N.B. Perry and B. Andersen, *Tetrahedron Letters*, 2003, 44, 4511-4513.
- [68] B. Andersen and J.C. Frisvad, *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 2004, 52, 7507-7513.
- [69] B. Andersen, K.F. Nielsen, V. Fernández Pinto and A. Patriarca, *Int. Journal of Food Microbiology*, 2015, 196, 1–10.
- [70] M. Solfrizzo, R.N. Strange, C. Sabia, and A. Visconti, *Natural Toxins*, 1994, 2, 14-18.
- [71] F. Li, F. Xue and X. Yu, GC–MS, FTIR and Raman analysis of antioxidant components of red pigments from *Stemphylium lycopersici*. *Current Microbiology*, 2017, 74, 532-539.
- [72] S. Brase, A. Encinas, J. Keck and C.F. Nising, *Chemical Reviews*, 2009, 109, 3903-3990.
- [73] I. Barash, G. Pupkin, D. Netzer and Y. Kashman, *Plant Physiology*, 1982, 69, 23-27.
- [74] Á. Trigos, G. Mendoza, C. Espinoza, A. Salinas, J.J. Fernández and M. Norte, *Photochemistry Letters*, 2011, 4, 122 125.
- [75] O. Tyc, C. Song, J.S. Dickschat, M. Vos and P. Garbeva, *Trends Microbiology*, 2017, 25, 280–292.
- [76] J.K. Holopainen, J. Gershenzon, *Trends in Plant Science*, 2010, 15, 176–184,
- [77] M.E. Maffei, *South African Journal of Botany*, 2010, 76, 612–631.
- [78] R. Medina, M. E. Franco, C. G. Lucentini, J. A. Rosso, M. C. Saparrat, L. C. Bartel, and P. A. Balatti, *Current Plant Biology*, 2019, 20, 100-122
- [79] S. Lopez, G. Pastorino, M. Franco, R. Medina, G. Lucentini,

M. Saparrat and P. Balatti.
Agronomy, 2018, 8, 136,

<https://doi.org/10.3390/agronomy8080136>. 1-25

[80] D.C. Rezende, M.B. Fialho, S.C. Brand, S. Blumer and S.F. Pascholati, *African Journal of Microbiology Research*, 2015, 9, 1527–1535

[81] M. B. Fialho, M. H. Duarte de Moraes, A. R. Tremocoldi and S.

F. Pascholati, *Pesquisa Agropecuária Brasileira (Brasilia)*, 2011, 46, 137-142,

[82] A. Venkataraman, M. Rosenbaum, J. Werner, S. Winans and L.T. Angenent, *The ISME journal*, 2014, 8, 1210-1220.

[83] J. Corre, J. J. Lucchini, G. M. Mercier and A. Cremieux, *Research in Microbiology*, **1990**;141(4):483-497.

1860-2020

PRIMER CONGRESO INTERNACIONAL DE QUÍMICA EN KARLSRUHE

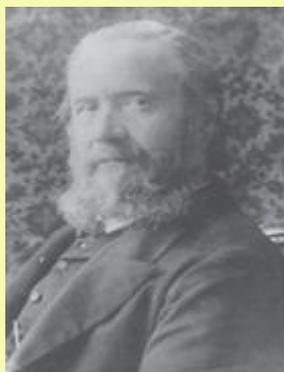
ORGANIZADORES AUGUST KEKULÉ, CHARLES WURTZ

OBJETIVOS: DISCUTIR

- **NOMENCLATURA QUÍMICA,**
- **NOTACIÓN DE FÓRMULAS Y,**
- **MASAS ATÓMICAS**

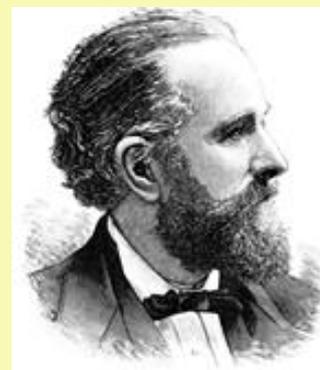


- **CONSENSOS:** Adopción de nuevos pesos atómicos (ahora masas atómicas) para elementos como el hidrógeno (1), carbono (12), oxígeno (16), etc.;
- Mejora en la representación de los compuestos químicos propuesta por Kekulé, poniéndose así los químicos de acuerdo en cuanto a las fórmulas de los compuestos más importantes
- Reconocimiento de que ciertos elementos como el hidrógeno, oxígeno, nitrógeno o cloro son sustancias formadas por moléculas diatómicas y no átomos individuales



Stanislao Cannizzaro
(Italia, 1826-1910)

- **Cannizzaro estableció una clara distinción entre átomos y moléculas.**
- Aplicó la hipótesis de Avogadro a la determinación de los pesos de las moléculas, diferenciando entre el peso de la molécula de hidrógeno (2) y el peso del átomo (1).
- **Dalton había rechazado este resultado al proponer su teoría atómica.**
- **Aceptó que en un mol de gas en condiciones normales, existe el mismo número de partículas.**
- Enunció la “ley de los átomos”, que interpretaba de modo riguroso los hechos sin recurrir a otras hipótesis sobre la constitución de la materia.



Edward Frankland (1825-1899) presentó el Concepto de valencia de los elementos (1852): ***“los átomos de cada elemento individual tenían una capacidad específica propia para combinarse con los átomos de otros elementos, determinando las proporciones en las que se unían para formar compuestos”.***