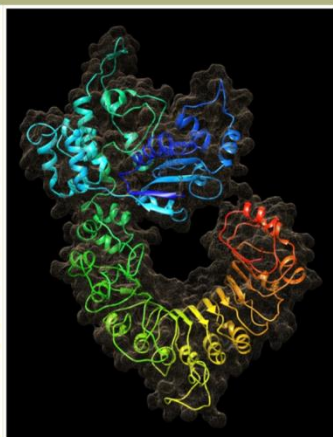
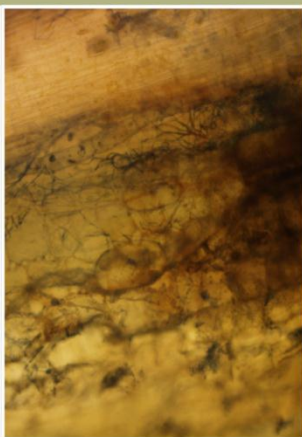


Defensa en plantas contra Fitopatógenos

Programa Nacional de Protección Vegetal

AVANCES PNPV 1135024

Bella Vista, Corrientes - Diciembre 2015



AVANCES PNPV 1135024

**“DEFENSA EN PLANTAS CONTRA
FITOPATÓGENOS”**

1ra Edición

Bella Vista: Ediciones INTA

ISBN: 978-987-521-671-6

100 Ejemplares

Editores: Gochez Alberto M.; Gasoni A. Laura.; Haelterman Raquel M.; Barrera Viviana A. Truol Graciela; Pérez Beatriz A.

Compilación: Gochez Alberto M.; Oviedo Rene E.

Correcciones y Compaginación: Pérez Beatriz A.

Impresiones: La Imprenta Digital SRL. Melo 3711, Florida, Buenos Aires

Diciembre 2015

FOTOS DE TAPA: (IZQUIERDA) Árbol con declinación severa afectado por el síndrome de la “rama seca” del olivo (*Olea europaea* L.) “Arauco” (izquierda) (Guzmán, 2015-IPAVE-CIAP-INTA). (CENTRO) Corte longitudinal de tejidos de tallo de soja colonizados por *Diaporthe caulivora* luego de su inoculación con micelio. Hifas teñidas con azul de tripano (100X) (Montoya, 2015-EEA Balcarce- INTA). (DERECHA) Renderización en 3D (SWISS Model Chimera 1.8 + Pymol v1.8.) de proteína putativa R de yerba mate (*Ilex paraguariensis*) de resistencia a enfermedad del tipo CC-NBS-LRR (949 a.a. y 109.226 kDa HHMER/Pfam) (Debat, 2015- IPAVE CIAP- INTA).

El presente libro de avances del Proyecto Especifico (PE) 1135024 ha sido publicado gracias al apoyo de los siguientes Proyectos Nacionales (PN) y Proyecto Regional con Enfoque Territorial (PRET):

Integrador PNPV 1135021. Generación de conocimientos para el manejo de enfermedades para una producción agroecológica.

PE PNPV 1135022. Identificación y desarrollo de protocolos para la detección de patógenos de importancia agrícola.

PRET CORRI-1243204. Aportes para el desarrollo sustentable de los departamentos de Bella Vista, Saladas, San Roque, Concepción y Mburucuyá, en la provincia de Corrientes.

Evaluación y caracterización de genes involucrados en la interacción de cultivares tolerantes y/o susceptibles de ajo (*Allium sativum* L.) al Alexivirus GarV-A.

GARCÍA LAMPASONA, S.^{1,2}; CONCI, V.^{3, 4}; MERINO, M. C. ^{3,4}; GIMENEZ, M.², CELLI, M.^{3,4}, STRUMIA, G.³

¹ 511000 EEA Mendoza- INTA, ² IBAM-CONICET, Facultad de Ciencias Agrarias, UNCu, ³151000 IPAVE – INTA, ⁴ Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas(CONICET). garcia.lampasona@inta.gob.ar

El ajo está naturalmente infectado por un complejo viral que incluye *Potyvirus*, *Carlavirus* y *Alexivirus*. Dentro de estos últimos géneros se han mencionado seis especies diferentes de virus, todas transmitidas por *Aceria tulipae* (ácaro). Dentro de los *Alexivirus* se han citado infectando ajo, *Garlic virus A, B, C, D, E* y *X*. Las interacciones incompatibles entre los virus y sus huéspedes han servido como modelo para investigar la repuesta de defensa de sus huéspedes. La mayoría de las interacciones incompatibles están asociadas con el incremento de la expresión de genes PR y con la acumulación de proteínas mediadas por el ácido salicílico (SA). En general, se requiere un incremento en la producción de SA para que se produzca una acumulación dramática de de transcritos mRNA PR y de proteínas que ocurren como respuesta a una reacción de resistencia, pero no aparecen en las interacciones susceptibles. Sin embargo, se observaron niveles basales de SA que no son alterados en las interacciones virus-huésped compatibles. El objetivo de esta línea de trabajo fue estudiar la interacción GarV-A-ajo y seleccionar materiales con resistencia o tolerancia a este virus con el propósito de caracterizar el o los genes que confieren resistencia al patógeno. En trabajos previos se registró que ajos del cultivar Castaño-INTA presentaban escasa

o ninguna infección con *Garlic virus A* (GarV-A) a pesar de ser altamente susceptible a la infección con *Aceria tulipae*. Se han descrito numerosos genes que están involucrados en los mecanismos de defensa frente a patógenos en plantas, entre los cuales se encuentran los genes de resistencia (genes R), algunos de los cuales con estas características también han sido descritos en ajo. En este proyecto se propone evaluar los genes: AsRGA26, AsRGA29, AsRGA7, AsRGA6, AsRGA11, y AsRGA23 (Rout y col., 2014) en plantas susceptibles y tolerantes al patógeno. Para ello se está trabajando en primera instancia con los cebadores AsRGA29 y AsRGA11, ajustando las condiciones de las reacciones de RT-qPCR. En base a trabajos preliminares estamos desarrollando un modelo biológico que involucra el uso de plantas libres de virus de ajo susceptible y cv. "Castaño-INTA" tolerante al virus. Para ello se están produciendo plantas libres de virus a través de cultivos de meristemas. Las mismas son evaluadas mediante pruebas serológicas, microscopia electrónica y moleculares que permieron establecer su estado sanitario previo a la inoculación del virus. Paralelamente el aislamiento de GarV-A fue obtenido por reinoculación de lesiones locales a plantas de *Chenopodium murale* y re transmitido a plantas de ajo libres de virus para su multiplicación masiva. Cuando las plantas de cv "Castaño INTA" libres de virus estén rusticadas y adaptadas a la condición *ex vitro*, serán inoculadas con el aislamiento viral. Se extraerá parte de una hoja joven a las 2, 4, 6 y 12 horas y luego una vez por día, durante 10 días posteriores a la inoculación, para la detección de los genes involucrados en la respuesta de defensa. Paralelamente se realizará la misma prueba con ajos susceptible a este virus.