

Nuevas secuencias codificantes ignoradas hasta la fecha podrían jugar un papel clave en el desarrollo de *Podospaera xanthii*

Montserrat Grifé Ruiz, Antonio de Vicente, Alejandro Pérez-García

Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias, Universidad de Málaga e Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea "La Mayora"-Universidad de Málaga-Consejo Superior de Investigaciones Científicas (IHSM-UMA-CSIC),

Podospaera xanthii es un hongo biotrofo obligado y el principal agente causante del oídio de las cucurbitáceas, enfermedad que provoca grandes pérdidas económicas cada año en España y en otros países productores. Hasta el momento, el control químico de la enfermedad ha resultado ser la herramienta más eficaz, aunque la aparición de aislados resistentes a las principales clases de fungicidas ha generado la necesidad de buscar alternativas y nuevas dianas para luchar contra este agente fitopatógeno.

Con el objetivo de identificar nuevas dianas, partiendo de los perfiles transcriptómicos tanto haustorial como epifítico de *P. xanthii* previamente realizados en nuestro laboratorio, se han seleccionado secuencias desechadas en un principio por no presentar anotación ni siquiera como proteínas hipotéticas. Estas secuencias, sin embargo, mantenían un sitio de unión al ribosoma, un marco abierto de lectura y el mismo patrón codificante que el resto de las secuencias anotadas. Además, estudios anteriores realizados en nuestro laboratorio han validado funcionalmente algunas de ellas, verificando su expresión durante el proceso infectivo y su necesidad para el correcto desarrollo del hongo. Todo esto hace pensar que son secuencias codificantes presentes solo en *P. xanthii* y en otros hongos fitopatógenos cercanos. Estas secuencias han sido denominadas PNPCG (*Podospaera* new protein-coding genes).

Para conocer la posible función de dichas proteínas, en primer lugar, llevamos a cabo un análisis *in silico* detallado de las proteínas que incluye modelado 3D, predicción de posibles ligandos e identificación de dominios funcionales. En segundo lugar, una vez identificadas funciones de interés, llevamos a cabo experimentos de silenciamiento génico para la identificación de proteínas clave para la patogénesis de *P. xanthii*. El modelado proteico de algunas de estas nuevas secuencias ha revelado la presencia de posibles inhibidores de enzimas de la planta relacionadas con la resistencia a hongos fitopatógenos. En esta reunión se presentarán los resultados obtenidos hasta la fecha. Nuestra hipótesis es que estas nuevas secuencias ignoradas hasta la fecha, podrían ser clave en la búsqueda de nuevas dianas exclusivas para el control de oídios.

Este trabajo ha sido financiado por una ayuda del Programa Estatal de I+D+i Orientada a los Retos de la Sociedad (AGL2016-76216-C2-1-R), cofinanciada por fondos FEDER (UE).

