

Nota de Prensa

Localizado el gen de resistencia al oídio en melocotonero

- Un equipo investigador del CRAG y del IRTA consigue identificar con precisión la región del genoma donde se encuentra la resistencia al oídio, una enfermedad que afecta a la producción del melocotonero
- En el estudio se han utilizado cruzamientos interespecíficos entre melocotonero y almendro, dos especies genéticamente muy similares
- Los resultados ya se están usando en el programa de mejora del melocotonero del IRTA para obtener nuevas variedades resistentes y reducir el uso de fungicidas en el campo

Bellaterra (Barcelona), 16 de diciembre de 2020

Un equipo investigador del [Centro de Investigación en Agrigenómica \(CRAG\)](#) y del del [Instituto de Investigación y Tecnología Agroalimentarias \(IRTA\)](#) ha localizado el gen de resistencia al oídio en melocotonero, una enfermedad que causa grandes pérdidas económicas y un notable impacto ambiental debido a los fungicidas necesarios para controlarla. [El estudio, publicado en la revista científica *Horticulture Research*](#), también proporciona nuevas herramientas moleculares que se están utilizando para desarrollar e identificar variedades de melocotonero resistentes y lograr así una disminución en la aplicación de fungicidas durante la producción.

El melocotón es un cultivo importante especialmente en las regiones templadas, donde en 2018 se produjeron más de 24 millones de toneladas a nivel mundial, siendo España el cuarto país productor. Los cultivos comerciales de melocotón son susceptibles a la enfermedad del oídio, causada por un hongo que infecta frutos, hojas y brotes, afectando directamente la calidad del fruto y la capacidad de producción del árbol.

El hongo causante del oídio, llamado *Podosphaera pannosa*, se puede controlar preventivamente mediante fungicidas, pero la aplicación de estos productos resulta muy costosa y perjudicial para el entorno. Una alternativa ambientalmente segura a los fungicidas es el desarrollo de variedades de melocotón resistentes a través de la mejora vegetal, y los resultados del nuevo trabajo desarrollado en el CRAG proporcionan una valiosa información para lograr un manejo integrado y más sostenible de esta enfermedad.

En búsqueda del gen de resistencia

«Antes de este estudio, y gracias al uso de cruzamientos interespecíficos, habíamos podido localizar un gen de resistencia a *Podosphaera pannosa* procedente del almendro, una especie genéticamente muy similar al melocotonero. Ahora, gracias al uso de herramientas genómicas como la secuenciación masiva, conocemos con mucha más precisión la posición de este gen y cuál podría ser su función», explica [Iban Eduardo](#), investigador del IRTA en el CRAG y líder del trabajo.

Dada la similitud genética entre el almendro y el melocotonero se pueden obtener híbridos fértiles entre estas dos especies, hecho que el equipo investigador había aprovechado para descubrir la resistencia al oídio en estudios anteriores. Con el objetivo de localizar de forma más precisa el gen de resistencia, en el presente trabajo analizaron el ADN de más de 700 híbridos e identificaron aquellos que contenían una recombinación y, por tanto, aportaban información útil. En estos híbridos seleccionados se evaluó la resistencia al hongo, lo que llevó a obtener una lista de 27 genes candidatos para los cuáles se estudiaron las diferencias entre el almendro y el melocotonero, y se examinó su expresión en las hojas de los híbridos durante la infección por parte del hongo. Mediante el uso de todas estas técnicas, el gen llamado RGA2 es el que más evidencias presentó para ser el gen responsable de la resistencia al oídio.

Del almendro al melocotón

Una vez localizado el gen de resistencia al oídio procedente del almendro, este se puede introducir en las variedades comerciales de melocotón a través de cruzamientos dirigidos y su posterior selección mediante el uso de marcadores moleculares. Actualmente, ya se han iniciado los cruzamientos en el programa de mejora genética del melocotonero del IRTA, y el personal investigador está trabajando para desarrollar nuevas variedades resistentes, con todas las ventajas económicas y ambientales que representan.

«Los marcadores moleculares que hemos descrito en este estudio nos están sirviendo para seleccionar los melocotoneros resistentes entre todas las plantas resultantes de los cruzamientos. También proponemos usar estos programas de mejora genética para combinar distintos genes de resistencia a plagas y enfermedades y aumentar así la durabilidad de la resistencia y la sostenibilidad de los cultivos», concluye Neus Marimon, primera firmante del artículo.

Imágenes:

Camp.jpg: Campo de nectarinos en la Estación Experimental del IRTA en Mollerussa, Lleida. Crédito: CRAG-IRTA.

Fruit_1.jpg: Melocotones en desarrollo con síntomas del oídio (manchas blancas). Crédito: CRAG-IRTA.

Fruit_2.jpg: Nectarina en desarrollo con síntomas del oídio (manchas blancas). Crédito: CRAG-IRTA.

Fulles_1.jpg: Dos hojas de híbridos de melocotonero y almendro, la superior infectada por el hongo causante del oídio y la inferior sana. Crédito: CRAG-IRTA.

Fulles_2.jpg: Hojas de híbridos de melocotonero y almendro, en la izquierda sanas y en la derecha infectadas por el hongo causante del oídio. Crédito: CRAG-IRTA.

Las imágenes se pueden descargar en:

<https://drive.google.com/drive/folders/1g3T5QuO1b929REemeoDJMaxyb24VPmYD?usp=sharing>

Artículo de referencia: *Horticulture Research* volume 7, Article number: 175 (2020) <https://doi.org/10.1038/s41438-020-00396-9>. **Fine mapping and identification of candidate genes for the peach powdery mildew resistance gene Vr3.** Neus Marimon, Jordi Luque, Pere Arús & Iban Eduardo.

Sobre los autores y la financiación del estudio

Este estudio ha sido posible gracias al apoyo económico del Ministerio de Economía y Competitividad (becas INIA y programa "Severo Ochoa" para Centros de Excelencia en I+D), del Programa CERCA de la Generalitat de Catalunya (subvención AGL2015-68329-R) y del Fondo Europeo de Desarrollo Regional-FEDER (proyecto RIS3CAT, COTPA-FRUIT3CAT).

Sobre el CRAG

El Centro de Investigación en Agrigenómica (CRAG) es un centro que forma parte del sistema CERCA de la Generalidad de Cataluña, y que se estableció como consorcio de cuatro instituciones: el Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), el Instituto de Investigación y Tecnología Agroalimentarias (IRTA), la Universidad Autónoma de Barcelona (UAB) y la Universidad de Barcelona (UB). La investigación del CRAG se extiende desde la investigación básica en biología molecular de plantas y animales de granja, a las aplicaciones de técnicas moleculares para la cría de especies importantes para la agricultura y la producción de alimentos en estrecha colaboración con la industria. El CRAG ha sido reconocido como "Centro de Excelencia Severo Ochoa 2020-2023" por el Ministerio de Economía y Competitividad.

Sobre el IRTA

El IRTA es un instituto de investigación dedicado a la I+D+i agroalimentaria en los ámbitos de producción vegetal, producción animal, industrias alimentarias, medio ambiente y cambio global, y economía agroalimentaria. La transferencia de sus avances científicos contribuye a la modernización, competitividad y desarrollo sostenible de los sectores agrario, alimentario y acuícola, a la provisión de alimentos sanos y de calidad para los consumidores y a la mejora del bienestar de la población. El IRTA está adscrito al Departament d'Agricultura, Ramaderia, Pesca i Alimentació (DARP) de la Generalitat de Catalunya, y forma parte del sistema CERCA.

Para más información y entrevistas:

Área de Comunicación

Centro de Investigación en Agrigenómica (CRAG)

+34 93 563 66 00 Ext 3033

+34 609 088 368

email: zoila.babot@cragenomica.es