FACULTAD DE CIENCIAS AGRONÓMICAS
UNIVERSIDAD DE CHILE

CENTRO FRUTICULTURA SUR

Estudios genómicos de las bacterias del cerezo: Desde el diagnóstico a la interacción planta-patógeno

Alan Zamorano C.

agezac@uchile.cl

La fiebre de las cerezas: más de 10 años de crecimiento sostenido

Smartcherry

Comercial

Chile exportó 413.979 toneladas de cerezas durante la Tp. 2023-2024

Cultivos . Frutales . Cereza

Comparte

Redagrícola

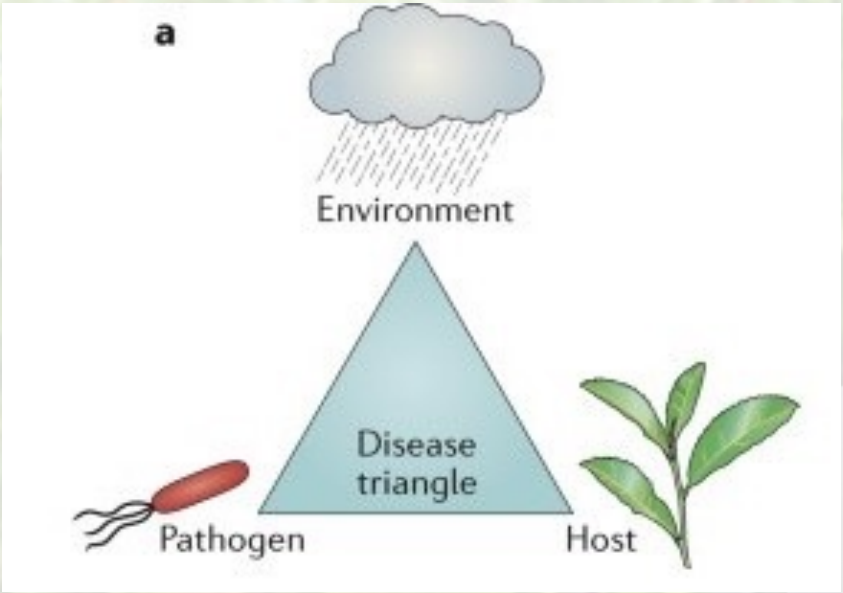
Estudio de ProChile

Cerezas chilenas logran récord de envíos durante enero de 2024 con aumento de 27,5% respecto a campaña anterior.

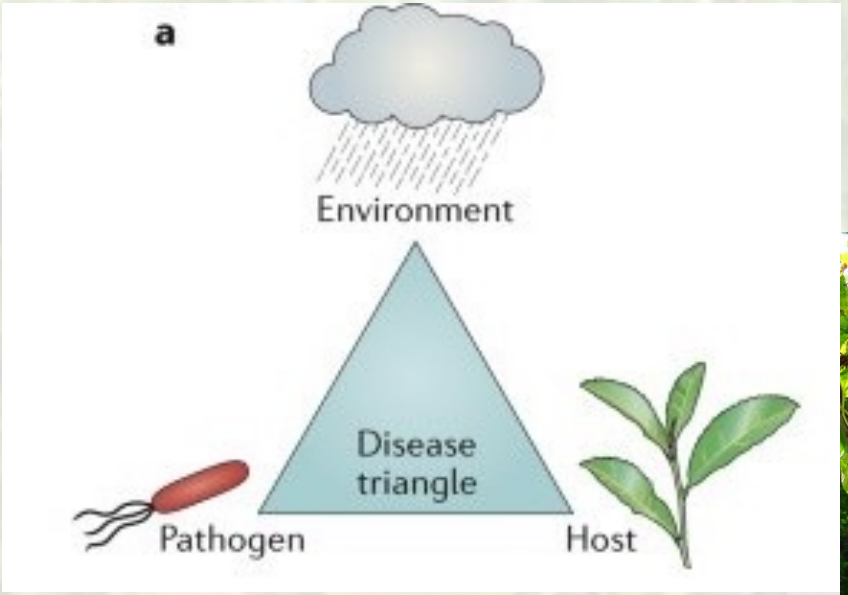
Industria de la cereza chilena celebra una buena temporada y se prepara para enfrentar el desafío de crecer

Por **Portal Agro Chile / Grupo Prensa Digital** - abril 26, 2024 456 0

La fiebre de las cerezas: Chile cuadruplica en 10 años las hectáreas



La fiebre de las cerezas: Chile cuadruplica en 10 años las hectáreas



Situación en zona de alta productividad

Pseudomonas syringae* pv. *syringae

Situación en zona de alta productividad

Pseudomonas amygdali* pv. *morsprunorum

Situación en zona de alta productividad

Foto: Paz Millas et al., 2024

Rhizobium radiobacter (Agrobacterium tumefaciens)

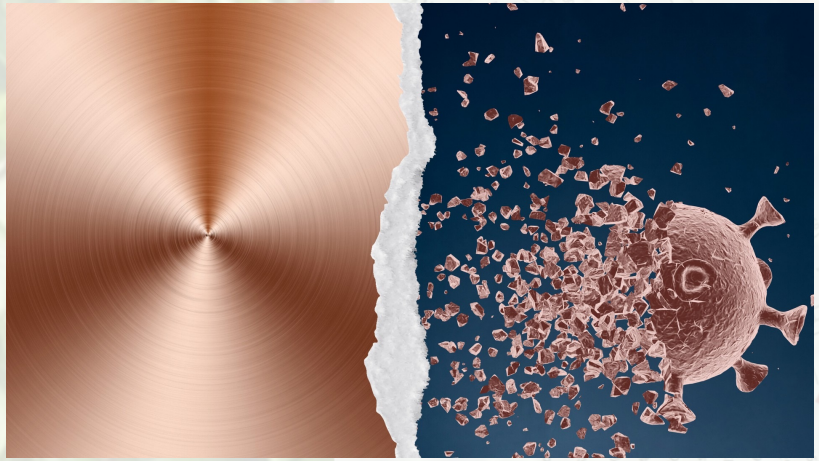
Pero también hay patógenos intracelulares

Fitoplasmas

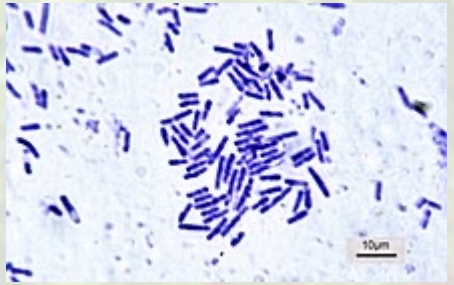
Sweet cherry decline – 16SrIII-J

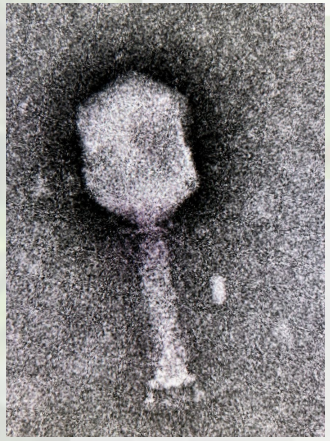
¿Qué podemos hacer, entonces?

Control químico: Cobre



Control biológico





Factor común: PREVENCIÓN

Mejorar la detección

Proyecto Fondecyt Postdoc - ANID
"Genomic studies for the optimization of detection techniques and characterization of Agrobacterium species associated with crown gall in fruit crops of economic importance in Chile."

Proyecto Anillo O'Higgins ACTO190001 PIA - ANID
"Deep insight into cherry plant defense responses to bacterial canker disease, in a scenario of water restriction"

Proyecto Fondecyt regular ANID
"Use of deep sequencing for optimization of phytoplasma detection in fruit crops"

Partamos con lo más antiguo…

Fitoplasmas

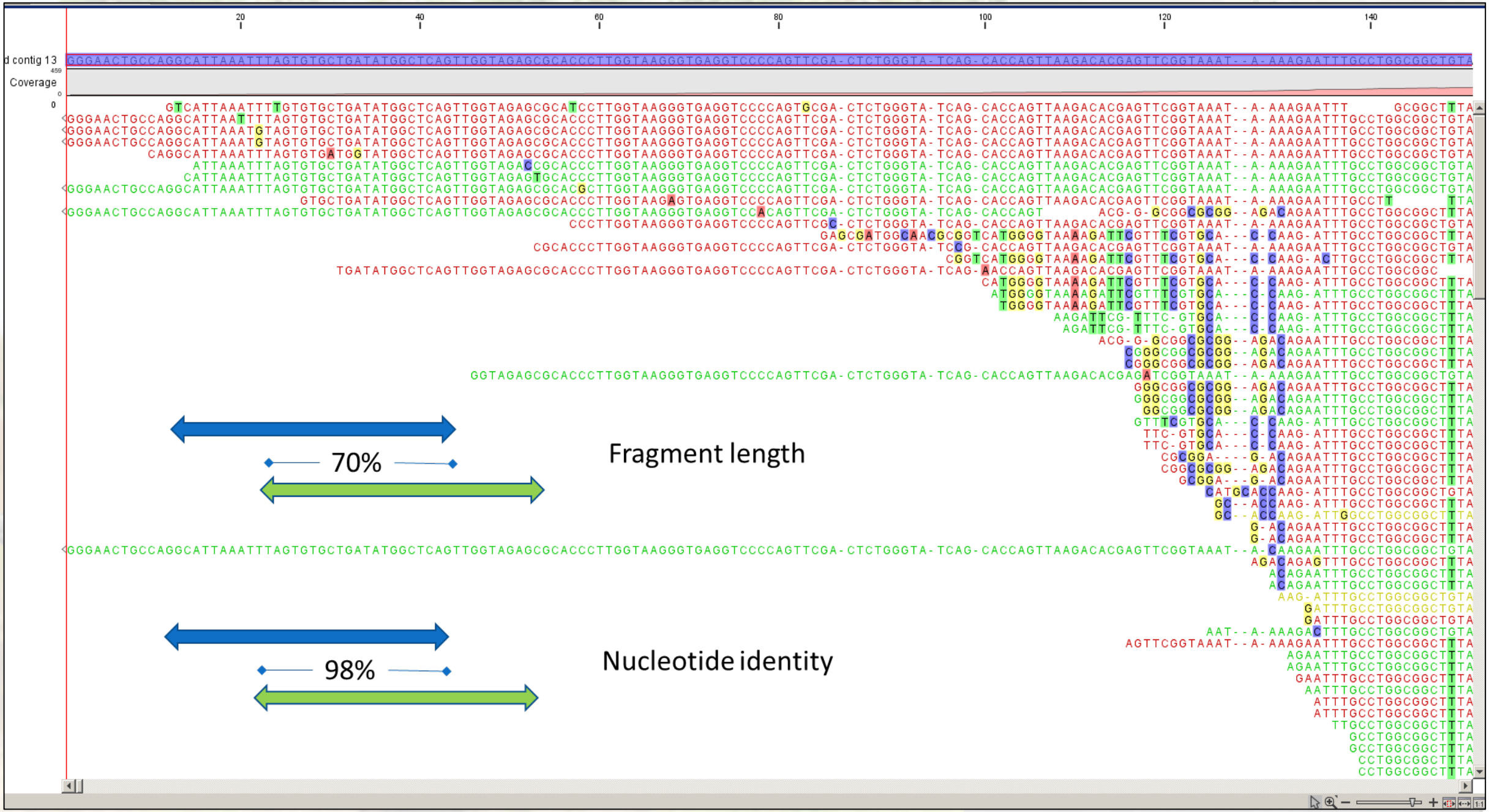
Sweet cherry decline – 16SrIII-J

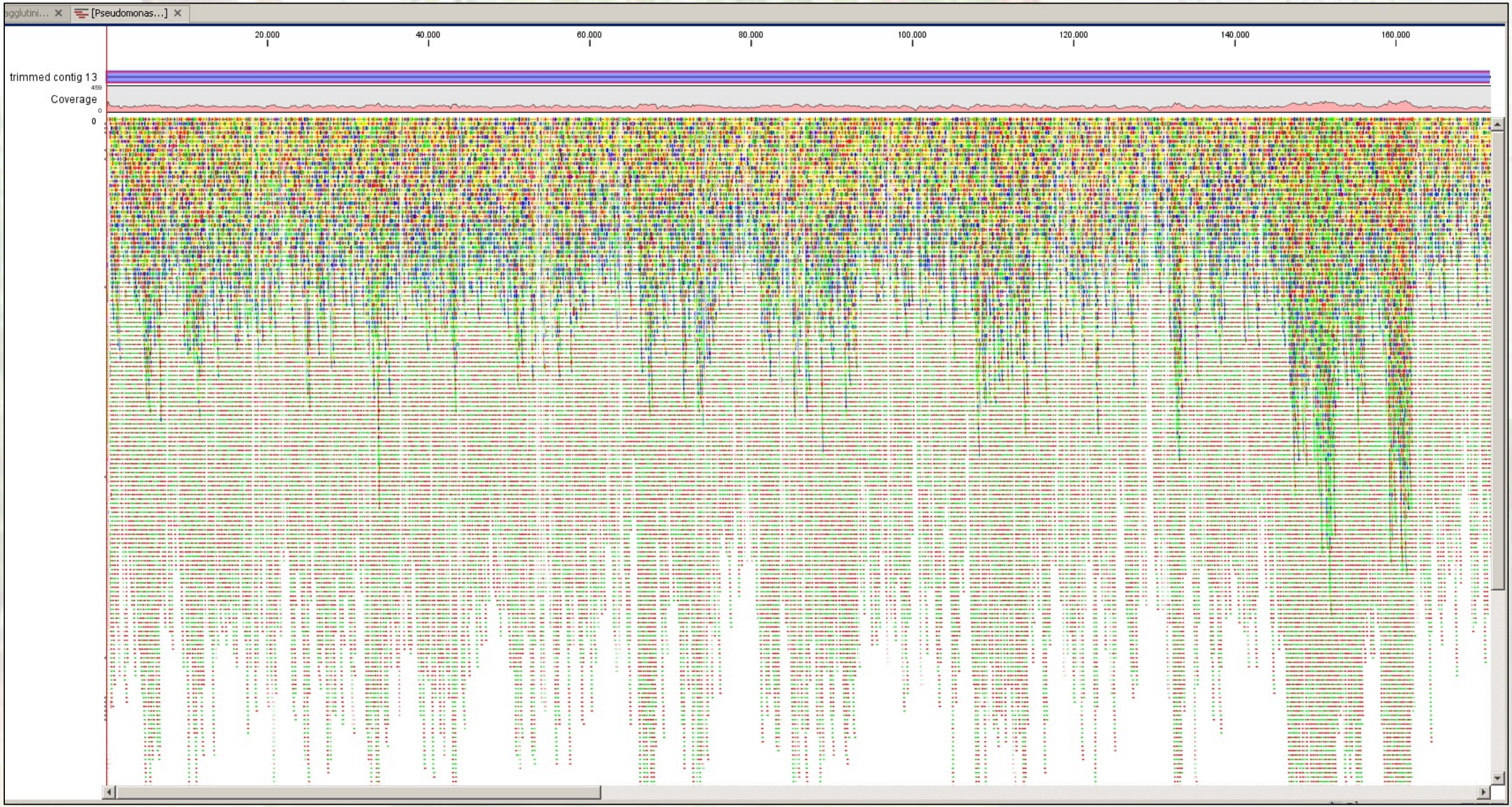
Partamos con lo más antiguo…

Vinca infectada

Vinca Sana

- Illumina seq
- Millones de secuencias pequeñas para ordenar


d contig 13
Coverage
70%
Fragment length
98%
Nucleotide identity


agglutini...
[Pseudomonas...]
20.000
40.000
60.000
80.000
100.000
120.000
140.000
160.000
trimmed contig 13
459
Coverage
0
0

AMERICAN SOCIETY FOR MICROBIOLOGY | genomeAnnouncements

CrossMark
click for updates

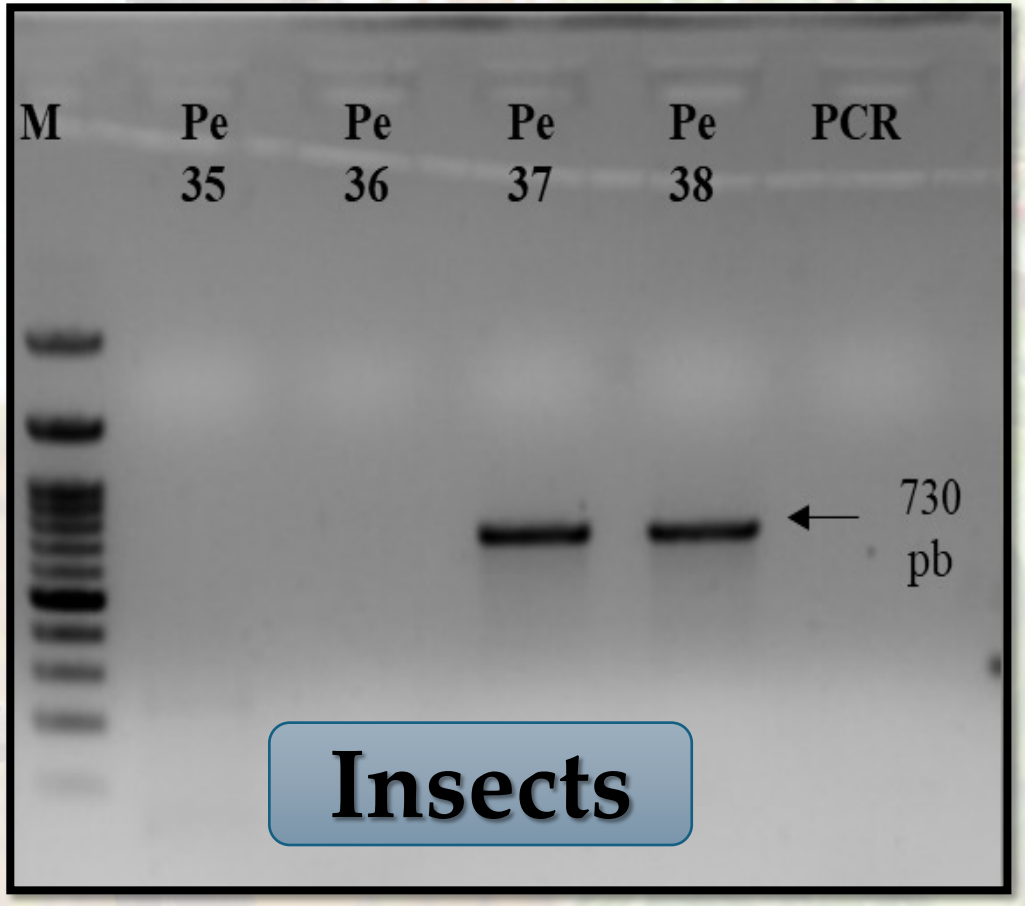
Draft Genome Sequence of 16SrIII-J Phytoplasma, a Plant Pathogenic Bacterium with a Broad Spectrum of Hosts

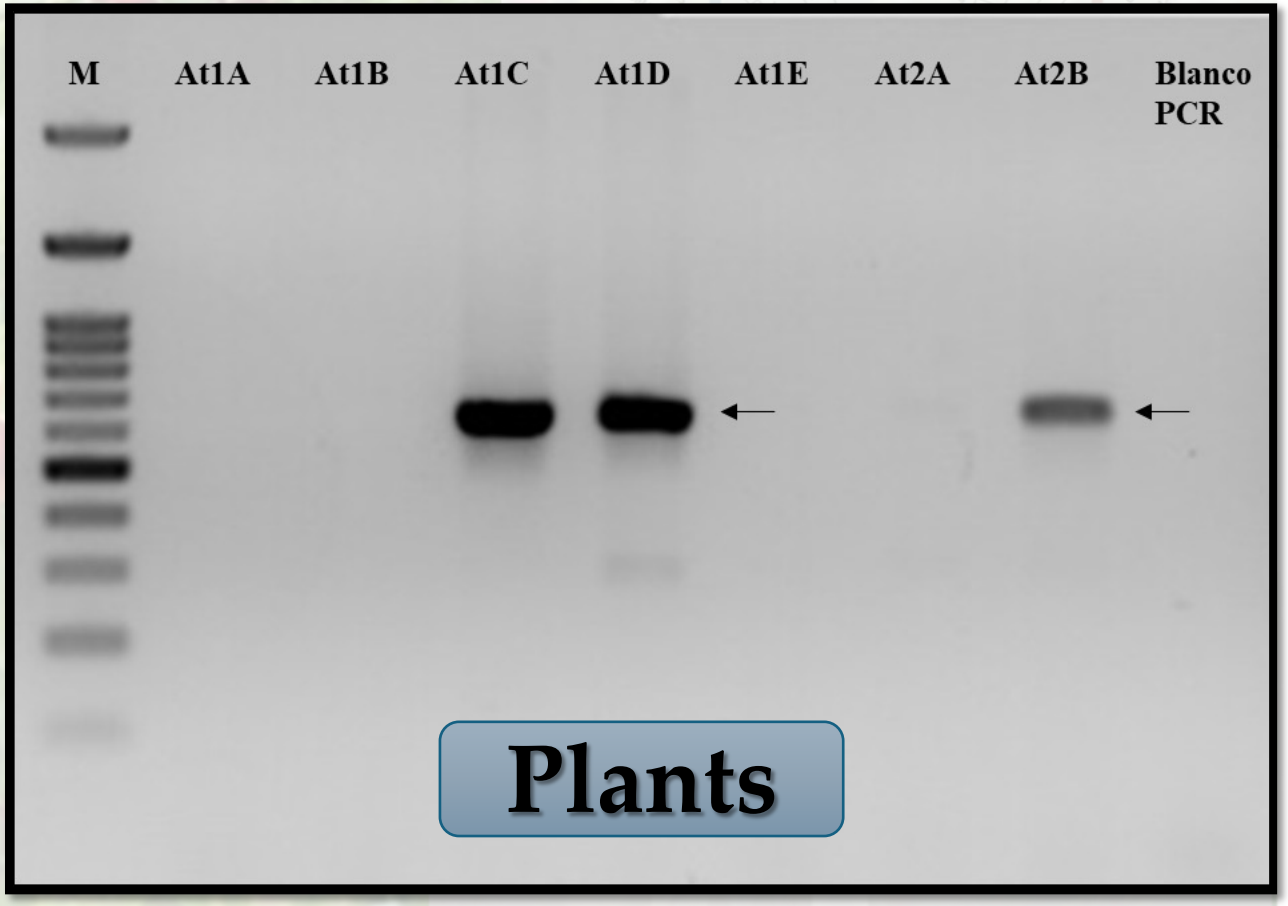
Alan Zamorano, Nicola Fiore

Universidad de Chile, Facultad de Ciencias Agronómicas, Departamento de Sanidad Vegetal, Santiago, Chile

Secuencia del genoma del fitoplasma16SrIII-J
(29 contigs – 687 Kb)

Nuevo método de detección

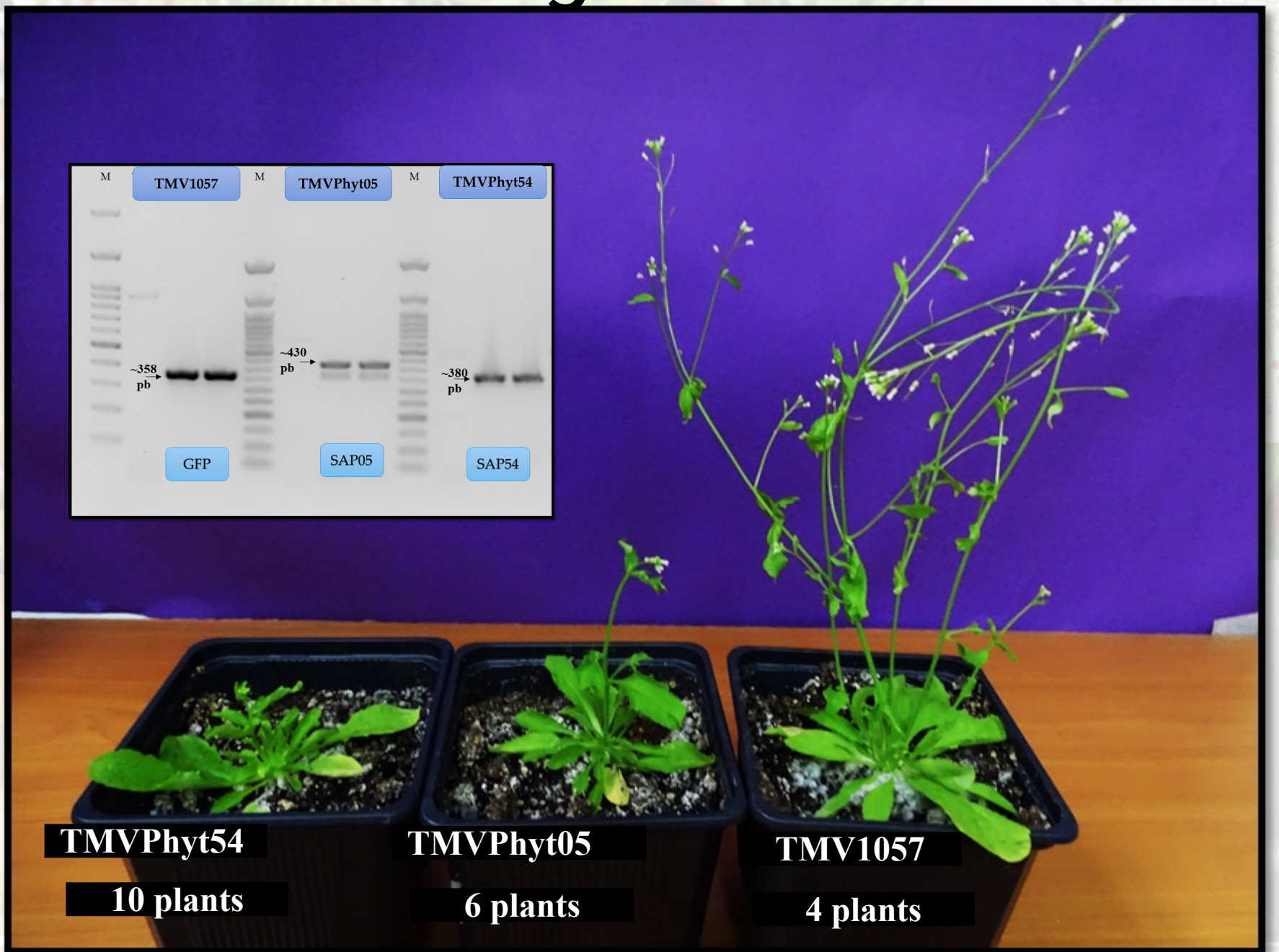




IdpAJ-F	730 pb	Immunodominant membrane protein A
IdpAJ-R		

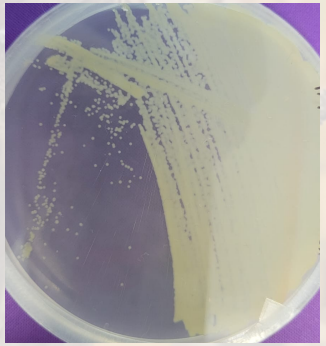
Sequencing confirmation: OK!!

Identificación de genes de virulencia

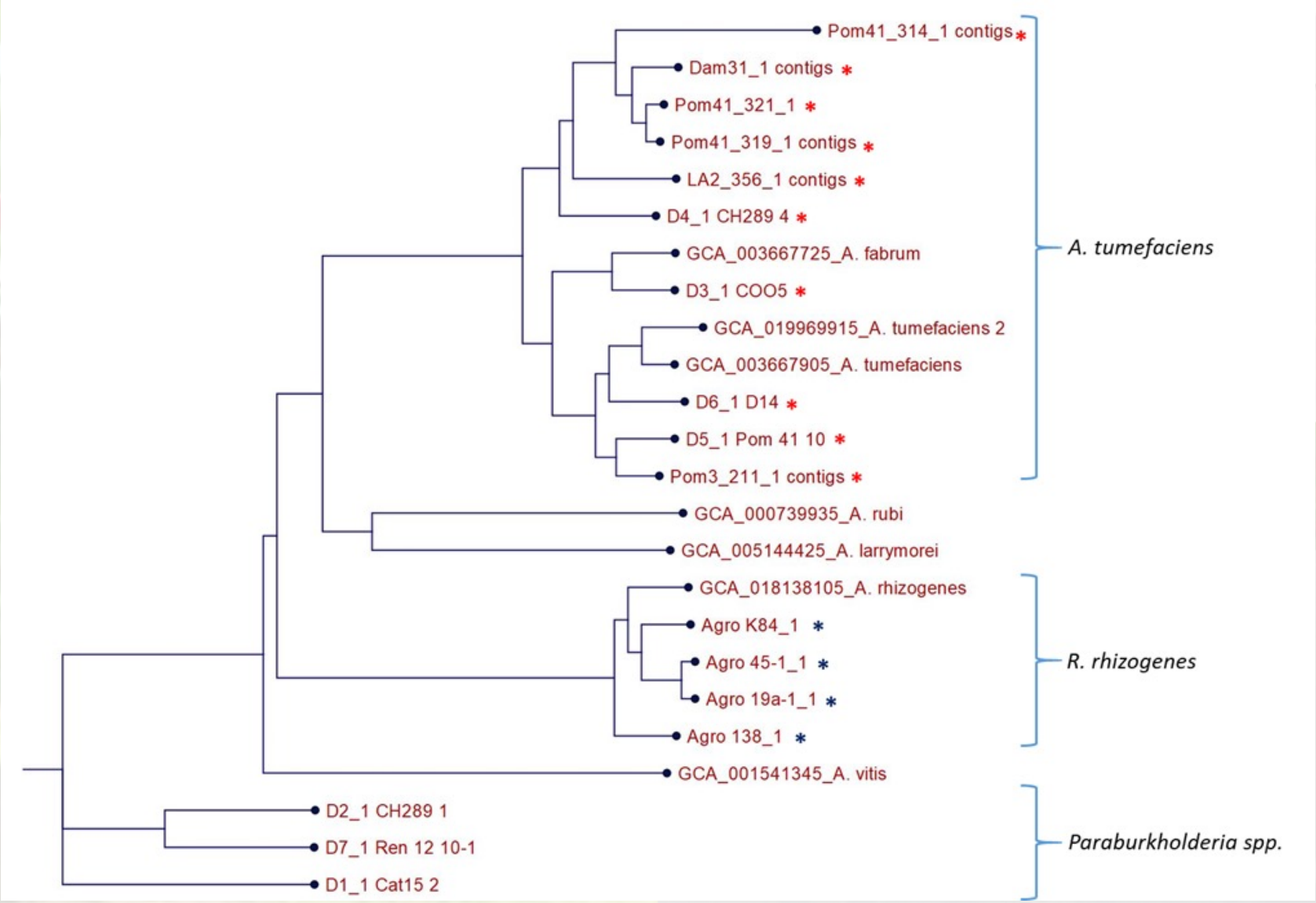


Sigamos con *Agrobacterium*... *(trabajo en progreso)*

- Colecta de aislados en la zona central
- Diferentes hospederos incluido cerezo
- Identificación en medio de cultivo semi-selectivo



Caracterización molecular



organism selection

ose to compute data for the following organisms:

ence	Agrobacterium tumefaciens 12D1 (358.631)
arison Organism 1	Agrobacterium fabrum (1176649.52) BlastDotPlot
arison Organism 2	Agrobacterium tumefaciens D14 (358.629) BlastDotPlot
arison Organism 3	Agrobacterium tumefaciens LA2_356 (358.630) BlastDotPlot
arison Organism 4	Rhizobium rhizogenes (359.387) BlastDotPlot

Percent protein sequence identity

ional best hit	100	99.9	99.8	99.5	99	98	95	90	80	70	60	50	40	30	20	10
ctional best hit	100	99.9	99.8	99.5	99	98	95	90	80	70	60	50	40	30	20	10

table clear all filters

display 30 items per page

«prev displaying 1631 - 1660 of 5239 next» last»

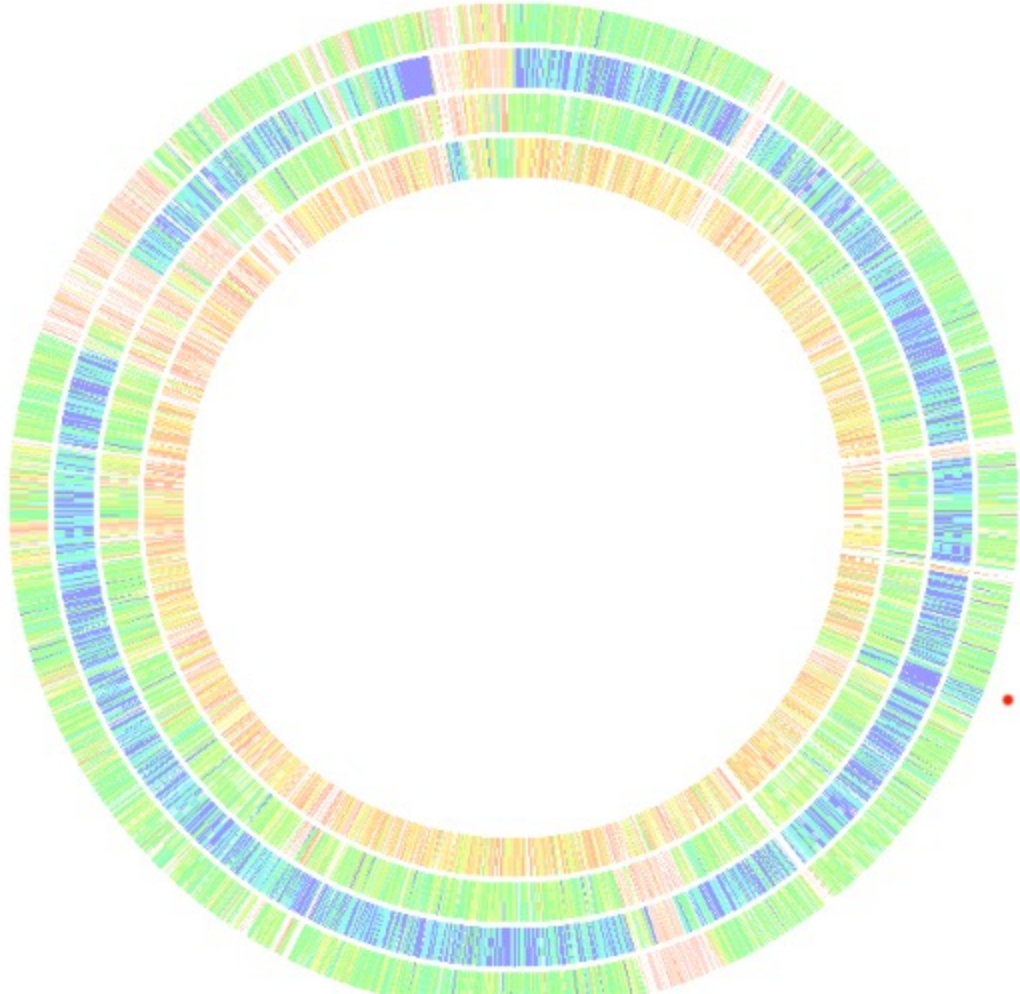
nt identity 1176649.52 <

nt identity 358.630 <

percent identity 358.629 <

percent identity 359.387 <

358.631			1176649.52			358.629			358.630			359.387		
Gene	Length	Hit all	Contig all	Gene	Hit all	Contig all	Gene	Hit all	Contig all	Gene	Hit all	Contig all	Gene
1631	133	bi	1	1724	bi	62	4830	bi	194	5255	bi	217	5153
1632	102	bi	1	1725	bi	62	4831	bi	194	5254	bi	217	5154
1633	185	bi	1	1726	bi	62	4832	bi	194	5253	bi	217	5155
1634	103	bi	1	1727	bi	62	4833	bi	194	5252	bi	217	5156
1635	123	bi	1	1728	bi	62	4834	bi	194	5251	bi	217	5157
1636	79	bi	1	1729	bi	62	4835	bi	194	5250	bi	217	5158
1637	67	bi	1	1730	bi	62	4836	bi	194	5249	bi	217	5159
1638	138	bi	1	1731	bi	62	4837	bi	194	5248	bi	217	5160
1639	244	bi	1	1732	bi	62	4838	bi	194	5247	bi	217	5161
1640	130	bi	1	1733	bi	62	4839	bi	194	5246	bi	217	5162
1641	93	bi	1	1734	bi	62	4840	bi	194	5245	bi	217	5163
1642	279	bi	1	1735	bi	62	4841	bi	194	5244	bi	217	5164
1643	98	bi	1	1736	bi	62	4842	bi	194	5243	bi	217	5165
1644	207	bi	1	1737	bi	62	4843	bi	194	5242	bi	217	5166
1645	214	bi	1	1738	bi	62	4844	bi	194	5241	bi	217	5167
1646	103	bi	1	1739	bi	62	4845	bi	194	5240	bi	217	5168
1647	392	bi	1	1740	bi	36	3782	bi	161	4219	bi	561	7535
1648	700	bi	1	1741	bi	23	2680	bi	138	3330	bi	217	5170
1649	157	bi	1	1742	bi	23	2679	bi	138	3331	bi	217	5171
1650	124	bi	1	1743	bi	23	2678	bi	138	3332	bi	217	5172
1651	98	bi	1	1744	bi	23	2677	bi	138	3333	bi	217	5173
1652	117	bi	1	1745	bi	23	2676	-			bi	217	4269
1653	362	bi	1	1746	bi	23	2675	bi	138	3334	bi	153	3672
1654	1403	bi	1	1747	bi	23	2674	bi	138	3335	bi	217	5174
1655	1379	bi	1	1748	bi	23	2673	bi	138	3336	bi	217	5175
1656	126	bi	1	1750	bi	23	2671	bi	138	3338	bi	217	5176
1657	173	bi	1	1751	bi	23	2670	bi	138	3339	bi	217	5177
1658	232	bi	1	1752	bi	23	2669	bi	138	3340	bi	217	5179
1659	144	bi	1	1753	bi	23	2668	bi	138	3341	bi	217	5180
1660	177	bi	1	1754	bi	23	2667	bi	138	3342	bi	217	5181



organism selection

ose to compute data for the following organisms:

ence	Agrobacterium tumefaciens 12D1 (358.631)
arison Organism 1	Agrobacterium fabrum (1176649.52) BlastDotPlot
arison Organism 2	Agrobacterium tumefaciens D14 (358.629) BlastDotPlot
arison Organism 3	Agrobacterium tumefaciens LA2_356 (358.630) BlastDotPlot
arison Organism 4	Rhizobium rhizogenes (359.387) BlastDotPlot

Percent protein sequence identity

ional best hit	100	99.9	99.8	99.5	99	98	95	90	80	70	60	50	40	30	20	10
ctional best hit	100	99.9	99.8	99.5	99	98	95	90	80	70	60	50	40	30	20	10

table clear all filters

display 30 items per page

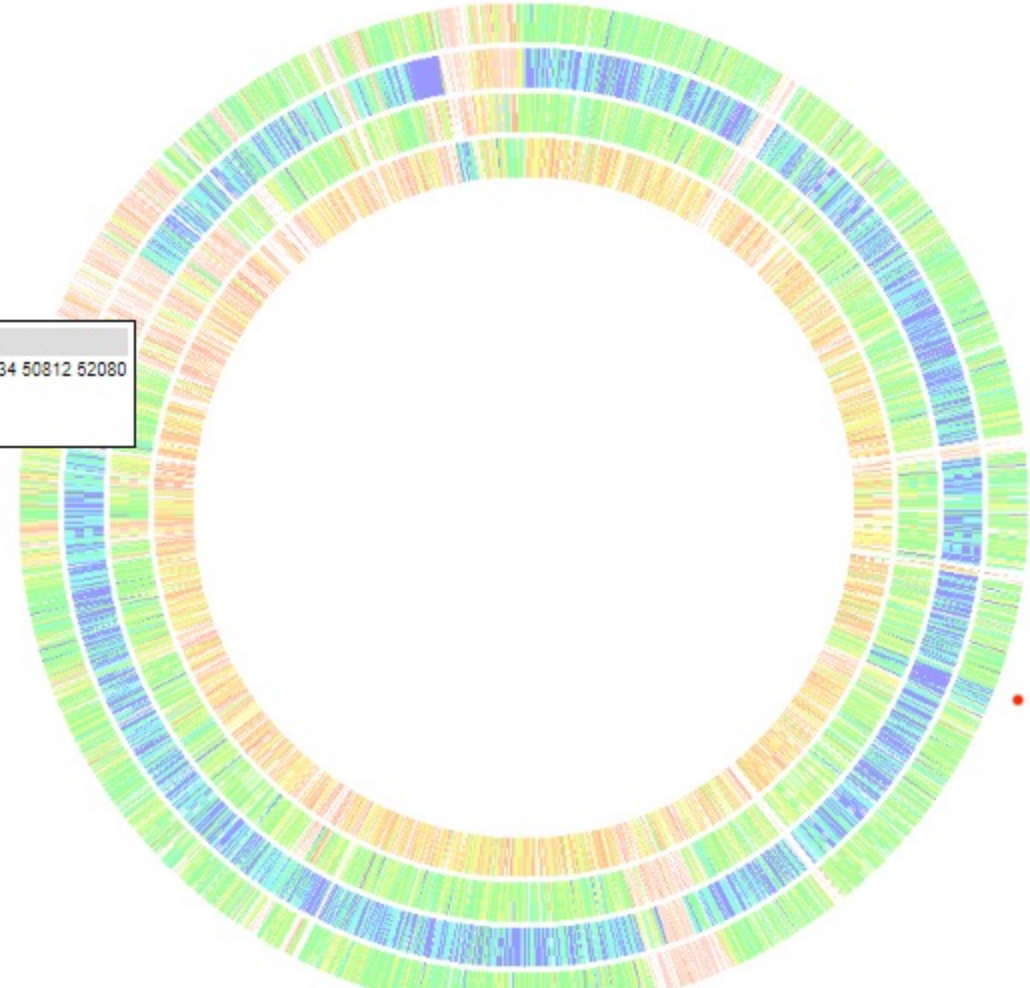
displaying 1 - 23 of 23

nt identity 1176649.52	<	80	**percent identity 358.629**	> 95
nt identity 358.630	>	95	**percent identity 359.387**	< 80

358.631			1176649.52		358.629			358.630			359.387		
Gene	Length	Hit all	Contig all	Gene	Hit bi	Contig all	Gene	Hit bi	Contig all	Gene	Hit all	Contig all	Gene
507	91	bi	1	531	bi	33	3326	bi	99	2283	bi	110	3184
586	209	uni	2	3419	bi	33	3247	bi	99	2202	uni	323	5893
1409	54	-			bi	62	4597	bi	194	5456	-		
1699	104	-			bi	22	2630	bi	28	221	-		
2000	423	bi	1	2098	bi	11	1945	bi	28	520	bi	217	4060
2730	150	-			bi	42	380						
3138	290	uni	2	4082	bi	80	551						
3297	376	uni	2	3387	bi	79	512						
3299	122	uni	3	4898	bi	79	512						
3633	304	uni	2	3131	bi	6	121						
3840	548	bi	3	4916	bi	12	2358	bi	187	4801	uni	34	1854
3847	376	bi	3	4922	bi	12	2351	bi	187	4794	bi	525	6925
4060	88	-			bi	5	1149	bi	178	4545	-		
4454	303	uni	1	1553	bi	4	801	bi	59	1013	uni	217	4452
4455	268	uni	2	3470	bi	4	800	bi	59	1012	uni	560	7202
4456	222	uni	2	3903	bi	4	799	bi	59	1011	bi	1	206
4457	347	uni	2	4303	bi	4	798	bi	59	1010	bi	1	210
4459	293	uni	5	5373	bi	4	796	bi	59	1008	bi	1	208
4460	265	bi	2	4160	bi	4	795	bi	59	1007	bi	1	207
4618	329	uni	2	4389	bi	4	639	bi	170	4360	bi	132	3586
4707	308	uni	2	3949	bi	17	2491	bi	170	4418	bi	13	1124
4708	416	uni	1	1924	bi	17	2492	bi	170	4419	bi	13	1215
4868	151	-			bi	2	142	bi	10	143	uni	185	3926

displaying 1 - 23 of 23

fig|358.629.peg.1945
location: D6_1_D14_(paired_trimmed_pairs)_contig_1Averagecoverage_35834 50812 52080
length: 422
identity: 1
function: BACTEROID DEVELOPMENT PROTEIN BACA



Sequences producing significant alignments

Download | Select columns | Show 100

select all *100 sequences selected*

GenPept | Graphics

	Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ider	Acc.
☑	alpha-ketoglutarate-dependent dioxygenase AlkB [Agrobacterium tumefaciens]	Agrobacterium tumefaciens	406	406	99%	1e-142	100.0	
☑	alpha-ketoglutarate-dependent dioxygenase AlkB [Agrobacterium tumefaciens]	Agrobacterium tumefaciens	404	404	99%	6e-142	99.49	
☑	alpha-ketoglutarate-dependent dioxygenase AlkB [Agrobacterium]	Agrobacterium	404	404	99%	8e-142	99.49	
☑	alpha-ketoglutarate-dependent dioxygenase AlkB [Agrobacterium tumefaciens]	Agrobacterium tumefaciens	403	403	99%	1e-141	99.49	
☑	alpha-ketoglutarate-dependent dioxygenase AlkB [Agrobacterium sp. LAD9]	Agrobacterium sp. LAD9	395	395	99%	2e-138	97.44	
☑	alpha-ketoglutarate-dependent dioxygenase AlkB [Agrobacterium tumefaciens]	Agrobacterium tumefaciens	394	394	99%	6e-138	97.95	
☑	alpha-ketoglutarate-dependent dioxygenase AlkB [Agrobacterium tumefaciens complex]	Agrobacterium tumefaciens complex	394	394	99%	7e-138	97.44	
☑	hypothetical protein ATCR1_04209 [Agrobacterium tumefaciens CCNWGS0286]	Agrobacterium tumefaciens CCNWGS...	388	388	95%	9e-136	99.47	
☑	alpha-ketoglutarate-dependent dioxygenase AlkB [Rhizobium rhizogenes]	Rhizobium rhizogenes	350	350	98%	2e-120	86.08	

UPLOAD FILE: Primer Alk.fas

```
  1 ATGAATCATG TCGGTGCATC CCCTTTGCCG CCAGGCGTCA TGTATTTCGA CGCCTTCGTC TCCCCCGAAG AGGAAGCCAC   80
    ********** ********** ********** ********** ********** ********** ********** **********

 81 CCTCGCAGCC ATATTGGATA ACGGTGCTTG GAGCACTGAG TTGAAGCGCC GTGTGCAGCA TTTCGGTTAT CGCTACGACT  160
    ********** ********** ********** ********** ********** ********** ********** **********

161 ATAAAGCGCG CACTGTTACC CCAGATGCCT ATCTCGGGCC ATTGCCACAG TGGTTCGGTA TCTTCGCTGA GCGATTGGTT  240
    ********** ********** ********** ********** ********** ********** ********** **********

241 ACGGAAGGAT ATTGCCGAAA TTTGCCGGAC CAGGTGATTG CGAACGAGTA TCTTCCGGGC CAGGGCATCA GCGCACACAT  320
    ********** ********** ********** ********** ********** ********** ********** **********

321 CGACTGTGTT CCCTGTTTTG ACGATACAAT CGTGTCGATA AGCCTTCTAT CCGCATGTGA GATGGTTTTC CACGATGTGC  400
    ********** ********** ********** ********** ********** ********** ********** **********

401 GCGGACCAGC CGCGTGCGGT GTTTTGCTTC AACCTCGCTC CGGCGTCTTG CTGAGAGATT CCGGCCGCTA CGGCTGGACT  480
    ********** ********** ********** ********** ********** ********** ********** **********

481 CATGAAATTC CGGCTCGCAA ATCGGATATC GTGAATGGAG TTAGGACAGA CCGAAGCAGA AGAATTTCCC TCACTTTTCG  560
    ********** ********** ********** ********** ********** ********** ********** **********

561 CAAGGTCATC GCTCCGAAAT GGTCTTGA                                                          588
    ********** ********** ********
```

Set Mutation

Mut/Cons

Clear

Fixed Primer

F3

F2

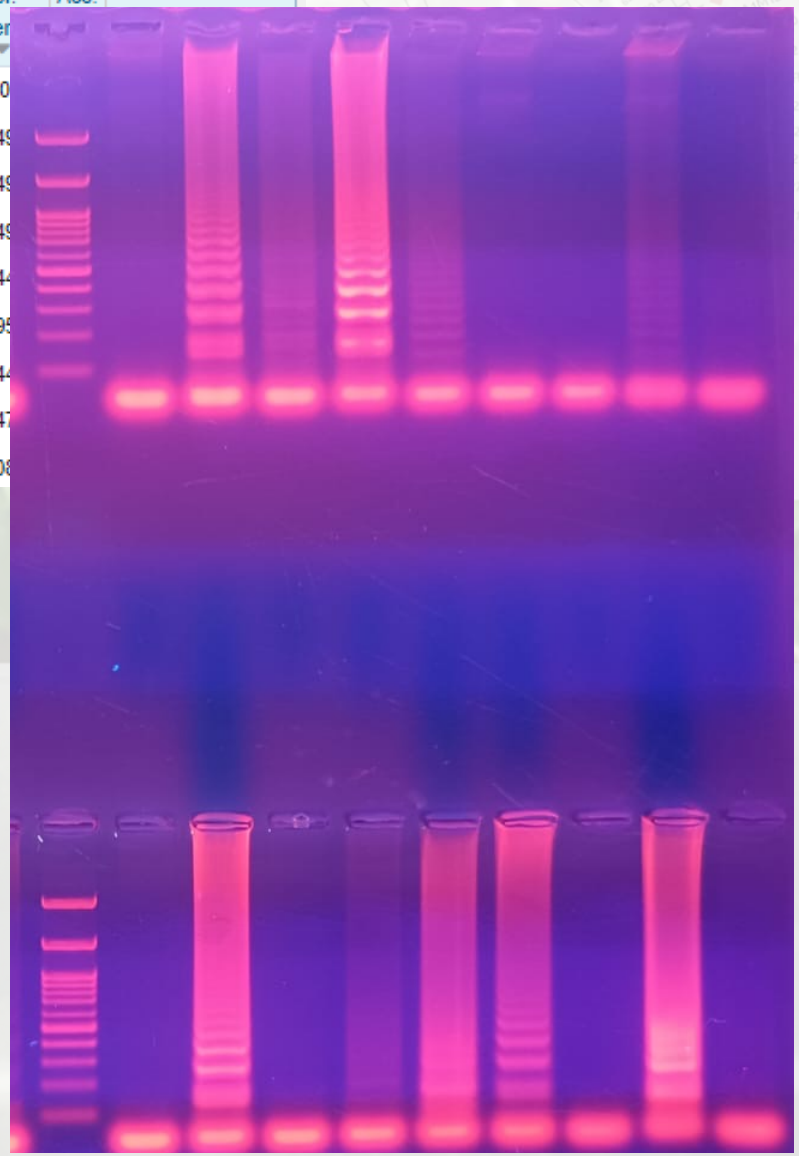
F1

B1

B2

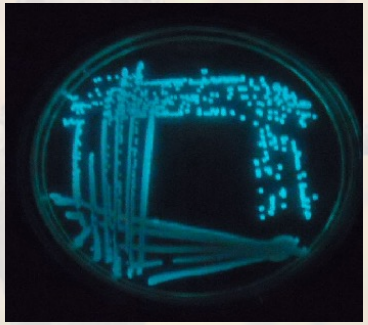
B3

Clear



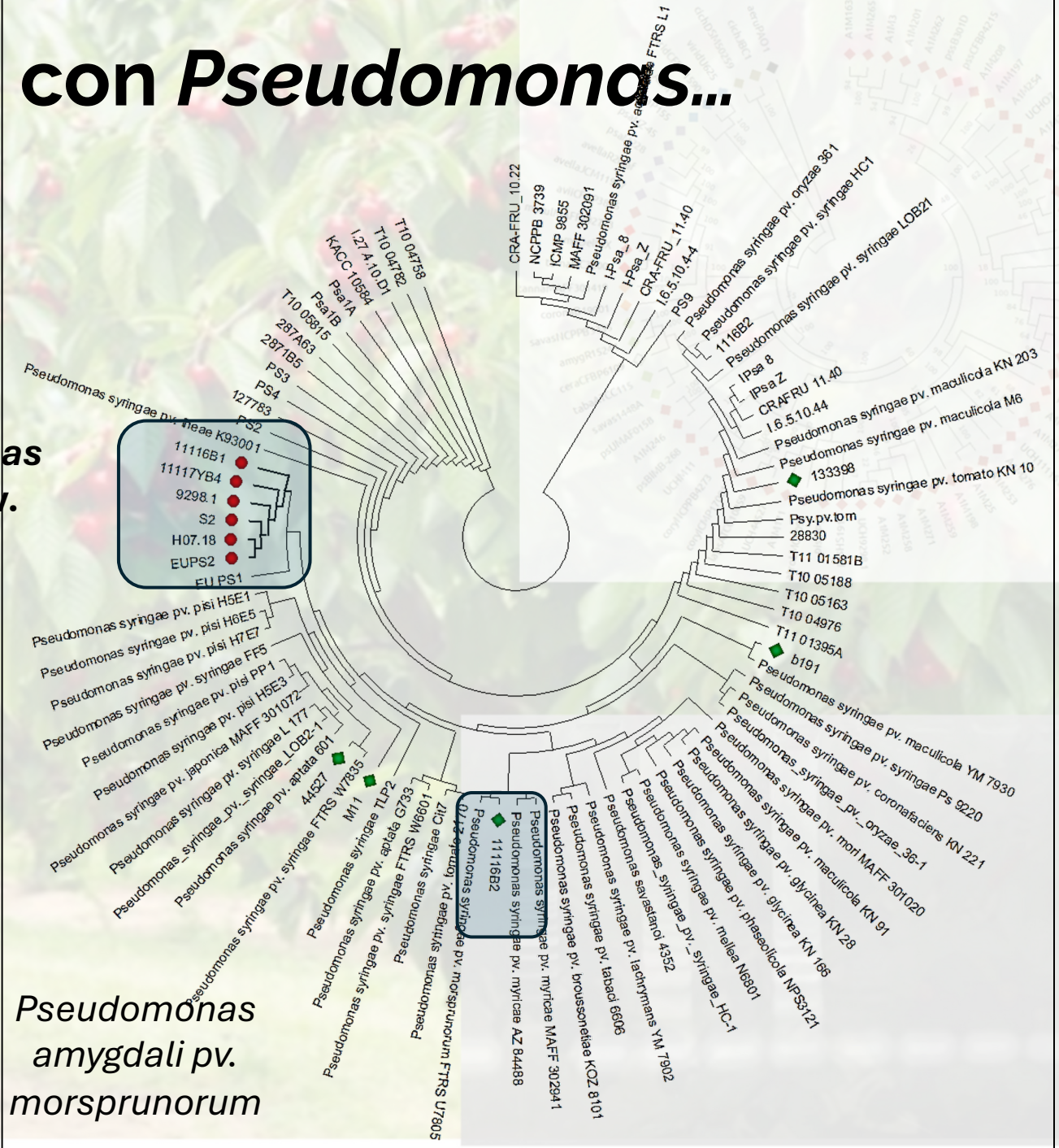
Terminamos con *Pseudomonas*…

- Colecta de aislados en la zona central
- Diferentes hospederos incluido cerezo
- Identificación en medio de cultivo diferencial



Caracterización molecular

Pseudomonas syringae* pv. *syringae



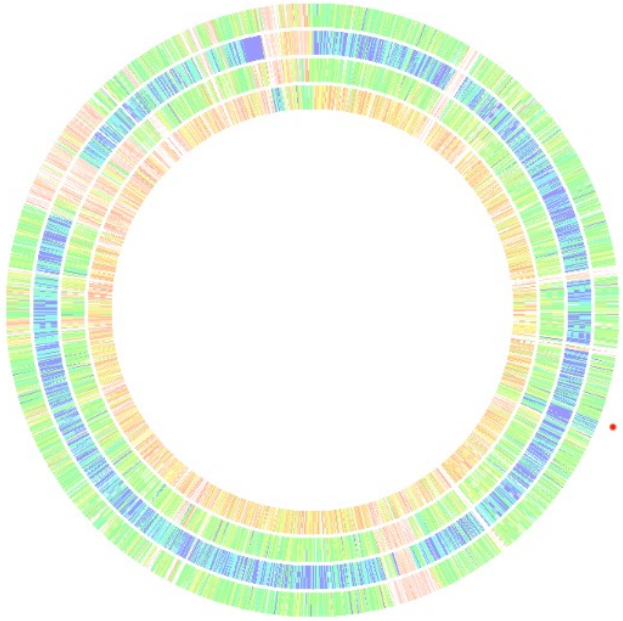
Pseudomonas amygdali pv. morsprunorum

«first «prev displaying 1631 - 1660 of 5239 next» last»

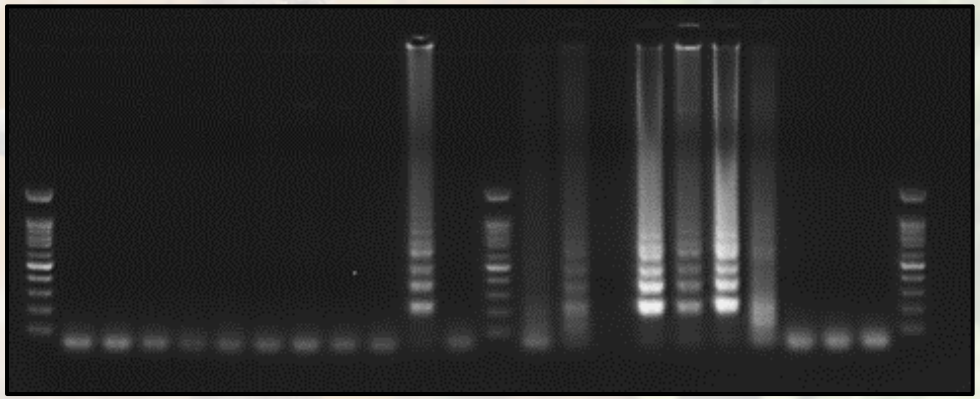
percent identity 1176649.52	<	percent identity 358.629	<
percent identity 358.630	<	percent identity 359.387	<

358.631			1176649.52			358.629			358.630			359.387		
Contig all	Gene	Length	Hit all	Contig all	Gene	Hit all	Contig all	Gene	Hit all	Contig all	Gene	Hit all	Contig all	Gene
1	1631	133	bi	1	1724	bi	62	4830	bi	194	5255	bi	217	5153
1	1632	102	bi	1	1725	bi	62	4831	bi	194	5254	bi	217	5154
1	1633	185	bi	1	1726	bi	62	4832	bi	194	5253	bi	217	5155
1	1634	103	bi	1	1727	bi	62	4833	bi	194	5252	bi	217	5156
1	1635	123	bi	1	1728	bi	62	4834	bi	194	5251	bi	217	5157
1	1636	79	bi	1	1729	bi	62	4835	bi	194	5250	bi	217	5158
1	1637	67	bi	1	1730	bi	62	4836	bi	194	5249	bi	217	5159
1	1638	138	bi	1	1731	bi	62	4837	bi	194	5248	bi	217	5160
1	1639	244	bi	1	1732	bi	62	4838	bi	194	5247	bi	217	5161
1	1640	130	bi	1	1733	bi	62	4839	bi	194	5246	bi	217	5162
1	1641	93	bi	1	1734	bi	62	4840	bi	194	5245	bi	217	5163
1	1642	279	bi	1	1735	bi	62	4841	bi	194	5244	bi	217	5164
1	1643	98	bi	1	1736	bi	62	4842	bi	194	5243	bi	217	5165
1	1644	207	bi	1	1737	bi	62	4843	bi	194	5242	bi	217	5166
1	1645	214	bi	1	1738	bi	62	4844	bi	194	5241	bi	217	5167
1	1646	103	bi	1	1739	bi	62	4845	bi	194	5240	bi	217	5168
1	1647	392	bi	1	1740	bi	36	3782	bi	161	4219	bi	561	7535
1	1648	700	bi	1	1741	bi	23	2680	bi	138	3330	bi	217	5170
1	1649	157	bi	1	1742	bi	23	2679	bi	138	3331	bi	217	5171
1	1650	124	bi	1	1743	bi	23	2678	bi	138	3332	bi	217	5172
1	1651	98	bi	1	1744	bi	23	2677	bi	138	3333	bi	217	5173
1	1652	117	bi	1	1745	bi	23	2676	-			bi	217	4269
1	1653	362	bi	1	1746	bi	23	2675	bi	138	3334	bi	153	3672
1	1654	1403	bi	1	1747	bi	23	2674	bi	138	3335	bi	217	5174
1	1655	1379	bi	1	1748	bi	23	2673	bi	138	3336	bi	217	5175
1	1656	126	bi	1	1750	bi	23	2671	bi	138	3338	bi	217	5176
1	1657	173	bi	1	1751	bi	23	2670	bi	138	3339	bi	217	5177
1	1658	232	bi	1	1752	bi	23	2669	bi	138	3340	bi	217	5179
1	1659	144	bi	1	1753	bi	23	2668	bi	138	3341	bi	217	5180
1	1660	177	bi	1	1754	bi	23	2667	bi	138	3342	bi	217	5181

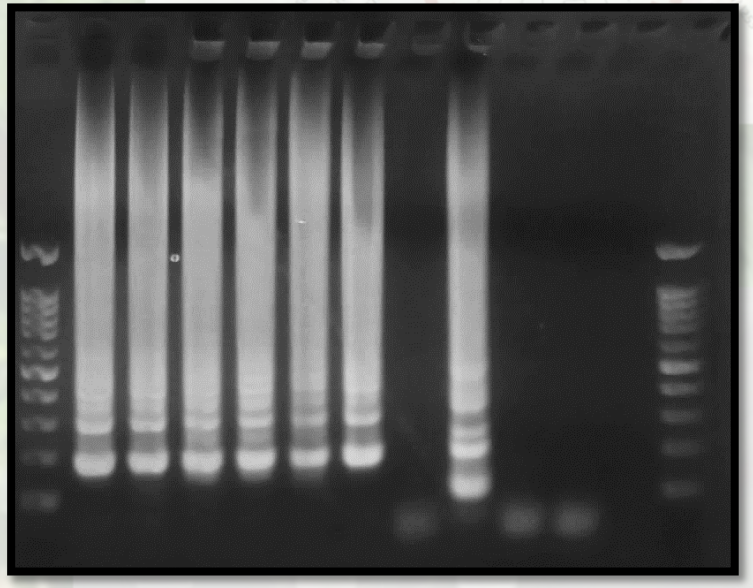
«first «prev displaying 1631 - 1660 of 5239 next» last»



- Mismo trabajo comparativo a nivel genómico permite identificar regiones únicas en Pss y Pam

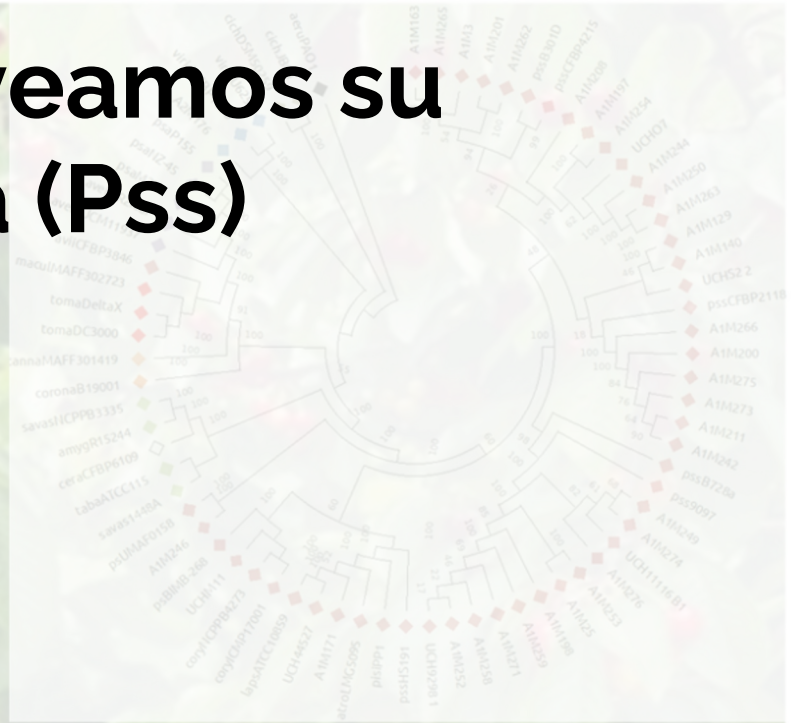


- Detección específica de Pam



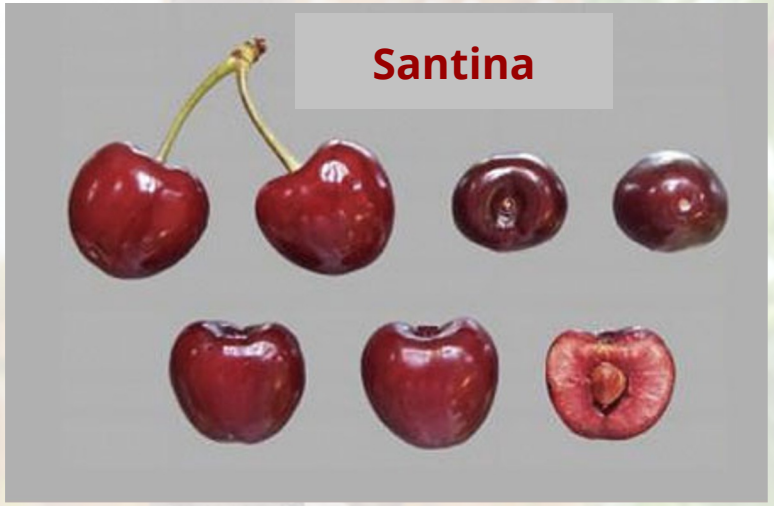
- Detección específica de Pss

Y ahora que la detectamos, veamos su Interacción con la planta (Pss)



Interacción con la planta

Antecedentes



Susceptible

-

Fotografía: Javier Rodrigo García

Susceptible

+

Santina

Lapins

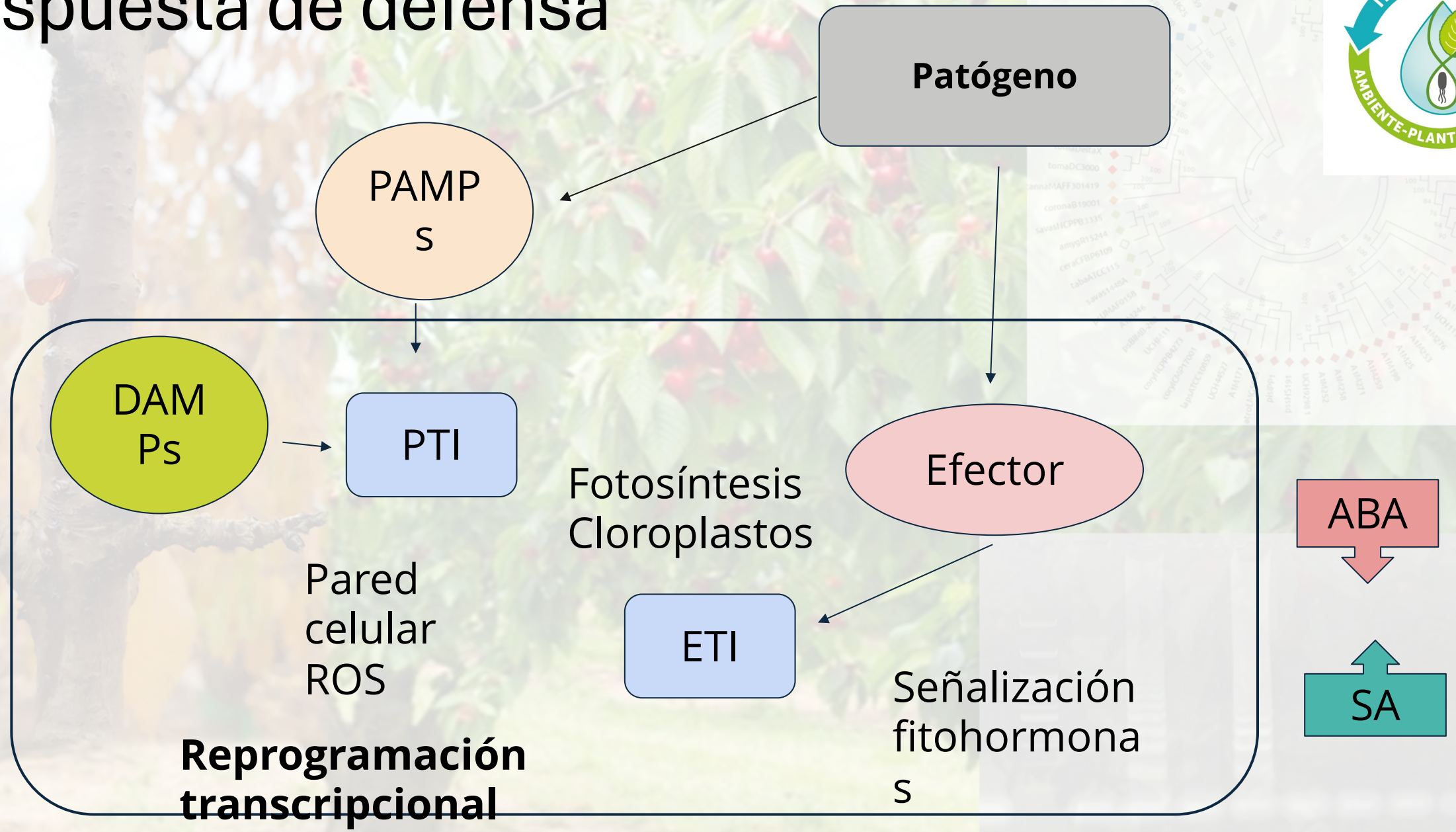
Regina

Bing

–

+

Respuesta de defensa



Estrés individual v/s combinado

Estrés individual

Estrés combinado

Estrés hídrico

Pss

≠

Pss + Déficit hídrico

Menor número de genes regulados

Respuestas únicas

Cronología del estrés

Estrés individual v/s combinado

- Las plantas en estrés combinado con cronología P-DH fueron más susceptibles a Pst que las bien regadas (Gupta *et al.*, 2016).

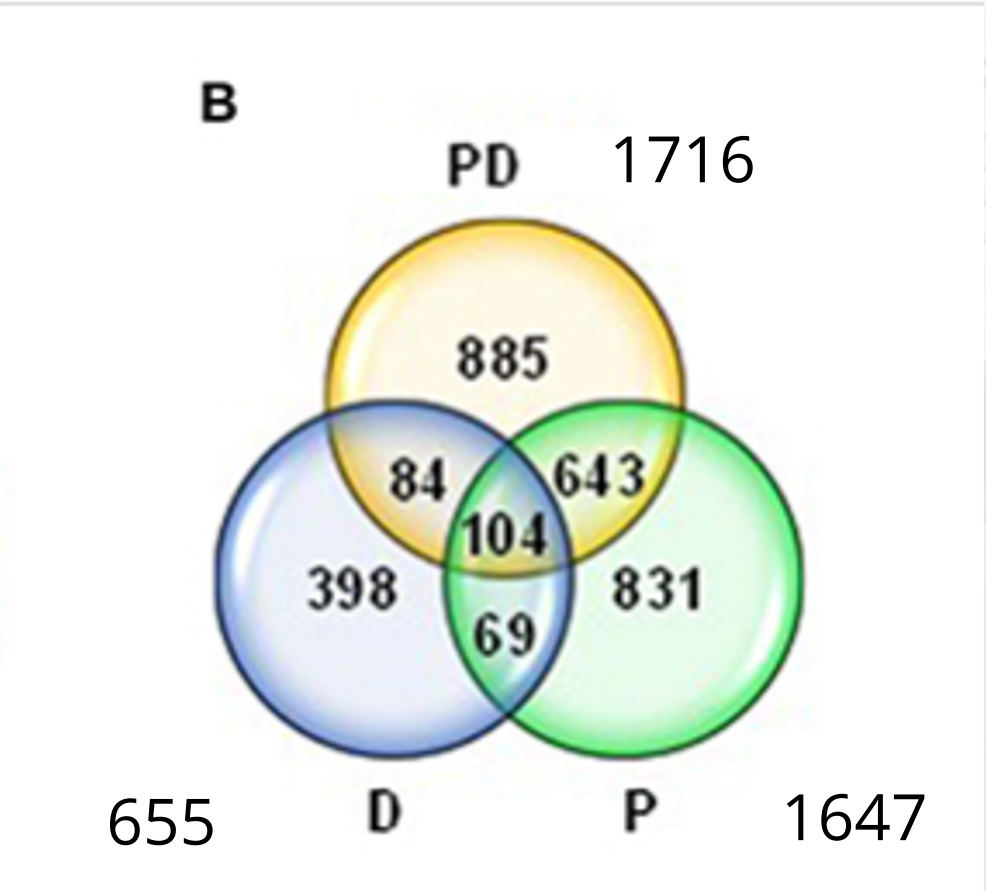


Diagrama de Venn de la distribución de genes expresados diferencialmente (DEG) en el estrés por *Pseudomonas syringae* pv. *tomato* (Pst DC3000; P) y déficit hídrico (D), individual y combinado, en plantas de *Arabidopsis thaliana* (Gupta *et al.*, 2016).

Objetivo

- **Evaluar el transcriptoma de distintas combinaciones portainjerto-variedad de cerezo con susceptibilidad contrastante a *Pseudomonas syringae* pv. *syringae*, bajo escenario de déficit hídrico.**

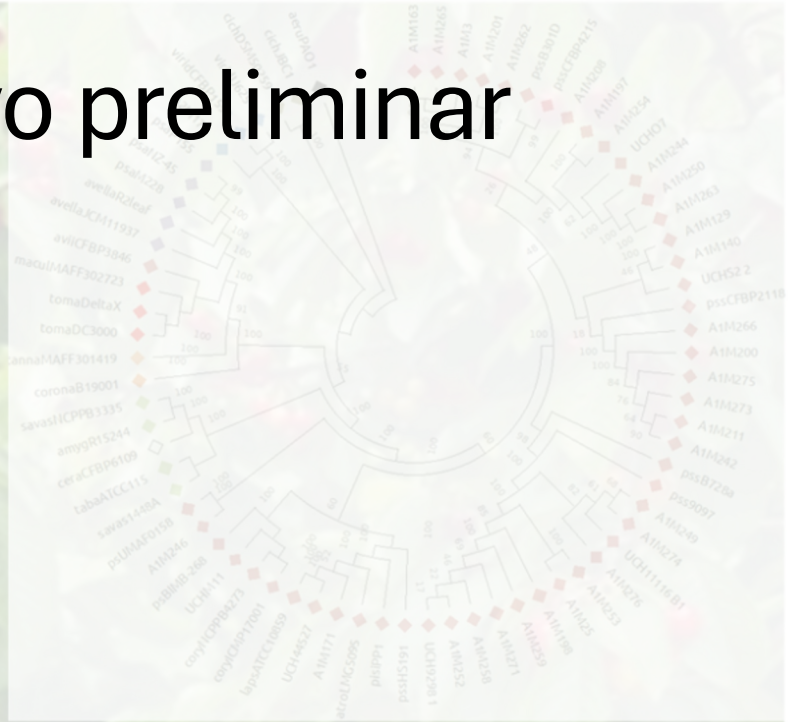
Selección del material vegetal

- Plantas de vivero de la misma edad, asintomáticas, de buen vigor.

- Centro de Estudios Avanzados en Fruticultura (CEAF), Rengo

Selección de la cepa bacteriana: Ensayo preliminar

Primera aproximación transcriptómica



Selección de la cepa bacteriana: Ensayo preliminar

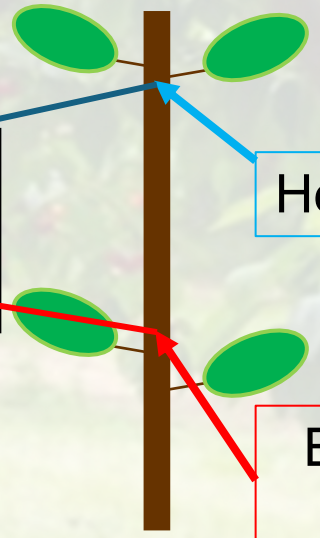
Cepas bacterianas

Testigo | 11116_b1 | A1M197 | A1M3

Cerezo Lapins

Herida (Floema)

40 dpi



Herida; inoculación con Pss (local)

Extracción RNA

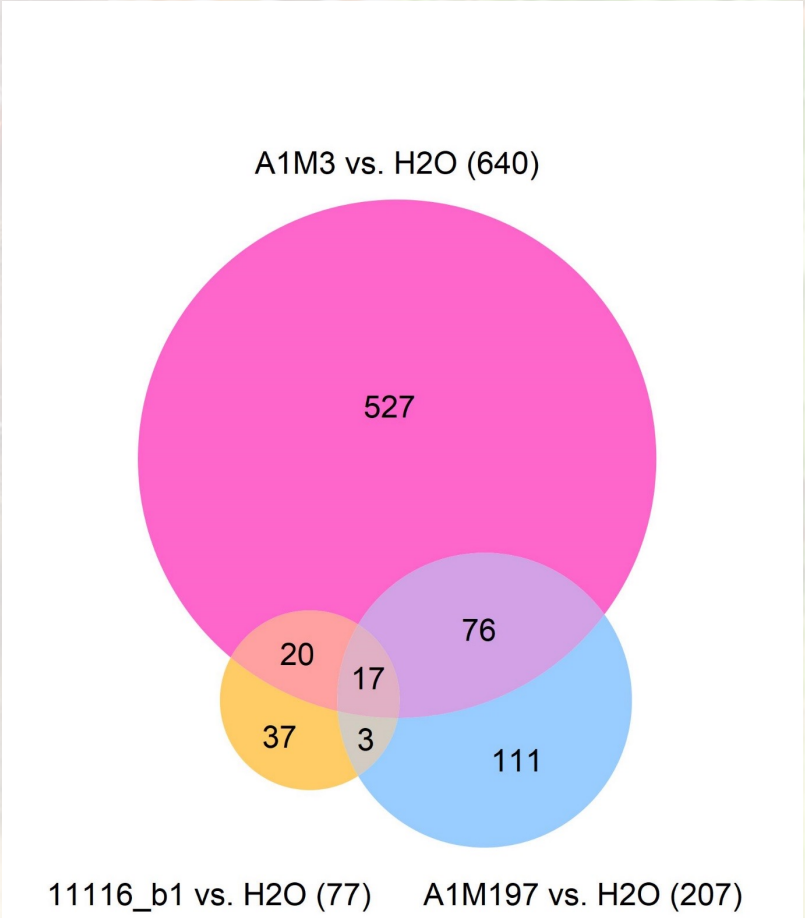
Extracción de tejido floemático lejano a herida (distal)

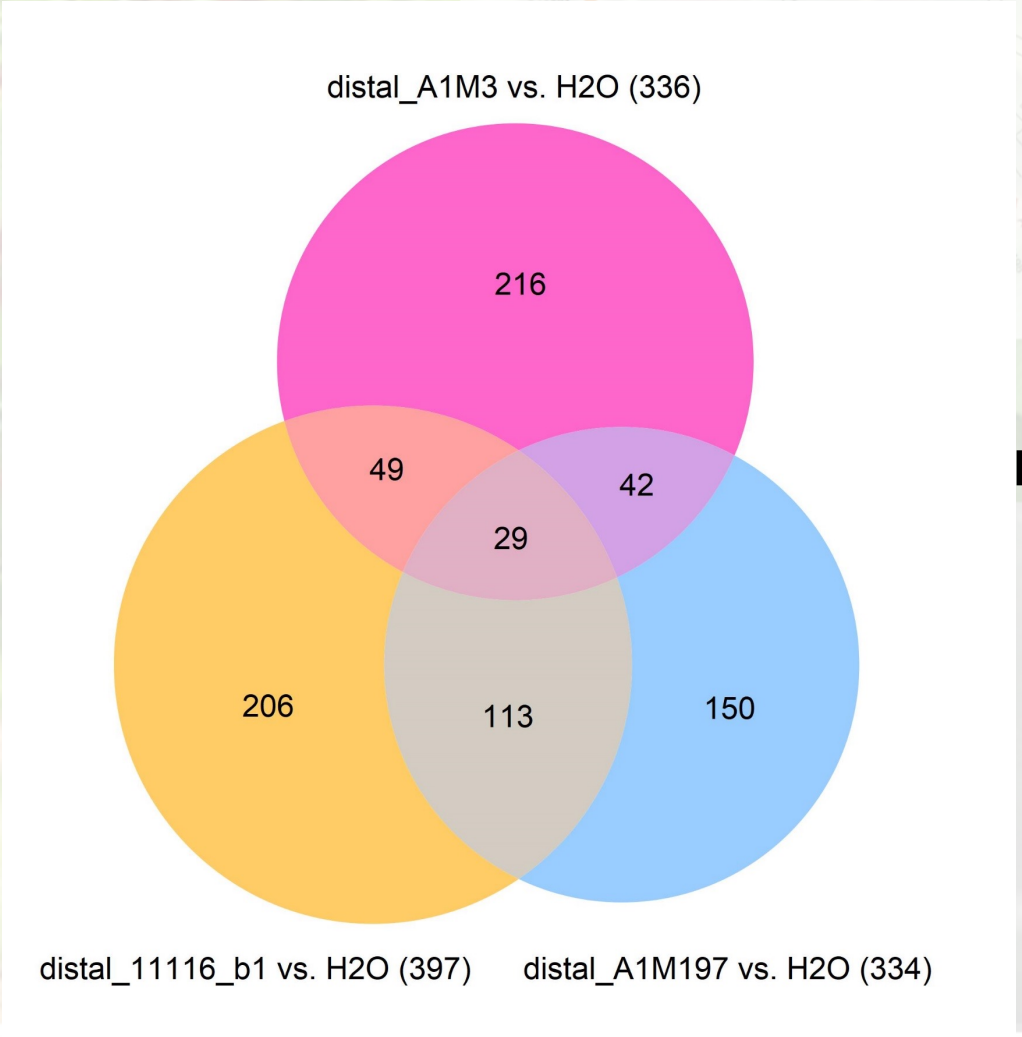
psomagen

Tres bacterias candidatas, dos escenarios de expresión génica

- Software: CLC, “Differential Expression for RNA-Seq”
- Grupo control : Tratamiento con H_2O

Local





Distal

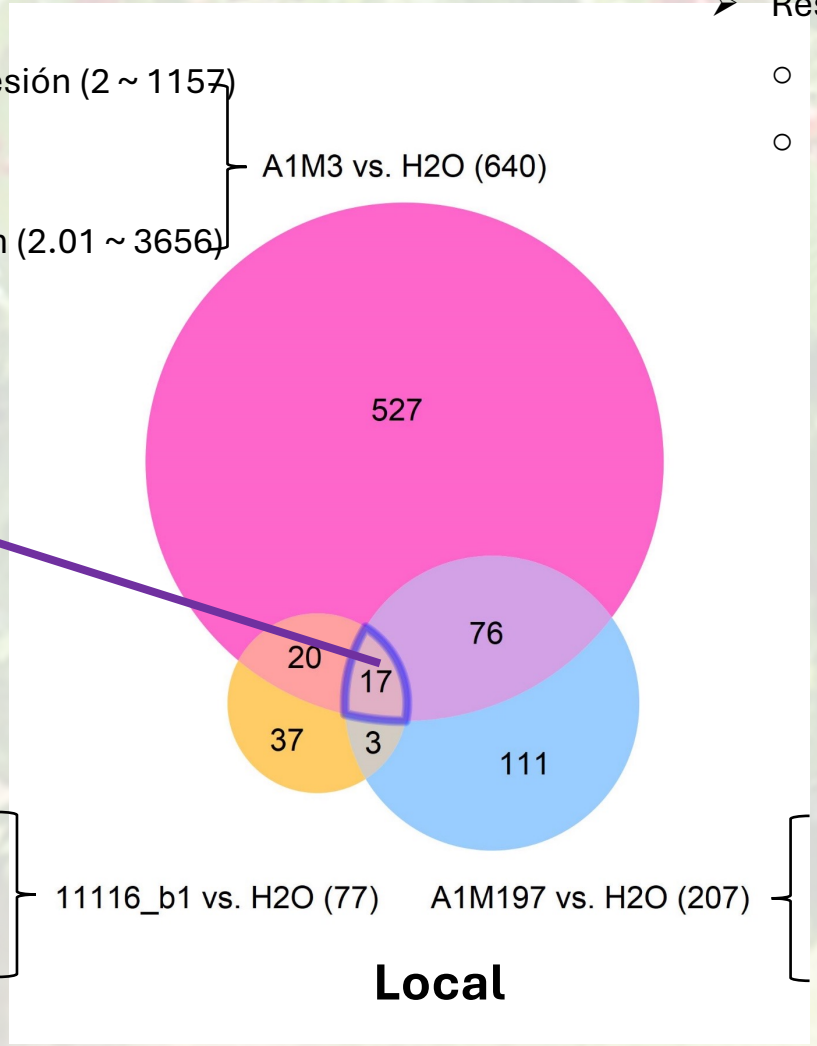
Patrones de expresión génica comparados

285 redujeron expresión (2 ~ 1157)

A1M3 vs. H2O (640)

355 aumentaron expresión (2.01 ~ 3656)

- Reducen expresion en los 3 tratamientos



41 redujeron expresión (3 ~ 886)

11116_b1 vs. H2O (77)

36 aumentaron expresión (3 ~ 1756)

A1M197 vs. H2O (207)

115 redujeron expresión (2.5 ~ 1450)

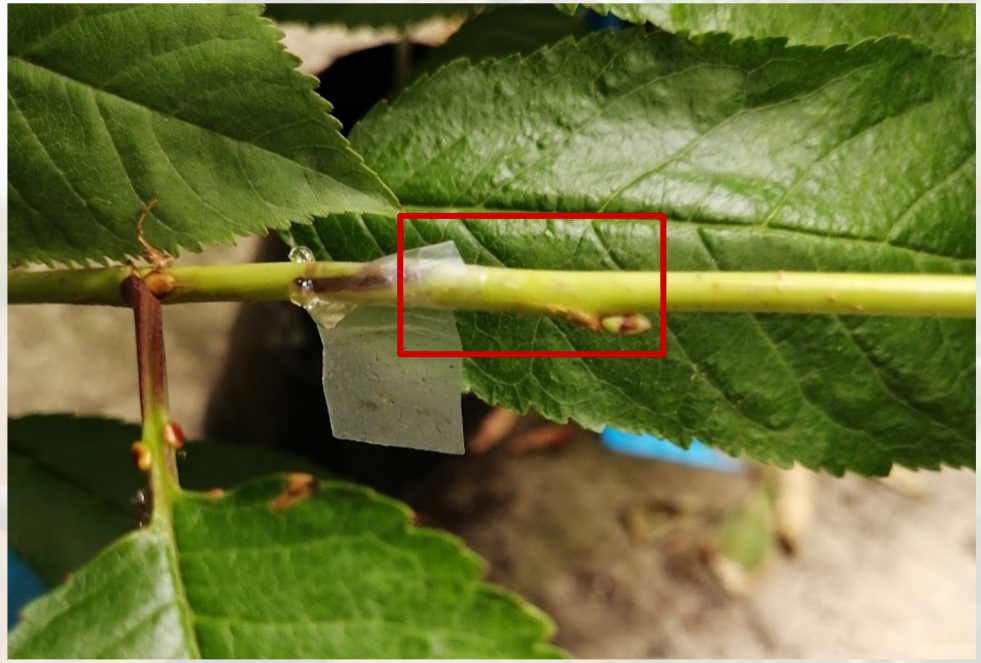
92 aumentaron expresión (2.15 ~ 4162)

Local

- Respuesta Local :
  - Genes reprimidos ≈ genes inducidos
  - A1M3 induce una respuesta mucho más intense que 11116_b1 y que A1M197

Se decide utilizar 11116b1

Transcriptoma

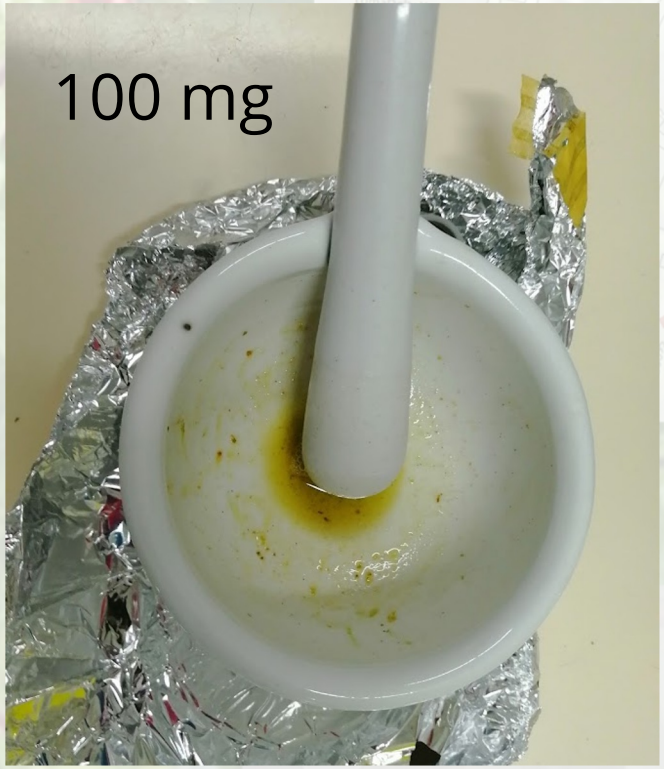


R1

R2

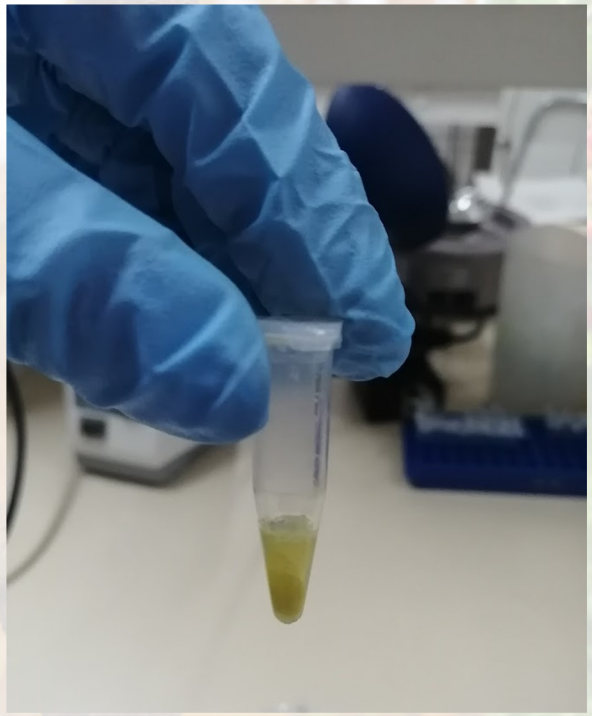
R3

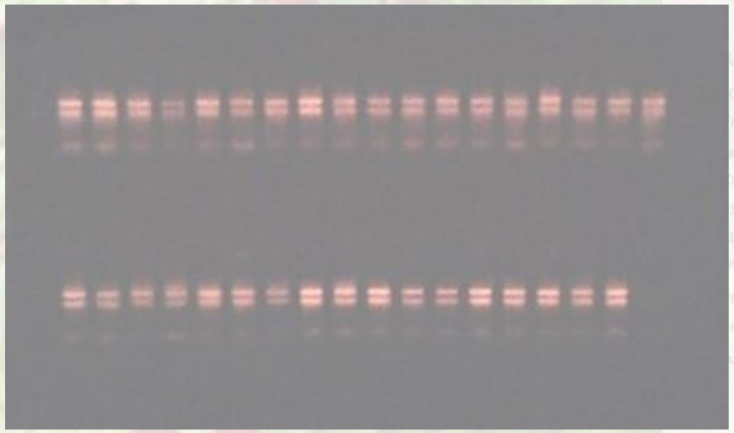
RNA Spectrum Plant Total

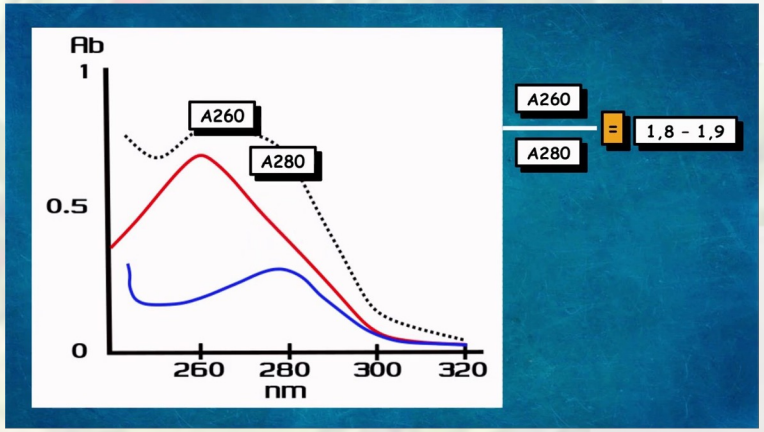


Plantas de 1 año Santina y Bing	Inoculación	**Muestreo 1**	**Síntomas Muestreo 2**	Sombreadero y trasplante	Traslado a campo	Seguimiento infección	Inicio riego deficita	**Muestreo 3**
13-oct-22	23-nov-22	**24-nov-22**	**30-nov-22**	06-dic-22 27-dic-22	04-ene-23	11-ene-23	15-feb-23	**15-mar-23**

Transcriptoma



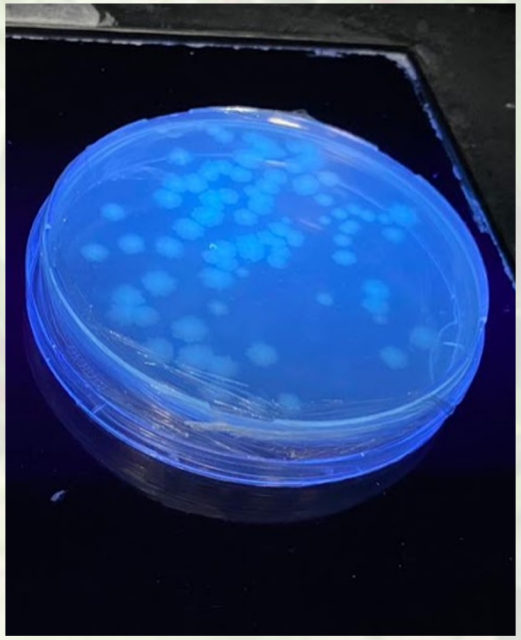




RNA Spectrum Plant Total Kit

- 13-oct-22 — Plantas de 1 año Santina y Bing
- 23-nov-22 — Inoculación
- **24-nov-22** — **Muestreo 1**
- **30-nov-22** — **Síntomas Muestreo 2**
- 06-dic-22, 27-dic-22 — Sombreadero y trasplante
- 04-ene-23 — Traslado a campo
- 11-ene-23 — Seguimiento infección
- 15-feb-23 — Inicio riego deficita
- **15-mar-23** — **Muestreo 4**

Seguimiento de la infección



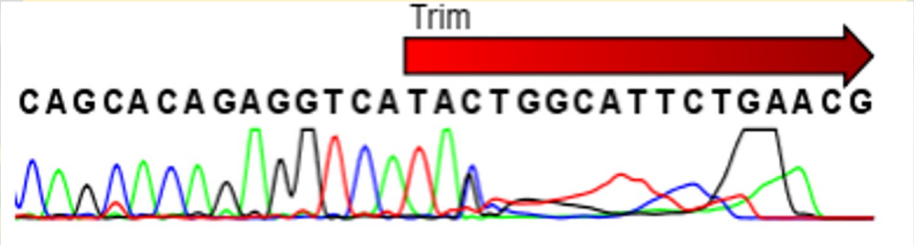
Análisis bioinformáticos

illumina

QIAGEN CLC Genomics Workbench versión 23.1

Filtrado (Trimming)

Eliminar secuencias de baja calidad



Librería TruSeq Stranded

Total RNA + Ribo-Zero

Análisis bioinformáticos

Ensamble por referencia

Transcriptoma *Prunus avium*

PAV_r1.0

GCF_002207925.1

Size (Mb)	GC%	Protein	tRNA	Gene
272.36	38.8	35,009	419	30,405

var. Satonishiki

Parámetros:

80% de cobertura total de la lectura.

95% de identidad entre cada lectura.

Ensamble *de novo*

Mapeo referencia

Genoma Pss11116B1

GCA_029383325.1 y de 10 virus presentes en Chile

Detección Pss y virus

Análisis bioinformáticos

Variedad vs Testigo

R1

R2

R3

DEG

Entre Variedades

GEN	Arabidopsis locus description
ACT	Actin 2/7
CYP2	Cyclophilin (CYP2)
TEF2	Translation enlongation factor 2
GAPDH	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase
PLA2	Phospholipase A2 beta
RP II	RNA polymerase subunit
RPL13	60S ribosomal protein L13 (RPL13D)
TUA	Tubulin alpha-5
TUB	Tubulin beta-1
UBQ10	Ubiquitin 10

Se analizó la expresión relativa frente a genes housekeeping (Tong *et al.*, 2009).

En resumen: ensayo de interacción planta bacteria

Plantas de 1 año
Santina y Bing/Gisela12

13-oct-22

Inoculación

23-nov-22

Muestreo 1
Transcriptoma

24-nov-22

Síntomas
Muestreo 2

30-nov-22

Sombreadero y trasplante

06-dic-22
27-dic-22

Traslado a campo

04-ene-23

Seguimiento
infección

11-ene-23

Muestreo 3
Transcriptoma

marzo-2023

Ensayo de interacción planta-bacteria-estrés hídrico

Inicio riego deficitario

15-feb-23

Medición filocrono

(17-21-22-24-27-feb-

Análisis fisiológicos (Intercambio de gases)

(10-marzo-23

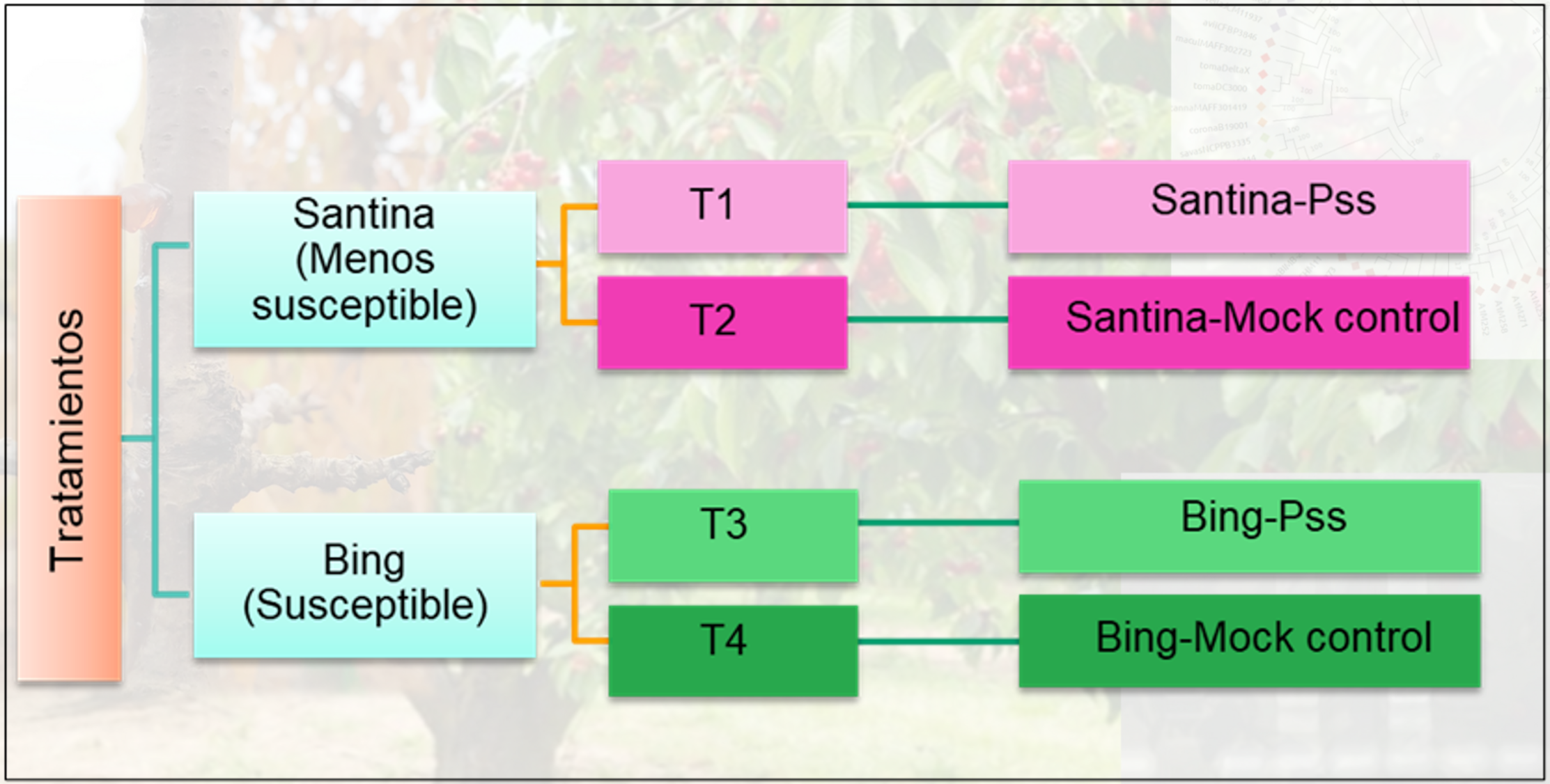
Muestreo

Transcriptoma

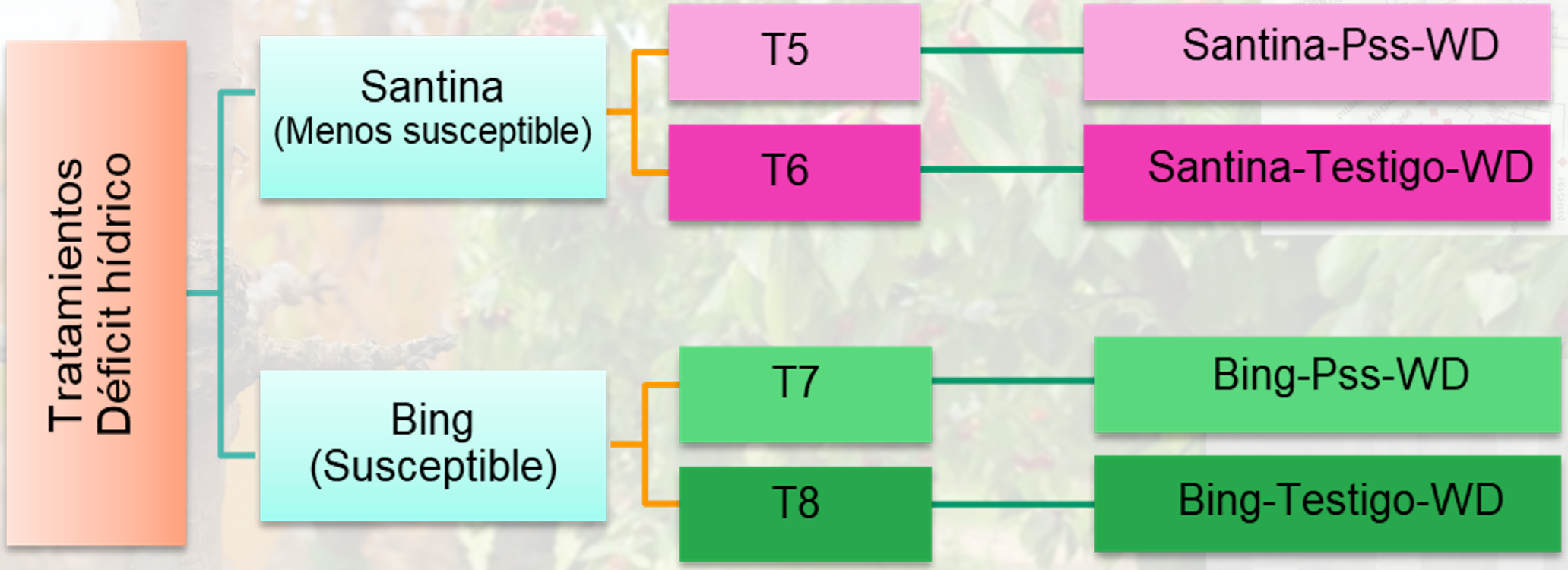
Hormonas

Biomasa

15-marz-23

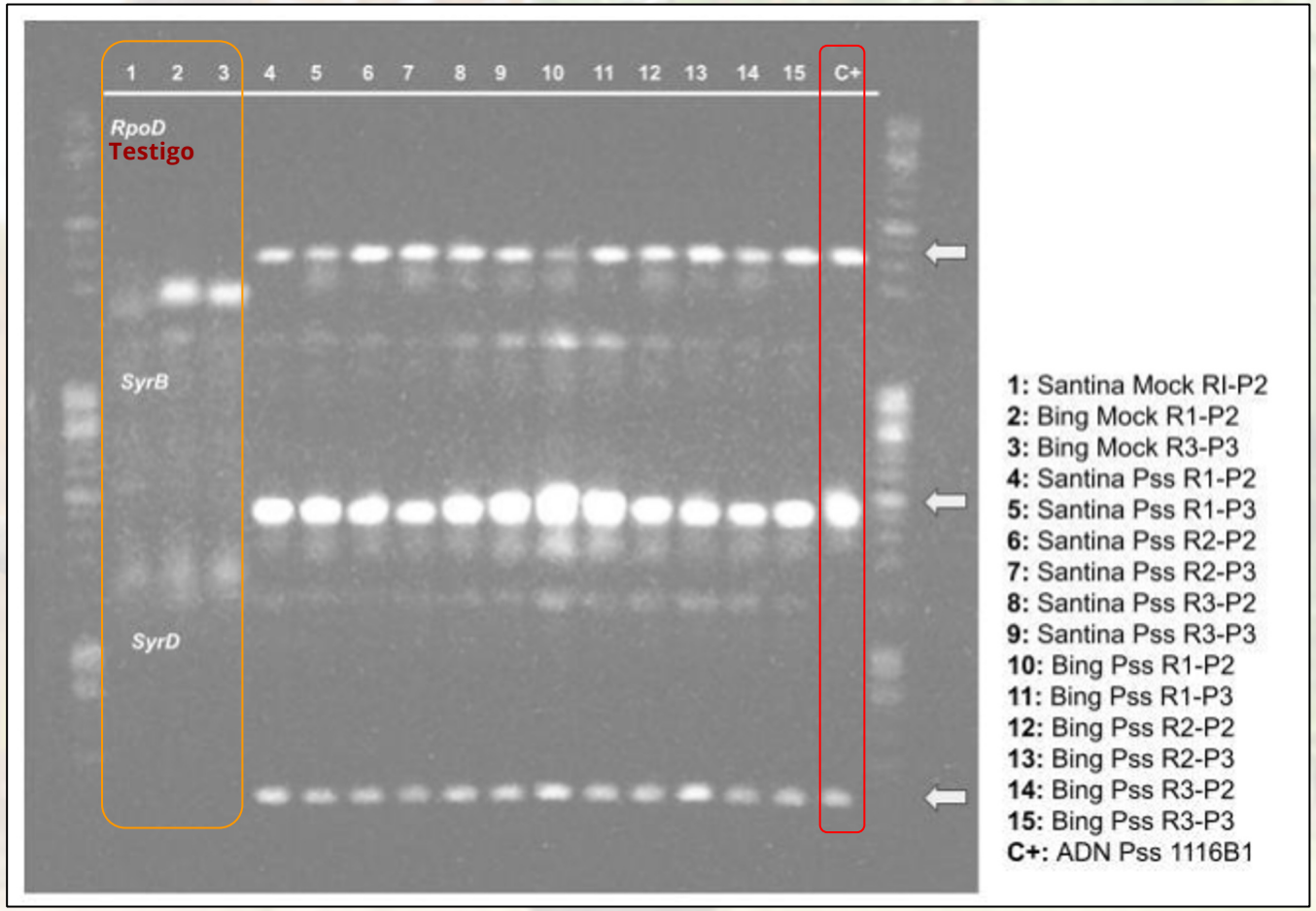

Tratamientos
Santina (Menos susceptible)
Bing (Susceptible)
T1
T2
T3
T4
Santina-Pss
Santina-Mock control
Bing-Pss
Bing-Mock control

Tratamientos



Resultados

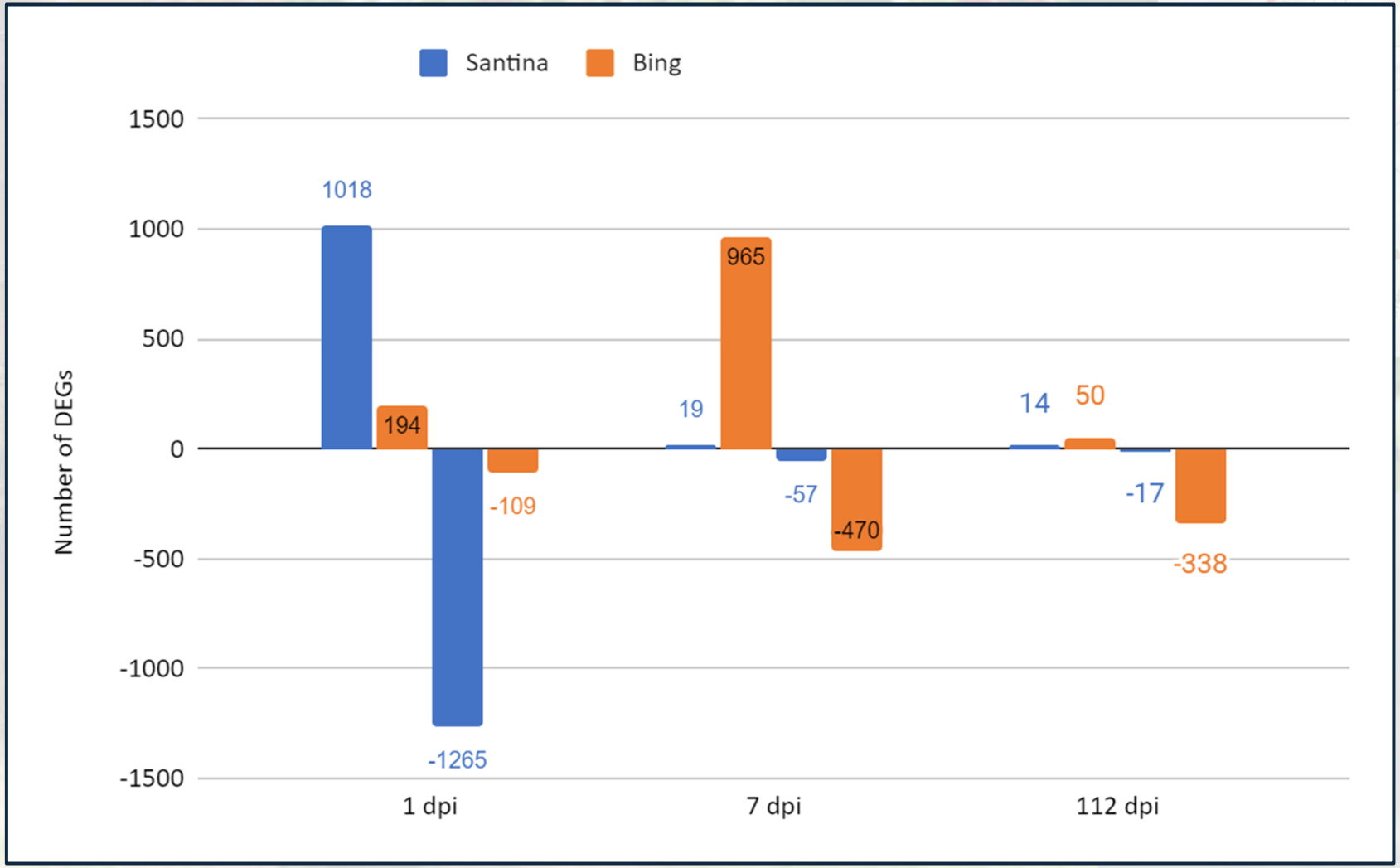
Seguimiento de la infección



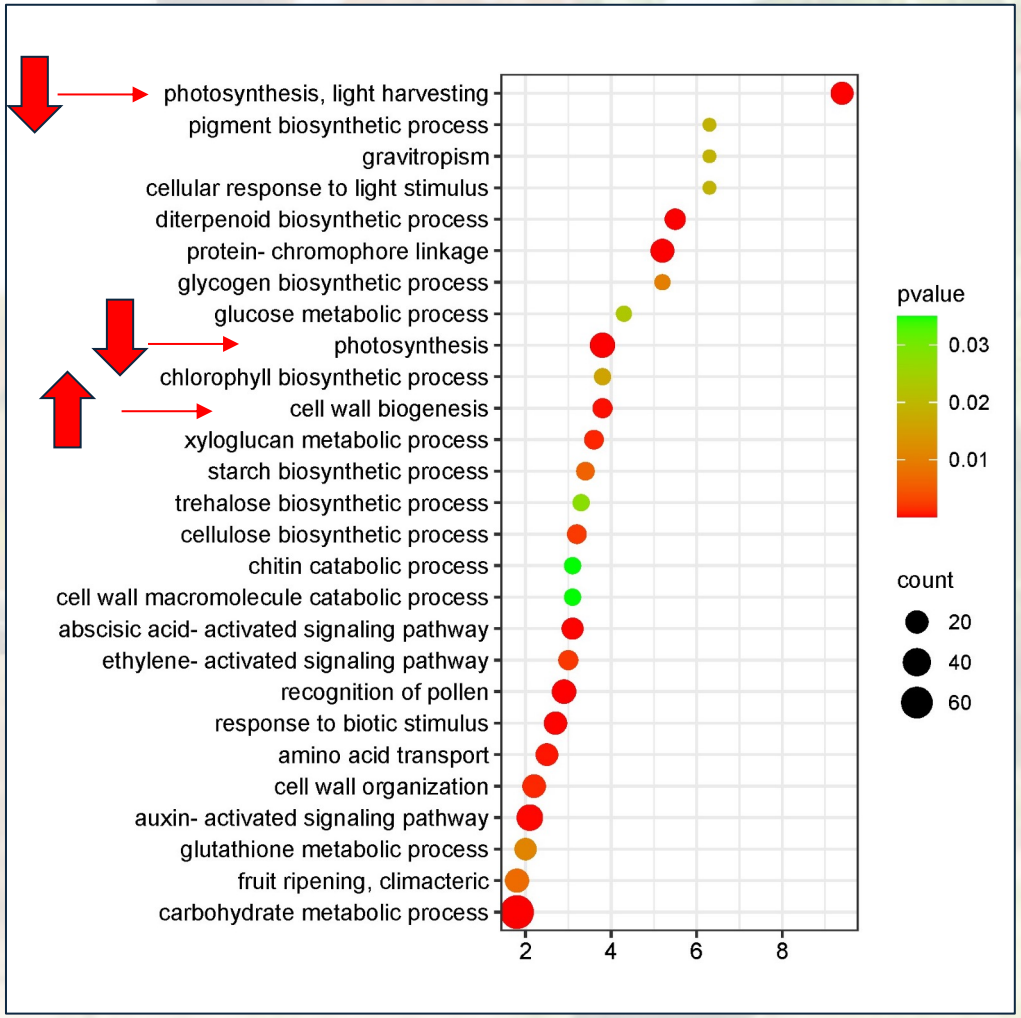
Detección Pss a 49 dpi con partidores específicos de los genes *syrB* y *syrD*.

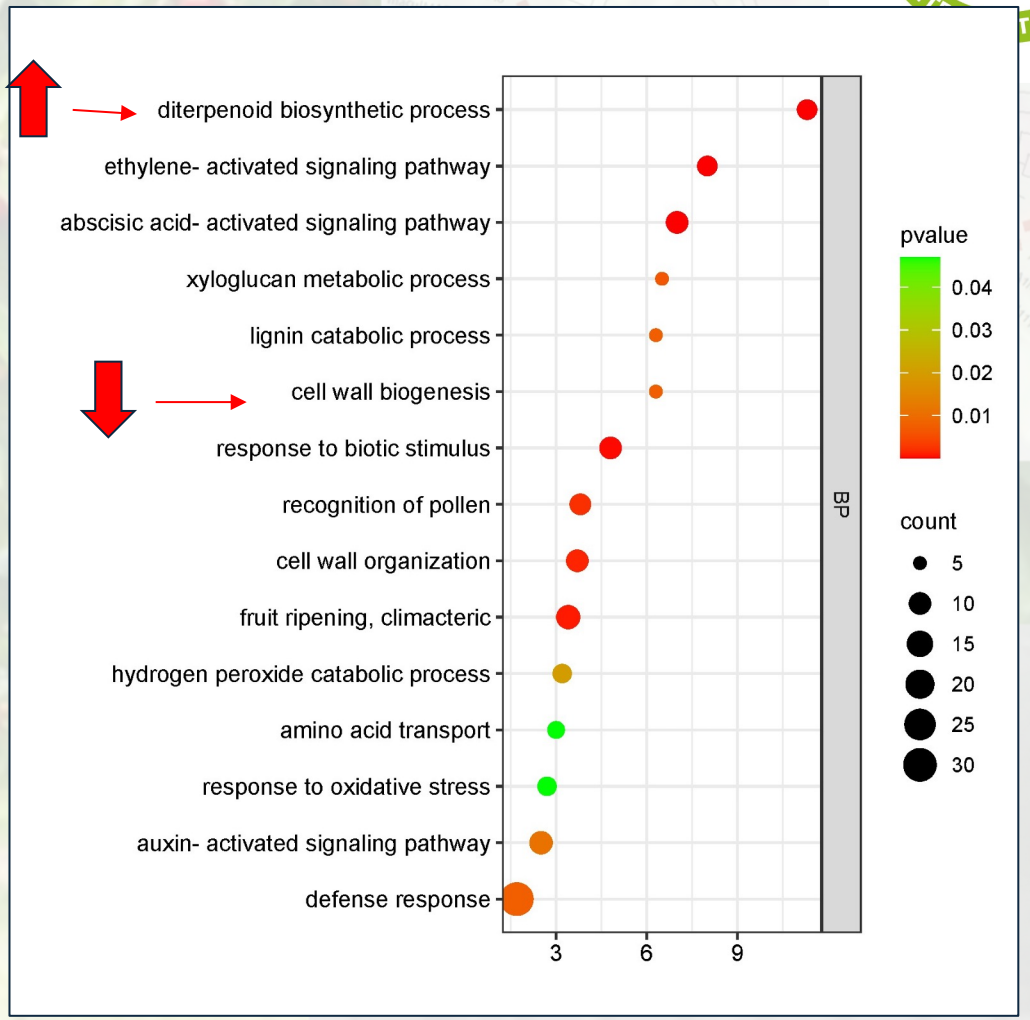
R: Repetición; P2: zona sobre el punto de inoculación y P3 zona bajo el punto de inoculación.

DEG: Pss vs Testigo



DEG Pss vs Testigo 1dpi

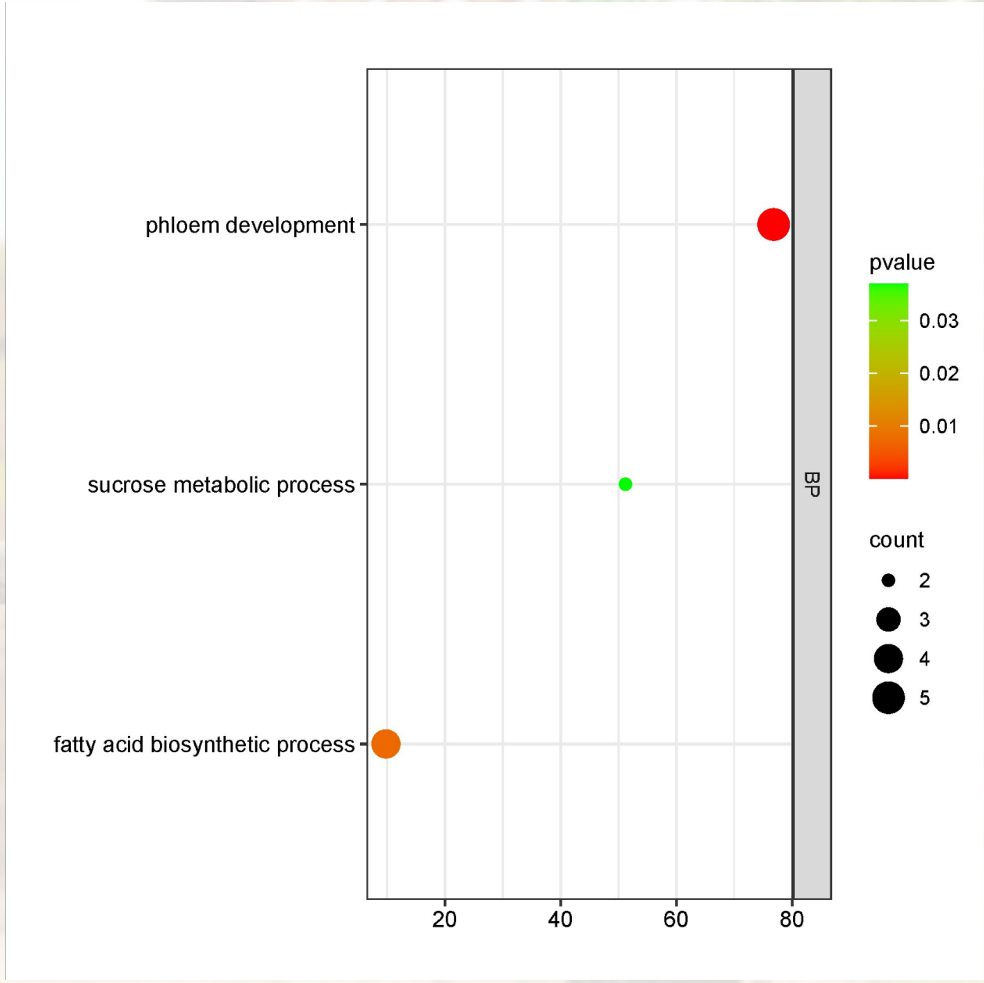




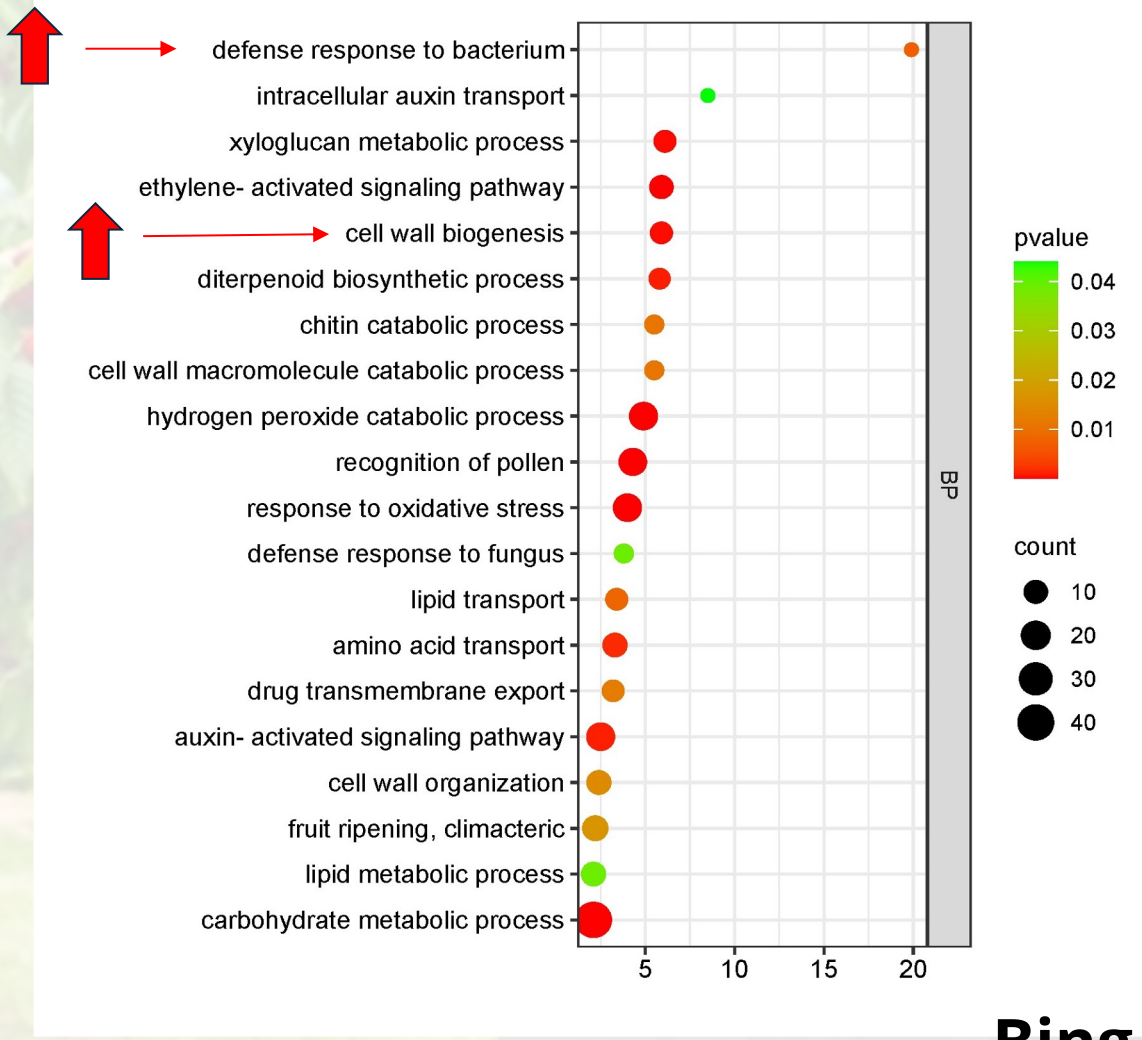
Santina

Bing

DEG Pss vs Testigo 7 dpi

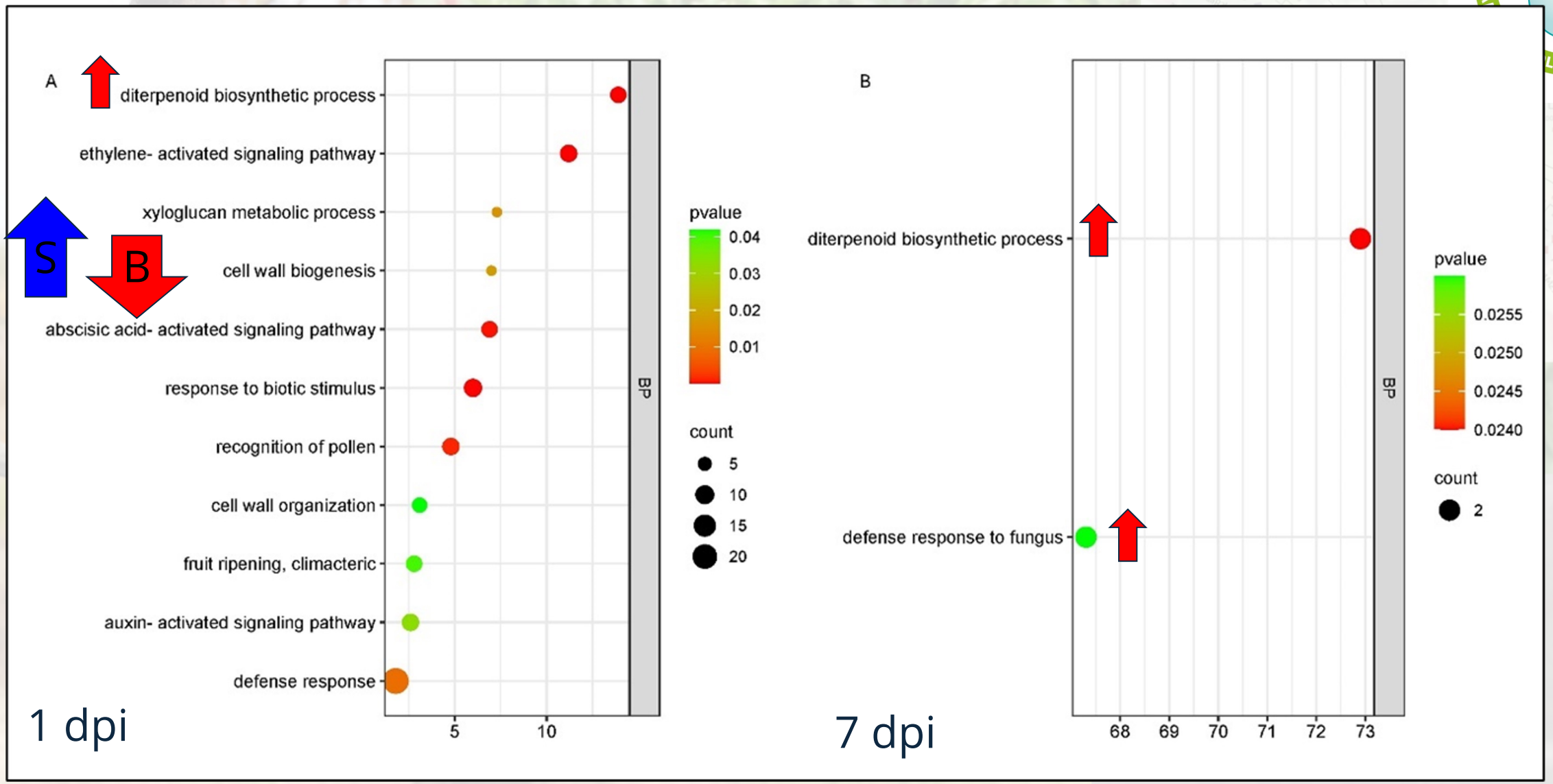


Santina

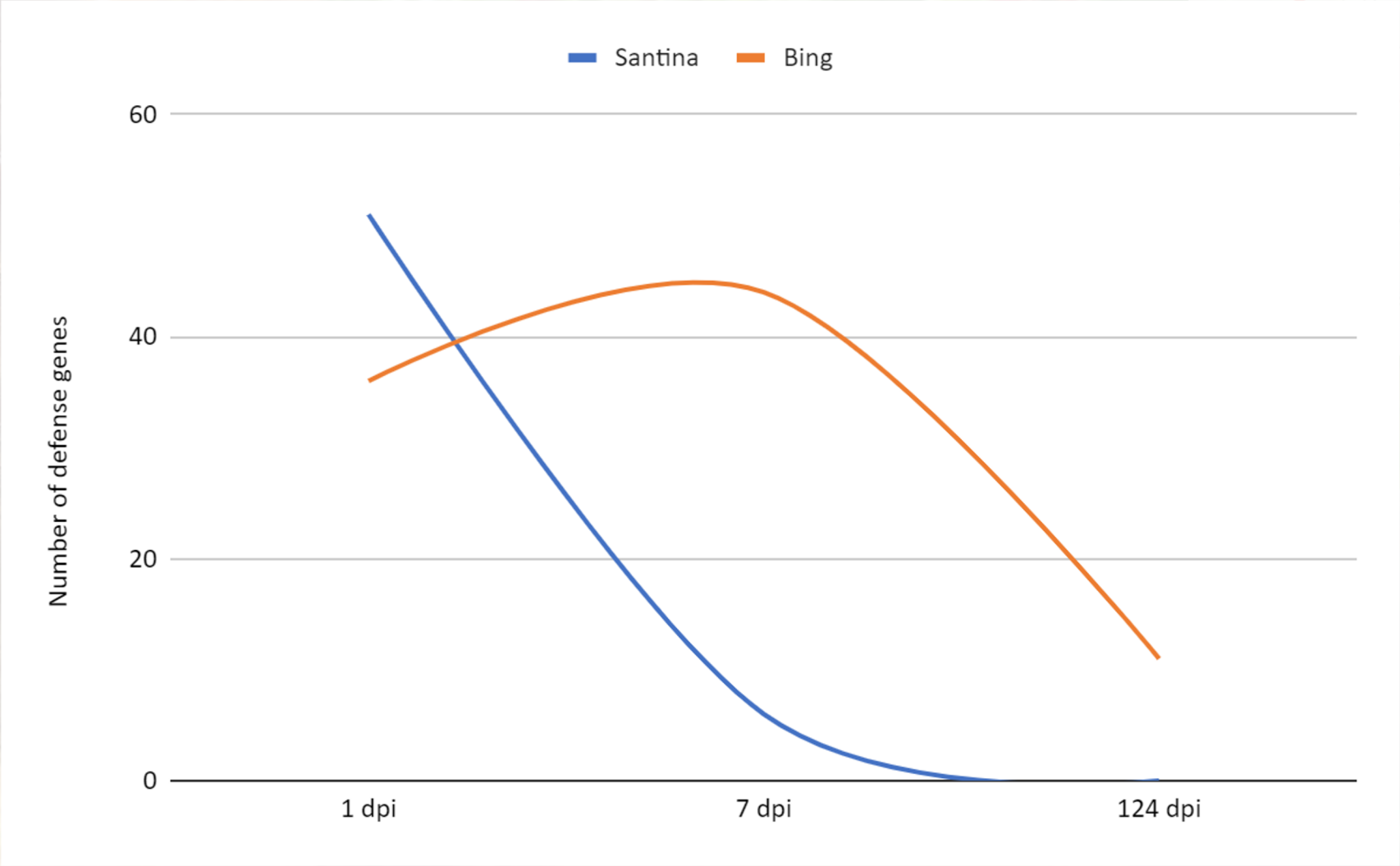


Bing

DEGs compartidos



Genes de respuesta



Conclusiones de este trabajo

La respuesta de defensa de Santina frente a la infección de Pss es más rápida e involucra un mayor número de genes en comparación con Bing

La variedad Santina activa la ruta del ácido salicílico más tempranamente que Bing

La respuesta de defensa a largo plazo se encuentra apagada (¿porqué?)

Resumiendo

- El estudio genómico permite mejorar la detección
  - La detección oportuna disminuye el daño
- Dato extra: La caracterización molecular permite mejorar el control (¿?)
- El conocimiento de los mecanismos de patogenicidad nos ayudará a proponer nuevas soluciones

- El conjunto de estas estrategias nos ayuda a estar mejor preparados para enfrentar nuevos escenarios fitosanitarios

FACULTAD DE CIENCIAS AGRONÓMICAS
UNIVERSIDAD DE CHILE

CENTRO FRUTICULTURA SUR

Estudios genómicos de las bacterias del cerezo: Desde el diagnóstico a la interacción planta-patógeno

Alan Zamorano C.

agezac@uchile.cl