



ENCUENTRO IAS-EMPRESAS:
INTEGRANDO CIENCIA Y
TECNOLOGÍA EN EL
SECTOR AGRÍCOLA
CORDOBA 1 OCTUBRE 2025

LIBRO DE RESÚMENES Y NOTAS

ORGANIZADO POR EL:
INSTITUTO DE AGRICULTURA SOSTENIBLE-CSIC
QUALIFICA PROJECT



**ENCUENTRO IAS-EMPRESAS: INTEGRANDO
CIENCIA Y TECNOLOGÍA EN EL
SECTOR AGRÍCOLA**

**LIBRO DE RESÚMENES
Y
NOTAS**

Organizado por QUALIFICA PROJECT
QUAL21_023 IAS
Junta de Andalucía



PRESENTACIÓN

El encuentro IAS-Empresas: Integrando Ciencia y Tecnología, tiene como objetivo principal fomentar el diálogo y la colaboración entre investigadores, empresas y asociaciones del sector agroalimentario. Esta jornada busca promover la transferencia de conocimiento, la innovación y el desarrollo tecnológico, pilares fundamentales para afrontar los retos actuales y futuros del sector. Durante el evento se presentarán trabajos recientes en forma de comunicaciones orales y pósteres, que reflejan el dinamismo y la diversidad de iniciativas en marcha. Se mostrarán casos de éxito relevantes, desarrollos tecnológicos innovadores y proyectos de investigación aplicada que pueden servir de referencia para otros agentes del ecosistema agroalimentario. El programa incluye además dos mesas redondas temáticas que abordan cuestiones clave para el futuro del sector:

- Gestión del agua en agricultura, donde se debatirán estrategias y soluciones para un uso más eficiente y sostenible de este recurso esencial.
- Agrodigitalización y transformación tecnológica, centrada en el papel de las nuevas tecnologías en la modernización del campo y la mejora de la competitividad.

Este encuentro se enmarca en el proyecto europeo Qualifica, una iniciativa estratégica liderada por el Instituto de Agricultura Sostenible (IAS-CSIC), cuyo objetivo es el desarrollo de herramientas, tecnologías y modelos de cultivo innovadores en un contexto de incertidumbre climática.

Estamos encantados de contar con vuestra participación, que sin duda contribuirá a enriquecer el contenido de la jornada y a fortalecer las sinergias entre el ámbito científico y empresarial. Esperamos que este encuentro sirva como catalizador de nuevas oportunidades de colaboración público-privada en el ámbito de la I+D agroalimentaria.

El comité organizador



ORGANIZACIÓN

El Comité Científico y Organizador del Encuentro IAS-Empresas: Integrando Ciencia y Tecnología en el Sector Agrícola está compuesto por:

- Leire Molinero Ruiz
- Elena Prats Pérez
- Rocío Pérez Maseres
- Victoria González Dugo
- Raul de la Rosa Navarro
- Montserrat Jurado expósito

Este evento se celebra en el marco del proyecto Qualifica, financiado por la Junta de Andalucía, una iniciativa estratégica que tiene como objetivo impulsar la sostenibilidad y la resiliencia del sector agrícola frente a los desafíos del cambio climático.

Qualifica representa un esfuerzo colaborativo entre ciencia y tecnología para ofrecer soluciones concretas a los retos actuales y futuros de la agricultura, promoviendo una producción más eficiente, sostenible y alineada con las necesidades del territorio.

9:00-9:30 h

APERTURA DE LA JORNADA

- **Diego Copé** - Delegado territorial de Desarrollo Educativo y FP y de Universidad, Investigación e Innovación en Córdoba.
- **Andrés Lorite** - Vicepresidente primero de la Diputación de Córdoba.
- **Margarita Paneque** - Delegada institucional del CSIC en Andalucía.

9:30-11:00 h

BLOQUE I PONENCIAS

- **FNM: Innovación varietal en fresa y frambuesa** Fernando Pistón - Fresas Nuevos Materiales.
- **Tecnologías de teledetección y redes de sensores: innovación para el riego eficiente y la selección de variedades resistentes**, Rafael Orozco- IAS-CSIC
- **Centro Agropecuario Provincial. Diputación de Córdoba. Líneas principales de actuación.** Antonio Jiménez Luque - Centro Agropecuario Provincial. Diputación de Córdoba.
- **Mejora de especies cultivadas del género *Vicia* en el IAS** Ángel Villegas - IAS-CSIC
- **Biodiversidad autóctona para un futuro sostenible. Soluciones innovadoras para restauración ecológica, paisajística y agrícola.** José Ángel Cantueso - Cantueso

11:00-11:45 h

CATA DE ACEITE

- **José Antonio Torres** - Licenciado en Química y Catador de AOEV.

<p>11:45-13:15 h</p>	<p>BLOQUE II DE PONENCIAS</p> <ul style="list-style-type: none"> • Innovación para una agricultura sostenible, Federico González - Syngenta. • Comprometidos con la emergencia climática. Javier Alejandro - UPA. • Colaboraciones con empresas y otras entidades en conservación de suelo y agua desde el Laboratorio de Erosión de Suelos del IAS. José Alfonso Gómez Calero - IAS-CSIC. • Agrovegetal, mejora de cereales y leguminosas para ambientes mediterráneos Ignacio Solís - Agrovegetal. • Programas de mejora de leguminosas y otras especies el IAS-CSIC: Historia y colaboración con empresas. Diego Rubiales - IAS-CSIC. • Colaboraciones (más formales o menos) con empresas en el ámbito de la Fitopatología. Leire Molinero - IAS-CSIC.
<p>13:15-15:00 h</p>	<p>ALMUERZO</p>
<p>15:00-16:00 h</p>	<p>MESA REDONDA: GESTIÓN DEL AGUA EN AGRICULTURA</p> <ul style="list-style-type: none"> • José Antonio Pérez (Asaja-Córdoba), Pedro Parias (Feragua), David Moldero (De Prado). <p>Moderador: David Lozano (AgroAir Technology).</p>
<p>16:00-17:00 h</p>	<p>MESA REDONDA: AGRODIGITALIZACIÓN Y TRANSFORMACIÓN TECNOLÓGICA</p> <ul style="list-style-type: none"> • Juan José Herrero Carmona (Finca La Reina); Francés Ferrer (LabFerrer); Ana Cabezas (Agrotech DIH)- <p>Moderador: Nathalie Chavrier (CTA).</p>



RESÚMENES

Mejora de especies cultivadas del género *Vicia* en el IAS

A. Villegas-Fernández¹, E. Barilli¹ y D. Rubiales¹

¹Instituto de Agricultura Sostenible, CSIC, 14080, Córdoba, España

El género *Vicia* destaca por incluir varias especies de leguminosas de interés agronómico. *Vicia faba* L. (habas) es cultivada ampliamente por el mundo tanto para alimentación animal como consumo humano. *Vicia sativa* L. (vezas) es también una especie de cultivo extendido por muchos países, principalmente para alimentación animal. *V. ervilla* L. (yeros) tiene un cultivo más restringido a nivel mundial, igualmente para alimentación animal. En España estas especies se encuentran entre las leguminosas más cultivadas. Existen también en nuestro país otras dos especies del género *Vicia* de cultivo minoritario, pero de gran interés por su rusticidad y potencial: alberjones (*V. narbonensis* L.) y algarrobas (*V. articulata* Hornem.).

El programa de mejora de habas del IAS se ha centrado en la obtención de variedades para pienso de alto rendimiento con resistencia a diferentes estreses bióticos. A fecha de hoy se han registrado seis variedades (tres en colaboración con IFAPA), estando varias en proceso de comercialización. Se sigue trabajando en nuevas variedades, también para consumo humano.

En el caso de las vezas, el enfoque se ha puesto en la obtención de variedades para doble uso con resistencia a diferentes estreses bióticos, como la roya y el jopo. Actualmente se dispone de varias líneas avanzadas para registro varietal.

Por último, se están evaluando colecciones de yeros, alberjones y algarrobas. De algarrobas hay ya dos variedades registradas, con una licenciada a una empresa. De alberjones se dispone de un conjunto de líneas avanzadas del que se espera obtener variedades de interés a corto plazo.

Este trabajo ha sido financiado por los proyectos H2020-RADIANT y Horizon Europe BELIS financiados por la Unión Europea, el proyecto PRIMA-DIVICIA, los proyectos de la Agencia Estatal de Investigación RELEG y CPP2022-009742 [MICIU/AEI/10.13039/501100011033] y Proyecto Qualifica [QUAL21_023 IAS].

Keywords: *Vicia* spp., habas, vezas, alberjones, mejora genética

Programas de mejora de leguminosas y otras especies el IAS-CSIC: Historia y colaboración con empresas.

*D. Rubiales, M.J. Cobos, M.A. Jiménez-Vaquero, C. López-Orozco, G. Escudero, S. Rodríguez-Mena,
C. Ruiz, Z.O. Wohor, N. Romero-Armario, M. González, A. M. Villegas, E. Barilli*

Instituto de Agricultura Sostenible (IAS-CSIC), Córdoba, España

En el grupo RESISTLAB del IAS-CSIC aparte de la consabida actividad científica, intentamos desarrollar programas aplicados de transferencia con empresas y la sociedad, bien sea con programas conjuntos o contratos de prestación de servicio. Nuestro deseo sería cubrir sólo las fases iniciales de la mejora, pero en la mayoría de los casos se trata de especies poco cubiertas por empresas por su escasa rentabilidad. Debido a ello, intentamos suplir esta carencia llegando hasta las fases finales de desarrollo y registro de variedades con la voluntad final que lleguen al mercado de mano de empresas, todo ello, atendiendo a la forma de protección y/o licencia que marquen los acuerdos previos, siempre redactados por VICYT.

Son muchos los cultivos que abordamos, por lo que no podemos entrar aquí en detalle de los materiales y métodos, que han resultado en una gran producción científica y gran número de tesis doctorales dirigidas. En lugar de eso, nos centraremos en enumerar y comentar de forma somera los resultados más destacados en término de variedades obtenidas y convenios/contratos, cultivo a cultivo (almortas, titarros, lentejas, guisantes, soja, caupí, habas, vezas, garbanzos, anís, sésamo) con una visión crítica de los éxitos, frustraciones y/o fracasos y perspectivas de futuro.

Este trabajo fue financiado por los proyectos AEI RED2022-134237-T, PID2023-146215OB-I00 y CPP2022-009742, los proyectos H2020 RADIANT y PRIMA-NUSTALGIC, los proyectos Horizonte Europa BELIS, COUSIN, IPMORAMA y PROSPER, y el proyecto de la Junta de Andalucía QUAL21_023 IAS

Caracterización de una colección de anís para valor agronómico y contenido en aceites esenciales

Eleonora Barilli¹, Pierluigi Reveglia², Diego Rubiales¹

¹ Instituto de Agricultura Sostenible, CSIC, Córdoba, 14004, España

² Università degli Studi di Foggia, 71122, Foggia, Italia

El anís (*Pimpinella anisum* L.) es un cultivo anual cuyas semillas (anís en grano) son muy apreciadas por sus múltiples usos culinarios. Los aceites esenciales extraídos de estas semillas se emplean en las industrias alimentaria, medicinal, cosmética, farmacéutica, licorera y perfumera. Aunque la demanda de productos de anís ha aumentado en las últimas décadas, existen pocas variedades registradas de nivel europeo. La producción se basa principalmente en poblaciones locales de origen incierto, intercambiadas entre agricultores de distintas regiones, que a menudo presentan una calidad heterogénea. Por ello, es necesario reforzar los programas de mejora genética, centrándose en la selección de cultivares adaptados a las condiciones locales, así como en la calidad de la semilla y en el contenido y la composición de los aceites esenciales.

El objetivo de este estudio fue evaluar el rendimiento en semilla, el contenido total de aceites esenciales y su composición en un conjunto de 50 genotipos de anís de diferente origen geográfico. Los resultados mostraron una amplia variabilidad tanto en los caracteres agronómicos como en los de calidad, lo que permitió identificar germoplasma superior y nos abre la puerta al desarrollo de cultivares mejorados. Los genotipos PA21, PA47, PA75 y PA87 se destacaron por su mayor rendimiento en semilla ($>3.000 \text{ kg ha}^{-1}$). El contenido de aceites esenciales (AE%) varió entre 0,8 y 5,7% según el genotipo, sobresaliendo 12 entradas con valores elevados ($> 5\%$), en particular PA1, PA54 y PA55 (AE $> 5.7\%$). Dado que el contenido de AE% constituye el producto de mayor valor comercial, se calculó el "rendimiento de AE" en kg ha^{-1} , resaltando el potencial económico de los genotipos PA1, PA21, PA26 y PA47, todos ellos con más de 150 kg ha^{-1} de AE.

Estos hallazgos proporcionan una base sólida para el programa de mejora del anís desarrollado en el IAS-CSIC, orientado a incrementar tanto el rendimiento como la calidad de este cultivo.

Este trabajo ha sido financiado por el Proyecto Qualifica, subvención [QUAL21_023 IAS] concedida por la Junta de Andalucía y por la Unión Europea, Proyecto H2020-RADIANT N.º 101000622.

Keywords: *Pimpinella anisum*, anís, aceites esenciales, terpenos, GC-MS, GC-FID

Caracterización de germoplasma y uso de Selección Asistida por Marcadores y Selección Genómica en la mejora de la veza (*Vicia sativa*)

Ángela Molina¹, Eleonora Barilli¹, Cecile Ben², Diego Rubiales¹

¹Instituto de Agricultura Sostenible, Córdoba, España

²Universidad de Toulouse, Toulouse, Francia

La veza (*Vicia sativa*) es una leguminosa forrajera de alto interés agroecológico, tanto por su potencial como fuente de proteína vegetal para alimentación animal como por su capacidad de fijación biológica de nitrógeno. Sin embargo, su cultivo en regiones mediterráneas se ve limitado por diversos estreses abióticos, como la sequía y las altas temperaturas, y por factores bióticos, entre los que destacan la planta parásita *Orobanche crenata*, la roya – hongo biotrófo causado por *Uromyces viciae-fabae*, y el oomiceto *Aphanomyces euteiches*. Estas presiones reducen de manera significativa el rendimiento y la calidad del cultivo, ocasionando importantes pérdidas económicas.

El presente trabajo tiene como objetivo establecer un programa de mejora genética en *V. sativa* orientado a la obtención de nuevas variedades adaptadas a las condiciones ambientales locales, y con niveles de resistencia a estos patógenos. Para ello contamos con una colección de 284 entradas de diferente origen geográfico, previamente genotipadas (GBS), que estamos evaluando por resistencia a diversas enfermedades y valor agronómico tanto en campo como en condiciones controladas. La estrategia metodológica combina un fenotipado exhaustivo con herramientas genómicas, en particular estudios de asociación de genoma completo (GWAS). Esto nos permitirá de identificar marcadores moleculares y genes candidatos vinculados a los caracteres de interés para aplicar selección asistida por marcadores (MAS). También nos permitirá el diseño de ecuaciones predictivas para usar selección genómica (GS) en nuestras poblaciones segregantes. En conjunto, este trabajo pretende avanzar en el desarrollo de variedades de veza resilientes, contribuyendo a incrementar la biodiversidad y sostenibilidad de los sistemas agrícolas mediterráneos.

Este trabajo ha sido financiado por el Proyecto Qualifica, [QUAL21_023 IAS] de la Junta de Andalucía, y los proyectos PRIMA-DiVicia (PCI2020-111974) y Horizon Europe BELIS (GA101081878).

Keywords: veza, estreses bióticos, fenotipado, GWAS

Prevalencia de nematodos fitoparásitos en el cultivo del guisante y sus implicaciones en el diagnóstico y mejora genética

María Córdoba-Sánchez¹, Diego Rubiales¹, Pablo Castillo¹, Juan Emilio Palomares-Rius¹

¹Instituto de Agricultura Sostenible (IAS), Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), Córdoba, España

El guisante (*Pisum sativum*) es una leguminosa de grano, cultivada en climas templados y que tiene conocidos beneficios agrícolas y medioambientales. El guisante seco es la leguminosa más cultivada tanto en Europa como en España. Este cultivo puede verse afectado por diversas enfermedades, como los nematodos fitoparásitos. En este estudio se ha analizado tanto la prevalencia como la distribución de estos nematodos en suelo y raíz en 30 campos muestreados en sur de la Península Ibérica (Córdoba, Granada y Jaén). La identificación de los nematodos fitoparásitos se ha llevado a cabo por taxonomía integrativa, que se trata de una combinación de identificación morfológica y molecular. Se ha detectado una elevada prevalencia (80% de los campos muestreados), además de unos altos niveles de población tanto en suelo como en raíz, de nematodos lesionadores de raíz del género *Pratylenchus*. La especie más prevalente ha sido *P. mediterraneus* (57% de los campos), seguida de *P. neglectus* (36%), *P. crenatus* (36%) y *P. thornei* (34%). También se ha detectado que estas especies pueden estar coinfectando el mismo campo. Por otro lado, se ha observado que las PCRs cuantitativas publicadas hasta la actualidad no permiten diferenciar *P. thornei* y *P. mediterraneus*, por lo que se han desarrollado unos nuevos cebadores para su identificación y cuantificación. Estos resultados presentan importantes implicaciones tanto en fitopatología, en las rotaciones de otros cultivos, como en mejora genética, al no haber especies dominantes monoespecíficas. Posteriormente, se estudiarán marcadores moleculares de resistencia mediante un estudio de asociación del genoma completo (GWAS).

Este proyecto ha sido financiado por la Junta de Andalucía, Proyecto Qualifica subvención [QUAL21_023 IAS] concedida por la Junta de Andalucía, y por los proyectos de la AEI, PID2022-140592OB-I00 y PID2023-146215OB-I00 (financiados por MCIN/AEI/10.13039/501100011033 y por FEDER, UE).

Keywords: nematodo, guisante, *Pratylenchus*, resistencia, mejora genética

MultispeQ como herramienta asequible para analizar la respuesta fisiológica de guisantes frente a *Aphanomyces euteiches*

S. Rodríguez-Mena¹, D. Rubiales¹, JA, Jiménez-Berni¹, M. González¹

¹Instituto de Agricultura Sostenible (IAS-CSIC), Córdoba, España

Aphanomyces euteiches es uno de los patógenos más devastadores para la producción de guisantes (*Pisum sativum*), no existiendo actualmente métodos eficaces para su control. La obtención de variedades resistentes es la solución más prometedora, lo que requiere identificar genotipos resistentes mediante cribados fenotípicos. Sin embargo, estas evaluaciones suelen basarse en criterios visuales cualitativos, con una alta carga de subjetividad. Por ello, decidimos estudiar el uso del dispositivo MultispeQ (PhotosynQ, MI, USA), que mide diferentes parámetros fotosintéticos, como alternativa cuantitativa de fenotipado.

Para evaluar la capacidad del MultispeQ para detectar los cambios en la respuesta fotosintética del guisante, se seleccionaron nueve genotipos con diferentes grados de susceptibilidad a *A. euteiches*. Pasados 10 días, las plantas se inocularon con una solución de zoosporas de 4 aislados diferentes. La respuesta fotosintética se monitorizó en dos hojas por planta mediante MultispeQ el día previo a la inoculación y a los 1, 3, 7, 11, 16, 21, 26 y 30 días post-inoculación (dpi).

Los resultados mostraron diferencias significativas en la respuesta fotosintética entre genotipos susceptibles y parcialmente resistentes a partir de los 20 dpi. Los genotipos susceptibles inoculados con *A. euteiches* mostraron una disminución progresiva en los parámetros LEF, SPAD, Fvp/FmP, Φ_{PSII} , Φ_{NO} y Φ_{NPG} . Por el contrario, los genotipos resistentes inoculados mostraron los mismos valores que sus respectivos controles no inoculados.

Estos resultados validan el uso de MultispeQ como método cuantitativo y no destructivo para el fenotipado de la respuesta del guisante frente a *A. euteiches*, mejorando la precisión de los ensayos de selección.

¹Este trabajo fue financiado por el proyecto de la Junta de Andalucía QUALIFICA QUAL21_023 IAS, nacional PID2023-146215OB-I00 MICIU/AEI/10.13039/501100011033), y los proyectos de Horizonte Europa BELIS (101081878) y COUSIN (101135314).

Keywords: *Aphanomyces euteiches*, guisante, respuesta fotosintética, MultispeQ

Criterios para la selección de variedades de olivo adaptadas al cultivo en seto

R. de la Rosa¹, L. León²

¹*Instituto de Agricultura Sostenible, CSIC, Córdoba, España*

²*Instituto de Investigación, Agraria, Pesquera y Alimentaria, Junta de Andalucía, Córdoba, España*

El sistema de cultivo en seto se ha expandido en España en las últimas décadas gracias a la ventaja que representa la recolección mecanizada. Sin embargo, uno de sus principales inconvenientes es el limitado número de variedades adaptadas a la formación en seto de alta densidad. Es por ello que, varios programas de mejora genética están generando variedades específicamente adaptadas a este sistema.

La elección de la variedad adecuada depende de múltiples factores. La productividad es un criterio esencial, aunque depende de las condiciones de cada finca. Igualmente, el vigor y la arquitectura de la planta (entrenudos, ramificación, flexibilidad de ramas) resultan decisivos. Una proporción equilibrada entre crecimiento vegetativo y producción asegura estabilidad y alto rendimiento graso.

En el actual contexto de cambio climático, deben considerarse también aspectos como la calidad del aceite y la resistencia a condiciones de estrés hídrico. Respecto a la calidad, la estabilidad oxidativa (relacionada con la composición de ácidos grasos y el contenido fenólico) es clave. En cuanto a la adaptación al déficit hídrico, la información existente es aún escasa y se requieren más evidencias experimentales para una selección fiable.

En conclusión, la elección varietal en seto debe basarse en un conjunto de criterios productivos, agronómicos y de calidad, que varían en función de las características y limitaciones de cada explotación.

Este trabajo ha sido financiado por el Proyecto Qualifica, subvención [QUAL21_023 IAS] concedida por la Junta de Andalucía"

Identificación de fuentes de resistencia al pulgón verde (*Acyrtosiphon pisum*) en veza (*Vicia sativa*)

Isabel Gómez-Godoy¹, Diego Rubiales¹, Eleonora Barilli¹

¹Instituto de Agricultura Sostenible, Córdoba, España

La veza común (*Vicia sativa*) es una leguminosa anual utilizada principalmente como forraje y valorada por sus beneficios agronómicos, ecológicos y nutricionales. En alimentación animal, proporciona una fuente de proteína vegetal de alta calidad. Entre los estreses bióticos que amenazan el cultivo, destaca el pulgón verde (*Acyrtosiphon pisum*) como plaga principal, que reduce considerablemente el rendimiento y genera pérdidas económicas que comprometen el desarrollo sostenible de los sistemas agrícolas.

En este estudio, evaluamos una colección de 284 accesiones de germoplasma de *V. sativa*, previamente genotipadas (GBS), proporcionada por ICARDA y mantenida en el IAS-CSIC, Córdoba, frente a un biotipo de *A. pisum* de proveniencia local en condiciones controladas y de campo. Registramos la severidad de la infestación en distintos momentos y calculamos el área bajo la curva de progreso de la plaga (AUDPC). Los resultados han permitido identificar una serie de accesiones con diversos niveles de resistencia, principalmente dentro de *V. sativa* subsp. *sativa* y subsp. *cordata*. La combinación de fenotipado y genotipado nos permitirá el uso de herramientas genómicas, como los estudios de asociación de genoma completo (GWAS), para identificar loci de resistencia y aplicar selección asistida por marcadores (MAS), además de facilitar el diseño de ecuaciones predictivas orientadas a la selección genómica (GS) en las poblaciones segregantes. En conjunto, estos recursos genéticos representan una base sólida para programas de mejora genética enfocados en el desarrollo de variedades de *V. sativa* más resilientes frente al pulgón verde, favoreciendo la biodiversidad y la sostenibilidad en el área mediterránea.

Este trabajo ha sido financiado por el Proyecto Qualifica, [QUAL21_023 IAS] de la Junta de Andalucía, y los proyectos PRIMA-DiVicia (PCI2020-111974) y Horizon Europe BELIS (GA101081878).

Keywords: veza, pulgón verde, estreses bióticos, fenotipado, GWAS, GS

Advancing Internationalization and Leadership in Agricultural Research: IAS-CSIC's Strategic Plan to Reinforce Internationalization and Participation in European Projects.

Pérez-Maseres, R¹, Molinero-Ruiz L¹, Prats E¹, Landa BB¹, Gómez JA¹.

¹Instituto de Agricultura Sostenible (IAS-CSIC), Córdoba, España

El Instituto de Agricultura Sostenible (IAS), perteneciente al CSIC, es un centro de referencia en investigación agrícola orientada a la sostenibilidad en regiones áridas y semiáridas. Participa activamente en iniciativas internacionales, incluyendo seis proyectos de Horizonte 2020 y Horizonte Europa. Como parte de su estrategia, el IAS busca reforzar su liderazgo global mediante la promoción de proyectos innovadores, la ampliación de redes de colaboración y la atracción de talento internacional.

El aumento del presupuesto de Horizonte Europa representa una oportunidad clave para avanzar en estos objetivos. Para ello, el IAS ha potenciado su Unidad de Apoyo Internacional (UAI), que ofrece asistencia en la identificación de convocatorias estratégicas (Horizonte Europa, WIDERA, Misión Suelo), formación de consorcios, desarrollo de propuestas competitivas y gestión de proyectos.

Entre los principales retos se encuentran: involucrar a investigadores no activos internacionalmente, asumir roles de liderazgo, atraer talento extranjero y fomentar la colaboración interdisciplinar. La UAI planea abordar estos desafíos mediante formación especializada y fortalecimiento de sinergias internas.

En conclusión, la UAI constituye una herramienta estratégica para posicionar al IAS como un actor clave en el Espacio Europeo de Investigación. Esta presentación expone los objetivos, retos y estrategias de la UAI, así como su impacto esperado en la comunidad investigadora, ofreciendo un modelo replicable para otros centros con condiciones similares.

"Este trabajo ha sido financiado por el Proyecto Qualifica, subvención [QUAL21_023 IAS] concedida por la Junta de Andalucía"

Keywords: Horizonte Europa, Gestión de investigación.

Desarrollo de variedades de leguminosas pratenses anuales: *Medicagos* spp. y *Scorpiurus* spp.

M.J. Cobos, D. Rubiales

Instituto de Agricultura Sostenible, CSIC, Córdoba, España

Las leguminosas pratenses anuales han sido históricamente un importante componente de los ecosistemas agro-silvo-pastorales mediterráneos. Entre ellas, los carretones o medicagos anuales (*Medicago* spp.) y granillos de oveja o lengua de oveja (*Scorpiurus* spp.) son un grupo de leguminosas anuales autóctonas que, junto con el trébol subterráneo, tienen gran potencial de reintroducción como cubiertas vegetales y pastos. Su cultivo ofrece múltiples beneficios para una agricultura sostenible: pastoreo directo con el consiguiente abonado del suelo, protección frente a la erosión, control de malas hierbas y fijación biológica de nitrógeno. En España, pese a los esfuerzos de reintroducción hace décadas, su cultivo ha caído en desuso y los recursos genéticos se están perdiendo. Para revertir esta situación, se ha iniciado un programa de mejora genética con un claro enfoque aplicado, orientado a la adecuación de prácticas de cultivo y al desarrollo a corto-medio plazo de variedades adaptadas a las condiciones agroecológicas mediterráneas.

El programa parte de una amplia colección de especies de los géneros *Medicago* y *Scorpiurus* recolectadas en distintas regiones de España [1,2]. Tras varios años de selección masal bajo las condiciones climáticas de Córdoba, se identificaron los genotipos mejor adaptados y de mayor producción de biomasa. Posteriormente, ensayos comparativos realizados junto con testigos, permitieron seleccionar cinco variedades con destacada cobertura que están siendo evaluadas por la Oficina Comunitaria de Variedades Vegetales (CPVO): INTERMEDIO (*M. intertexta*) SCOOTER (*M. scutellata*), CARRUCO (*M. truncaluta*), CALIATA (*M. doliata*) y ALACRAN (*S. vermiculatus*).

Agradecimientos: Este trabajo ha sido financiado por los proyectos europeos H2020-RADIANT y H2020-PRIMA-NUSTALGIC, el proyecto nacional RELEG [RED2022-134237-T] y el Proyecto Qualifica [QUAL21_023 IAS] de la Junta de Andalucía.

Referencias:

- [1] Rubiales, D., M. Fernández-Aparicio, A. Moral & A. Pujadas, 2009. Collection and conservation of Iberian *Medicago* spp. germplasm. Grain Legumes Magazine 53: 29.
- [2] Proyecto INIA (RF2004-00028-C02-01-02) "Recolección, multiplicación y caracterización primaria de medicagos anuales y gramíneas pratenses autóctonas españolas".

Palabras clave: Leguminosas, *Medicago*, *Scorpiurus*, pratenses

Estudio citogenético y molecular de los telómeros y subtelómeros en el apareamiento cromosómico en trigo y cebada

Ana Gálvez Galvan¹, Miguel Aguilar², Manuel A. Garrido-Ramos³, Pilar Prieto¹

¹Instituto de Agricultura Sostenible (IAS-CSIC), Avenida Menéndez Pidal s/n. Campus Alameda del Obispo, 14004, Córdoba, Spain.

²Área de Fisiología Vegetal. Universidad de Córdoba. Campus de Rabanales, edif. C4, 3a planta, Córdoba, Spain

³Departamento de Genética, Facultad de Ciencias, Universidad de Granada, Av. De Fuente Nueva, s/n, 18071 Granada.

El reconocimiento y apareamiento entre los cromosomas homólogos durante la meiosis es esencial para la fertilidad de la planta, pero constituye un reto en cereales poliploides como trigo harinero (*Triticum aestivum*, $2n=6x=42$) y trigo duro (*T. turgidum*, $2n=4x=28$), donde coexisten múltiples subgenomas. Nuestro estudio demuestra que las regiones teloméricas y subteloméricas, más allá de su función estructural, actúan como reguladores dinámicos de la identidad cromosómica y de la asociación entre homólogos. Estas regiones contienen elementos repetidos que funcionan como un "código de barras" molecular, facilitando el reconocimiento homólogo. El análisis del satelitoma en trigos cultivados y especies silvestres afines mostró que el ADN satélite (satDNA) se localiza principalmente en regiones subteloméricas y está organizado en familias que confieren identidad cromosómica y sirven como marcadores moleculares y citogenéticos. Además, la comparación del satelitoma de trigo harinero y duro reveló rápidas expansiones y contracciones del satDNA en menos de 8,000 años, reflejando los efectos de la domesticación y la selección. Se ha incluido también el estudio del satelitoma de las cebadas silvestre y cultivada, incluidas en el género *Hordeum* (*H. chilense* y *H. vulgare*), y que se usan como especies donadoras de variabilidad genética para la mejora de trigo. Se observó que los satélites pericentroméricos identificados contribuyen a la plasticidad del centrómero, mientras que los subteloméricos, más variables, refuerzan su papel en el reconocimiento homólogo, de forma similar a lo observado en trigo. En conjunto, los extremos cromosómicos constituyen regiones dinámicas y especie-específicas, ricas en secuencias repetidas, estructuras G4, islas CpG y elementos móviles, que aportan polimorfismo y contribuyen a la dinámica cromosómica. Estos resultados son fundamentales para comprender el reconocimiento y apareamiento homólogo, además de ofrecer nuevas herramientas para optimizar los cruzamientos interespecíficos en los programas de mejora de cereales.

Este trabajo ha sido financiado por PID2019-103996RB-I00 del MCIN/AEI/10.13039/501100011033; programa de doctorado PRE2020-094798 de MCIN; proyecto Qualifica QUAL21_023 IAS, de la Consejería de Transformación Económica, Industria, Conocimiento y Universidades/Cofinanciación FEDER 80%—Programa Operativo FEDER de Andalucía 2014-2020; Conexión-Trigo financiada por el CSIC.

Palabras clave: telómeros, subtelómeros, *Triticum*, asociación cromosómica, reconocimiento y apareamiento de cromosomas homólogos, ADN satélite (satDNA), *Hordeum*, hibridación fluorescente *in situ*, FISH.

Mejora de Guisante por Resistencia a Ascochytirosis: Desempeño en Campo de Germoplasma Avanzado

Manuel A. Jiménez-Vaquero¹, María J. Cobos¹, Carmen M. Ruiz-Pastor¹ & D. Rubiales¹

¹Instituto de Agricultura Sostenible (CSIC), Córdoba, España

La ascoquitosis del guisante (*Pisum sativum*) es una enfermedad fúngica causada por un conjunto de ascomicetos, donde *Didymella pinodes* es el agente más frecuente y perjudicial, a nivel mundial. La infección se ve favorecida por microclimas húmedos, y su progresión está muy influenciada por la arquitectura de la planta.

En el Programa de Mejora de Guisante desarrollado en el IAS-CSIC, se han cruzado materiales resistentes a ascochytirosis, sometiendo su descendencia a múltiples ciclos de selección en cámara y campo. Aquí se presentan resultados comparativos de 13 líneas avanzadas (L.L.A.A.), que se ensayaron junto a variedades testigo resistente (Radley) y susceptible (Messire) en campo, a escala de microparcela y con alta presión de patógeno. Se monitorizaron caracteres fenológicos, de arquitectura, rendimiento y respuesta a enfermedad (% DS), observándose heredabilidades altas (h^2 0.73–0.98). Estos rasgos se ajustaron mediante Modelos Lineales Mixtos para explorar sus relaciones fenotípicas y genotípicas. El encamado se postuló como principal factor de escape físico a la enfermedad, complementando la resistencia genética intrínseca de estas L.L.A.A.

Finalmente, se calculó un índice integrado de selección (MGIDI) para determinar los fenotipos más balanceados. Los resultados señalan a L.L.A.A. como *Mp-28*, *Mp-34* y *Mp-38*, que combinaron bajos niveles de severidad (29–53% DS), superando en resistencia a la variedad Radley (58% DS), y con mejoras de rendimiento de hasta el +25%. Este trabajo pone de manifiesto la utilidad de combinar condiciones controladas y de campo en esquemas estrictos de selección, para la mejora de caracteres genéticos cuantitativos como la resistencia a ascochytirosis.

Este trabajo contó con el apoyo del Proyecto Qualifica, subvención [QUAL21_023 IAS] financiado por la Junta de Andalucía, los proyectos Horizon Europe BELIS y COUSIN financiados por la Unión Europea, los Proyectos del Plan Nacional de Investigación CPP2022-009742 y PID2023-146215OB-I00 y la Red de Excelencia RED2022-134237-T [MICIU/AEI/10.13039/501100011003]. El contrato predoctoral del primer autor fue financiado por el Programa de Formación de Profesorado Universitario (FPU) del MICIU (FPU20/04024).

Keywords: *Pisum sativum*; Ascochytirosis; Resistencia cuantitativa; Mejora genética; Evaluación en campo

Las brásicas en nuestro campo y nuestra mesa.

Alimento y medicina.

S. Obregón y A. De Haro

Instituto de Agricultura Sostenible (CSIC), Córdoba.

Las especies vegetales pertenecientes al género *Brassica* (dentro de la familia *Cruciferae* o *Brassicaceae*) pueden ser consideradas como uno de los primeros grupos de plantas domesticadas por los seres humanos. Las verduras de este género se caracterizan por un peculiar sabor amargo y picante, relacionado con su contenido en glucosinolatos y sus productos de hidrólisis, habiéndose demostrado las propiedades quimiopreventivas de los mismos (Avato-Argentieri, 2015).

En el noroeste de España y Portugal se cultiva *Brassica rapa* sub. *rapa* para obtener nabos, nabizas y grelos. También se cultiva *Brassica napus* sub *pabularia* para obtener nabicoles. Nabizas, grelos y nabicoles forman parte importante de la dieta atlántica, a la que se atribuye la longevidad de la población gallega.

En nuestro grupo de investigación del IAS-CSIC nos planteamos que las nabizas, grelos y nabicoles serían buenos candidatos para ser introducidos en Andalucía y en la dieta mediterránea, como cultivos novedosos que proporcionan verduras con propiedades nutraceuticas y organolépticas interesantes.

Gracias a la financiación pública recibida hemos podido desarrollar diferentes proyectos de investigación y desarrollo, que nos han permitido establecer las condiciones de cultivo y seleccionar genéticamente las líneas más adecuadas para producir nabizas, grelos y nabicoles en nuestras condiciones edafoclimáticas mediterráneas y de mejores propiedades nutraceuticas (Obregón-De Haro, 2020).

Estas variedades están listas para ser utilizadas por el sector agrario y alimentario. En su promoción hemos colaborado con chefs andaluces para elaboración de recetas y con empresas, como es el caso de Setacor que ha desarrollado una salsa de brásicas con setas que próximamente estará en el mercado.

Este trabajo fue financiado por el Proyecto Qualifica, subvención [QUAL21_023 IAS] de la Junta de Andalucía.

Palabras clave: *Brassicaceae*, nabizas, grelos, nabicol, glucosinolatos.

Bibliografía:

Avato, P.; Argentieri, M.P. (2015). Brassicaceae: A rich source of health improving phytochemicals. *Phytochem. Rev.*, 14, 1019-1033.

Obregón, Sara; De Haro, Antonio (2020). Nabizas y grelos para la agricultura y para la dieta mediterráneas. *Anuario de la Fundación de Estudios Rurales*. Págs. 168-177. ISSN: 1887-9292

Identificación y caracterización genética y molecular de resistencia a enfermedades en lenteja

N. Romero-Armario¹, E.Barilli¹ & D.Rubiales¹

¹*Instituto de Agricultura Sostenible, CSIC, Córdoba, España*

La lenteja (*Lens culinaris*) es la leguminosa de mayor expansión a nivel mundial, con un crecimiento promedio anual del 10,3% desde 1960. Se consume principalmente como semilla seca y constituye una fuente relevante de proteínas, fibra, vitaminas y antioxidantes, además de contribuir a la sostenibilidad agrícola mediante la fijación de nitrógeno. Sin embargo, su producción está limitada por estreses bióticos, siendo el jopo (*Orobanche crenata*) y la roya (*Uromyces viciae-fabae* f.sp. *Lens culinaris*) los más limitantes en la cuenca Mediterránea, frente a los cuales la resistencia genética disponible en variedades cultivadas resulta insuficiente.

Para desarrollar variedades resistentes es necesario disponer de una diversidad genética amplia y métodos eficaces para detectar y transferir estos rasgos a variedades modernas. Continuando trabajos previos en el IAS-CSIC sobre otras enfermedades de lenteja, esta investigación busca identificar y caracterizar fuentes de resistencia a jopo y roya en una colección de 296 genotipos, ya genotipados, proporcionados por el ICARDA. Mostramos los resultados de la campaña de campo (2024–2025): los datos fenotípicos de caracteres agronómicos y de respuesta a enfermedades evaluados, la distribución de frecuencias de la población (histogramas y QQplots), estimaciones BLUPs, heredabilidad en sentido amplio (H^2) y correlaciones entre caracteres. Estos resultados preliminares evidencian una amplia variación fenotípica en la colección, lo que confirma su potencial para identificar fuentes de resistencia que fortalezcan los programas de mejora de lenteja frente a enfermedades clave. El estudio de Asociación de Genoma Completo (GWAS) permitirá identificar marcadores asociados con las resistencias.

Agradecimientos:

Este trabajo ha sido financiado por el Proyecto BELIS – Breeding European Legumes for Increased Sustainability (Horizon Europe, Grant Agreement n.º 101081878) y el proyecto QUALIFICA [QUAL21_023 IAS] de la Junta de Andalucía.

Keywords: lenteja; *Uromyces viciae-fabae*; *Orobanche crenata*; GWAS

Monitoreo de indicadores adaptativos de la soja en condiciones atípicas

Y. Kobyrnko¹, D. Rubiales¹, Wohor Zakaria Osman¹, Ryslana Panasiuk²

1. Instituto de Agricultura Sostenible, CSIC, 14004, Córdoba, España.

2. Universidad Nacional de Medicina Veterinaria y Biotecnologías Stepan Gzhytskyi, Dublyany, Región de Lviv, 30831, Ucrania.

En los últimos años, los drásticos cambios climáticos han afectado cada vez más negativamente al rendimiento de las plantas cultivadas, incluida la soja. Lamentablemente, las previsiones indican que estos procesos se intensificarán. Se necesitarán variedades cada vez más adaptativas capaces de producir rendimientos económicamente viables en condiciones ambientales estresantes.

La adaptabilidad de la soja a las nuevas condiciones ambientales depende de su diversidad genética, que determina su resistencia a la sequía, el calor, las bajas temperaturas, la humedad y las enfermedades. Por ello, para estudiar la adaptabilidad de diferentes variedades de soja a las nuevas condiciones ambientales estresantes, comparamos el comportamiento de una serie de variedades de soja durante dos campañas agrícolas (2024 y 2025) en dos países con condiciones climáticas y edáficas diferentes: España y Ucrania. Las variedades estudiadas procedían de distintos países (21 de Ucrania, 1 de Croacia, 1 de Francia, 1 de USA, 1 de Canadá y 1 de Austria). Los genotipos estudiados pertenecen a los grupos de madurez temprana y media. Las siembras se han realizado en mayo (2024) - junio (2025), en parcelas de 500 m², en riego en España debido a las condiciones secas y sin riego en Ucrania debido a las suficientes precipitaciones. En el primer año se evaluaron los componentes de rendimiento, lo que permitió comparar el comportamiento de las variedades de rendimiento en Ucrania y España, destacando cuatro genotipos de selección ucraniana (Slavna - rendimiento 1,30 t/ha, Orfey - 1,19 t/ha, Milleniym - 1,10 t/ha, Samorodoc - 1,01 t/ha) en Córdoba y cinco genotipos de selección ucraniana (Pallada - 1,66 t/ha, Vyshyvanka - 1,63 t/ha, Samorodoc - 1,63 t/ha, Myza - 1,37 t/ha, Milleniym - 1,26 t/ha) y uno croata (Zora - 1,28 t/ha) en Dublyany, región de Lviv en el oeste de Ucrania. Los estudios 2025 aún están en curso y sus resultados nos darán conclusiones definitivas.

Comprender las propiedades adaptativas de los diferentes genotipos de soja es clave para desarrollar estrategias de mejoramiento que garanticen rendimientos estables frente al cambio climático y otros desafíos ambientales emergentes.

Este trabajo fue apoyado por los Proyectos UCRAN20013 financiado por CSIC, BELIS financiado por Horizon Europe y QUAL21_023 IAS financiado por la Junta de Andalucía.

Programa de mejora genética de sésamo

Carmen Ruiz¹, Diego Rubiales¹

¹*Instituto de Agricultura Sostenible, Córdoba, España*

Las semillas de sésamo (*Sesamum indicum* L.) tienen múltiples usos culinarios, conteniendo un alto contenido en aceite de alta calidad. Históricamente, el sésamo se ha cultivado principalmente en zonas tropicales y subtropicales de África y Asia, pero su cultivo está aumentando notablemente en el norte de África, pasando de 0,5 millones de hectáreas en la década de 1960 a aproximadamente 5 millones de hectáreas en la actualidad, lo que demuestra su idoneidad para los entornos mediterráneos. En España el cultivo es aún minoritario, pero el aumento en la demanda de productos del sésamo refuerza el interés por expandir su cultivo en España.

En el marco de un contrato con la empresa SINENTA, el IAS-CSIC está desarrollando un programa de mejora de sésamo enfocado a la obtención de variedades adaptación a las condiciones pedoclimáticas del sur de España que combinen alta calidad con porte e indehiscencia que faciliten la mecanización del cultivo. Empezamos evaluando en campo el potencial agronómico en una colección de 514 entradas de sésamo, prestando especial atención a la calidad de la semilla [1], el porte, la indehiscencia de las capsulas y el rendimiento. Esto permitió iniciar un programa propio de cruzamientos, seleccionando en campo anualmente las poblaciones segregantes resultantes. Los resultados del programa (actualmente en F4) permitirán contribuirán a corto-medio plazo el registro y comercialización de las variedades resultantes.

Agradecimientos: Este trabajo ha sido financiado por el contrato CSIC-SINENTA (20216223), y los proyectos H2020-RADIANT, y Qualifica [QUAL21_023 IAS, Junta Andalucía]

Keywords: Sésamo, *Sesamum indicum* L., mejora genética,

Referencias: [1] Comini E, Rubiales D, Reveglia P, 2023. Variability of fatty acid composition and lignan content in sesame germplasm, and effect of roasting. ACS Food Science & Technology 3(10): 1747-1758, <https://doi.org/10.1021/acfoodscitech.3c00304>

Plataforma de fenotipado para detección temprana de *Xylella fastidiosa* mediante imágenes hiperespectrales

V. Egea-Cobrero¹, J.A. Jiménez-Berni, R. Calderón, P.J. Zarco-Tejada, M. Román-Écija, G. León-Ropero, A. Hornero, J.A. Navas-Cortés, B.B. Landa.

¹Instituto de Agricultura Sostenible, Consejo Superior de Investigaciones Científicas (IAS-CSIC). Córdoba. España.

La detección de *Xylella fastidiosa* (*Xf*) se ve dificultada por infecciones asintomáticas, largos periodos de incubación y síntomas inespecíficos, lo que permite la propagación del patógeno antes de que aparezcan síntomas visibles. Se diseñó una plataforma de fenotipado que integra un mecanismo motorizado de deslizamiento vertical, un dispositivo de iluminación y una cámara hiperespectral de alta resolución. Esta herramienta permite monitorizar y cuantificar la respuesta fisiológica y bioquímica de las plantas tras la infección por *Xf* en condiciones controladas.

Se inocularon dos cultivares comerciales de vid con *Xf* subsp. *fastidiosa* con distintos regímenes de riego y escenarios de temperatura-CO₂. Se adquirieron imágenes hiperespectrales de 272 bandas en el rango VNIR (400–1000 nm) con resoluciones espectrales de 6 nm y espaciales de 3,5 mm a los 2 y 4 meses post-inoculación. La infección se confirmó mediante qPCR.

Se desarrolló una cadena de procesamiento de imágenes que incluyó técnicas de suavizado y segmentación para extraer píxeles puros de vegetación mediante regiones de interés y algoritmos de clasificación supervisada. Además, se calcularon 70 índices espectrales de vegetación (IVs), integrados en modelos de aprendizaje automático para distinguir entre plantas inoculadas y no inoculadas. Los resultados preliminares muestran que los IVs captaron diferencias asociadas al tratamiento, alcanzando precisiones de validación superiores al 70% en la detección temprana de la infección por *Xf*. Esta plataforma tiene gran potencial para la detección precoz en fases asintomáticas y puede facilitar la selección de genotipos resistentes, aportando información clave sobre la respuesta fisiológica de la vid frente a estrés ambiental y futuro escenario de cambio climático.

Este trabajo ha sido financiado por el Proyecto Qualifica, subvención [QUAL21_023 IAS] concedida por la Junta de Andalucía, BeXyl – Beyond *Xylella* (Grant ID 101060593, EU-Horizon Europe), PIE202240E067-CSIC y PTI-SolXyl-CSIC.

Keywords: Detección temprana, *Xylella fastidiosa*, vid, imágenes hiperespectrales, fenotipado

***Aphanomyces euteiches*, un riesgo potencial para el cultivo de almorta**

S. Rodríguez-Mena¹, D. Rubiales¹, M. C. Vaz Patto², M. González¹

¹Instituto de Agricultura Sostenible, CSIC, Córdoba, España

²Instituto de Tecnología Química e Biológica António Xavier (ITQB NOVA), Universidade Nova de Lisboa, Oeiras, Portugal

En los últimos años, el aumento de los estreses asociados al cambio climático ha favorecido la aparición de patógenos con alto impacto agronómico. Entre ellos, la podredumbre radical causada por el oomiceto *Aphanomyces euteiches* está considerada en muchas partes del mundo como la principal causa de pérdida de producción en diferentes leguminosas. Sin embargo, su incidencia en almorta (*Lathyrus sativus*), una leguminosa cultivada en regiones áridas y semiáridas por su tolerancia al calor y de interés en alimentación humana y animal, no había sido evaluada hasta la fecha. En este contexto, el objetivo de este trabajo fue evaluar la respuesta de una colección de 171 accesiones de almorta de diferentes procedencias geográficas frente a *A. euteiches*, así como identificar potenciales fuentes de resistencia.

Para ello, se sembraron cuatro semillas pregerminadas por genotipo en macetas de 250 mL con perlita, y se cultivaron en invernadero durante 10 días. Posteriormente, las plantas se inocularon con 5 mL de una suspensión de 1.000 zoosporas/mL del aislado RB84 (patotipo I) de *A. euteiches*. A los 20 días tras la inoculación, se evaluaron los síntomas mediante un índice de síntomas foliares (ISF, 0–5) y radicales (ISR, 0–9). Aunque la mayoría de los genotipos mostró una alta susceptibilidad (ISF > 3; ISR > 5), 8 de ellos presentaron un bajo nivel de síntomas. Estos resultados confirman por primera vez que *L. sativus* es susceptible a *A. euteiches*, aunque ligeramente más tolerante que el guisante. No obstante, la variabilidad observada sugiere la existencia de posibles mecanismos de resistencia, por lo que identificar e incorporar accesiones menos susceptibles en programas de mejora puede ser una estrategia útil para desarrollar cultivares más resistentes y adaptados a condiciones agrícolas cambiantes.

Este trabajo ha sido financiado por los proyectos PID2023-146215OB-I00, el contrato FPI PRE2021-098644 y el Proyecto Qualifica [QUAL21_023 IAS]

Detección temprana de enfermedades vasculares en olivo y almendro con sensores proximales

**M. Román-Écija¹, G. León-Ropero, J.L. Trapero-Casas,
B.M. Quetglas-Calvo², B.B. Landa, J.A. Navas-Cortés.**

¹Instituto de Agricultura Sostenible, Consejo Superior de Investigaciones Científicas (IAS-CSIC). Córdoba. España.

²Grupo TRAGSA, 07009 Palma de Mallorca

Las enfermedades causadas por patógenos vasculares como *Verticillium dahliae* (*Vd*) y *Xylella fastidiosa* (*Xf*) constituyen una amenaza fitosanitaria para el olivo y el almendro en el área Mediterránea. La identificación temprana de plantas infectadas, antes que presenten síntomas visibles, resulta fundamental para una adecuada vigilancia epidemiológica. El objetivo de este trabajo fue caracterizar los rasgos espectrales, fisiológicos y bioquímicos de las plantas que pueden cambiar durante la infección por *Xf* y *Vd*.

Para ello, se han utilizado cuatro sensores proximales que permiten adquirir mediciones directas a nivel foliar de reflectancia, fluorescencia y estado hídrico. Se evaluaron síntomas en parcelas de almendro en Mallorca y de olivo en Jaén, infectadas naturalmente por *Xf* y *Vd*, respectivamente. Las medidas fueron tomadas en árboles sanos como en ramas sanas y sintomáticas de árboles infectados. La infección de las plantas evaluadas se confirmó mediante qPCR específicas.

Los 78 índices de vegetación estimados mostraron patrones diferenciados entre árboles no infectados y sintomáticos para ambos patosistemas. El análisis discriminante permitió seleccionar entre 21 y 31 índices para distinguir árboles en distintos estados fitosanitarios. La precisión de clasificación alcanzó valores entre 63 al 76 % para *Vd* y del 74 al 87 % para *Xf*, con coeficientes de kappa de Cohen superiores a 0.66. Los índices de vegetación con mayor peso fueron el contenido de antocianinas, carotenoides y xantofilas para *Xf*, y los carotenoides, fluorescencia de clorofila y la conductancia estomática, para *Vd*. Este sistema de detección temprana puede integrarse tanto en programas de vigilancia epidemiológica como en estrategias de gestión integrada de enfermedades.

Este trabajo ha sido financiado por el Proyecto Qualifica, subvención [QUAL21_023 IAS] concedida por la Junta de Andalucía, ITS2017-095(CAIB), KODA, BeXyl (Grant ID 101060593, EU-Horizon Europe),

Estudio de podredumbres en tomate extensivo y búsqueda de alternativas basadas en biocontrol.

P. Zomeño-Martínez¹, C. Gómez-Lama Cabanás¹, S. Medina², A.B. García-Carneros¹, A. Valverde-Corredor¹, L. Molinero-Ruiz¹

¹Instituto de Agricultura Sostenible, CSIC, Alameda del Obispo s/n, 14004 Córdoba, España.

²Mancera Productores agrícolas, Avda. San Francisco Javier, Edificio Sevilla 1, 41018 Sevilla, España.

El cultivo del tomate (*Solanum lycopersicum*) de industria ocupa 6.866 ha en España. Es un sector en constante mejora. Pero, se enfrenta a riesgos fitosanitarios, como, enfermedades fúngicas causadas por, *Alternaria*, *Mildiu*, *Fusarium* o *Rhizopus*. Los objetivos de este trabajo fueron: (i) prospectar y muestrear parcelas en Sevilla; (ii) identificar hongos en plantas sintomáticas; y (iii) evaluar el efecto *in vitro* de cepas bacterianas potenciales agentes de biocontrol frente a *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici* (Fol) y *F. oxysporum* f. sp. *radicis-lycopersici* (Forl). Las prospecciones se realizaron en fincas de Lora del Río y La Rinconada, donde se recolectaron plantas con marchitez y necrosis. Tras efectuar aislamientos de las muestras mediante cultivo en patata-dextrosa-agar (PDA), se aislaron 150 colonias fúngicas. Tras seleccionar un aislado representativo de cada morfología, se obtuvieron cultivos monoconídicos de 45 de ellas. En base a sus características morfológicas y microscópicas, se identificaron aislados pertenecientes a *Alternaria* y *Fusarium*. Actualmente, se está llevando a cabo la identificación molecular de 36 monoconídicos seleccionados. En cuanto a la evaluación del efecto antagonista, se emplearon nueve cepas bacterianas procedentes de la rizosfera de olivo (*Pseudomonas* spp., *Paenibacillus* spp. y *Bacillus* spp.) y diecisiete de raíz de platanera (*Pseudomonas protegens*, *Pseudomonas chlororaphis* spp. y *Serratia marcescens*). Estas se ensayaron frente a Fol y Forl en medios PDA y Luria Bertani. Los resultados mostraron actividad antagonista variable, dependiente de la cepa bacteriana y del medio de cultivo. La cepa de mayor eficacia, de la especie *P. chlororaphis* y aislada de platanera, alcanzó una inhibición máxima del 64% frente a FoL en medio PDA.

Palabras clave: *Solanum lycopersicum*, tomate de industria, agentes de biocontrol, *Fusarium oxysporum*, identificación morfológica, identificación molecular.

Trabajo financiado por el proyecto Qualifica (QUAL21_023 IAS), el contrato PTA2022-022007-I y el programa BIOTOM, por el proyecto 202340E105 (CSIC).

Desarrollo de la marchitez tardía del maíz (*Magnaportheopsis maydis*) en diferentes sustratos y aproximaciones a la microscopía de la infección

P. Zomeño-Martínez¹, A. Martín¹, L. Testi¹, I. León¹, A.B. García-Careros¹, L. Molinero-Ruiz¹

¹ Instituto de Agricultura Sostenible, CSIC, Alameda del Obispo s/n, 14004 Córdoba, España.

Magnaportheopsis maydis es un hongo de suelo que causa marchitez tardía (MT) en maíz. Su severidad depende de las condiciones ambientales, manejo del cultivo y tipo de suelo. En este trabajo hemos estudiado el efecto de distintas mezclas artificiales de suelo sobre fases tempranas del desarrollo de MT. Además, hemos puesto a punto una técnica de microscopía para poder caracterizar histológicamente la distribución del patógeno en los tejidos. Llevamos a cabo dos experimentos en invernadero (25°C de temperatura y 12 h de luz) utilizando como sustrato seis combinaciones de arena, limo, perlita y/o vermiculita. Se evaluaron la biomasa y estructura de las raíces, el desarrollo de partes aéreas y el índice de área foliar. El estudio histológico se realizó en raíces de plantas control y de plantas inoculadas. En 2022, la inoculación afectó de forma significativa todas las variables. Además, la mezcla arena-limo-perlita fue la más favorable para el desarrollo de MT. En 2024, el efecto del hongo sobre la altura, diámetro y pesos de raíz de las plantas dependió del sustrato considerado. Las plantas que crecieron en arena:vermiculita presentaron mejor desarrollo y menor severidad de MT. La mezcla arena:perlita, se asoció a las máximas diferencias de altura y de peso de raíces entre las plantas control e inoculadas. Se observaron diferentes tipos de hifas fúngicas al microscopio, por lo que no pudimos identificar inequívocamente *M. maydis* en los tejidos. El protocolo desarrollado en este trabajo se utilizará para llevar a cabo estudios histológicos en condiciones más favorables para la infección por *M. maydis*.

Palabras clave: clima mediterráneo, estructura del suelo, histología, hongo vascular, patógeno de suelo, suelo

Trabajo financiado por el proyecto Qualifica (QUAL21_023 IAS) y el programa EMERGIA [MRA02] de la Junta de Andalucía, por el programa Fundecor-Univergem financiado por el Instituto Andaluz de la Mujer, el contrato PTA2022-022007-I y por el proyecto 202340E105 (CSIC).

Genes de resistencia a jopo (*Orobanche cumana*) en especies silvestres de girasol

B. Pérez-Vich¹, B. Fernández-Melero^{1,2}, C. Macías-Zabala¹, L. del Moral¹, Leonardo Velasco¹

¹Instituto de Agricultura Sostenible (IAS-CSIC), Córdoba, España

²INRAe, Toulouse, Francia

El jopo de girasol (*Orobanche cumana* Wallr.) es una planta holoparásita que carece de clorofila y depende de una planta hospedadora para completar su ciclo. A diferencia de otras especies relacionadas, presenta una alta especificidad de hospedador tanto en la naturaleza como a nivel agrícola, donde solo parasita al girasol. Esta mala hierba parásita es hoy en día la principal amenaza para la producción de girasol en la mayoría de las áreas de Asia y Europa, incluida España, especialmente por una continua aparición de razas cada vez más virulentas. Actualmente, la estrategia más eficaz y sostenible para controlar el jopo es a través del desarrollo mediante mejora genética de genotipos de girasol resistentes a esta planta. Nuestro grupo de investigación del IAS-CSIC ha desarrollado novedosas fuentes de resistencia a jopo a partir de genes de resistencia encontrados en especies silvestres de girasol, como el gen *OR_{Deb2}*, presente ya a gran escala a nivel comercial, o más recientemente el gen *OR_{Anom1}*, identificado en la especie de girasol silvestre *Helianthus anomalus*. Esta nueva fuente de resistencia está siendo también transferida a las principales empresas de mejora genética de girasol para el desarrollo de híbridos comerciales con resistencia genética frente al jopo. Actualmente trabajamos en nuevas fuentes de resistencia derivadas de especies silvestres que contribuirán en el futuro a aumentar la batería de defensas genéticas del girasol frente a esta peligrosa mala hierba parásita, ofreciendo así una alternativa sostenible frente al uso de herbicidas.

Este trabajo ha sido financiado por el Proyecto Qualifica, subvención [QUAL21_023 IAS] concedida por la Junta de Andalucía, y el proyecto de investigación PID2020-117286RB-I00, financiado por el MCIN (Ministerio de Ciencia e Innovación) / AEI (Agencia Estatal de Investigación;) / FEDER-UE (Fondo Europeo de Desarrollo Regional-Unión Europea). Además, contó con el apoyo de las ayudas PRE2018-084486, concedida a B. Fernández-Melero y financiada por MCIN/AEI/10.13039/501100011033 - FSE y MMT24-IAS-02-01, concedida a C. Macías-Zabala dentro del proyecto MMT24-IAS-02 del programa "Momentum CSIC: Desarrolla tu Talento Digital" financiado por la Secretaría de Estado de Digitalización e Inteligencia Artificial – Ministerio para la Transformación Digital y de la Función Pública, a través de Red.es, y con fondos del Plan de Recuperación, Transformación y Resiliencia de la UE – Next Generation.

Caracterización de los principales metabolitos secretados por un aislado de la raza 1 de *Fusarium oxysporum* f. sp. *pisi* mediante aproximación OSMAC.

**C. Molinares-Pacheco ¹, F. Sarnelli ², A. Masi ², B. Pérez-López ¹, D. Rubiales ¹,
A. Cimmino ², N. Rispaill ¹**

¹Instituto de Agricultura Sostenible, CSIC, Córdoba, España.

²Dipartimento di Scienze Chimiche, Università di Napoli Federico II, Napoles, Italia

Fusarium oxysporum f. sp. *pisi* (*Fop*) es un importante patógeno del guisante (*Pisum sativum*). Hasta la fecha se han descrito cuatro razas de *Fop* de las cuales las razas 1 y 2 son las más ampliamente distribuidas y las más perjudiciales para el cultivo. A pesar de su relevancia, los factores clave que controlan la virulencia de *Fop* siguen sin estar completamente esclarecidos. Estudios previos han demostrado que aislados de la raza 2 secretan grandes cantidades de ácido fusárico (FA) y ácido 9,10-dihidrofusárico (DFA), y su implicación en el proceso de infección. Sin embargo, estas toxinas no se han detectado en el secretoma de aislados de la raza 1, lo que sugiere mecanismos de virulencia distintos. Para caracterizar los metabolitos secundarios secretados por la raza 1 de *Fop*, hemos aplicado un enfoque OSMAC utilizando tres medios de cultivo (Czapeck, PDB y extracto de malta) y dos temperaturas de incubación (25 y 28 °C). Los ensayos en hojas cortadas mostraron diferencias significativas en la toxicidad de los medios de cultivo, mientras que la temperatura de crecimiento tuvo un impacto menor. Se detectaron grandes cantidades de Jasmonato-Isoleucina y 9,10-dehidroJasmonato-Isoleucina en PDB y extracto de malta. Los bioensayos en hojas cortadas y plántulas confirmaron la toxicidad de estos compuestos sugiriendo su posible implicación en el proceso de infección de la raza 1 de *Fop*. Estos resultados apuntan a diferencias sustanciales en los perfiles de metabolitos secretados entre razas de *Fop* lo que podría tener implicaciones importantes para el desarrollo de estrategias de control específicas.

Este trabajo ha sido financiado por el Proyecto PID2020-113153RB-I00 financiado por MICIU/AEI/10.13039/501100011033, por la ayuda extraordinaria 2024AEP010 financiado por el CSIC y por el proyecto Qualifica, subvención [QUAL21_023 IAS] concedida por la Junta de Andalucía. B. P-L ha sido beneficiaria de un contrato INVESTIGO de la Junta de Andalucía. C. M-P es beneficiario de un contrato predoctoral de la Junta de Andalucía [DGP_PRED_2024_01907].

Keywords: *Fusarium oxysporum*; Secretoma; Jasmonato; Proceso de infección

Estudio de bacterias endófitas del xilema en comunidades sintéticas para el control de enfermedades vasculares del olivo

L. Alonso-Villar¹, N.J. Flores-Duarte², M. Román-Écija¹, M. P. Velasco-Amo¹, C. Olivares-García¹, J. A. Navas-Cortés¹, C. Haro¹, L. Moll¹ y B. B. Landa¹

¹Departamento de Protección Vegetal, Instituto de Agricultura Sostenible, Consejo Superior de Investigaciones Científicas, Córdoba, España

²Departamento de Microbiología y Parasitología, Universidad de Sevilla, Sevilla, España

Las infecciones causadas por el hongo *Verticillium dahliae* (Vd) y la bacteria *Xylella fastidiosa* (Xf) suponen una grave amenaza para cultivos de gran importancia económica, como el olivo (*Olea europaea* L.). En el contexto del Pacto Verde Europeo, los microorganismos endófitos representan una estrategia prometedora para el control biológico de los fitopatógenos. Particularmente, las comunidades microbianas sintéticas (SynCom) compuestas por bacterias habitantes del xilema pueden ofrecer un enfoque novedoso para el control de estos patógenos vasculares.

En este trabajo, se caracterizaron fenotípicamente más de 100 cepas bacterianas aisladas del xilema del olivo para evaluar su potencial como agentes de control biológico. Los rasgos analizados incluyeron: (i) asimilación de fuentes de carbono y tolerancia a estreses abióticos (antibióticos, pH, salinidad); (ii) características promotoras del crecimiento vegetal (producción de sideróforos, solubilización de potasio, fijación de nitrógeno); (iii) producción de enzimas antimicrobianas (amilasa, quitinasa, proteasa, etc.); y (iv) inhibición *in vitro* de Vd y Xf. Posteriormente, ensayos de compatibilidad entre las cepas más prometedoras permitieron el diseño de dos SynCom, compuestas por tres cepas compatibles cada una.

Actualmente se está evaluando el efecto de las SynCom frente a Vd y Xf *in vitro* utilizando cultivos duales y cámaras microfluídicas que simulan los vasos xilemáticos. Su eficacia *in planta* se está evaluando en varios patosistemas: Xf en *Nicotiana benthamiana* (planta modelo), Xf en olivo y Vd en olivo. Además, se estudiará mediante qPCR específica la capacidad de las SynCom y de ambos patógenos, para colonizar sistémicamente los vasos xilemáticos tras la aplicación por endoterapia.

Este trabajo ha sido financiado por el Proyecto Qualifica, subvención QUAL21_023 IAS concedida por la Junta de Andalucía; los proyectos MCIN/AEI/10.13039/501100011033 (PID2020-114917RB-I00), MICIU/AEI/10.13039/501100011033 «European Union Next Generation EU/PRTR» (TED2021-130110BC41), MCIN/AEI/10.13039/501100011033 Subvención IJC2019-040423-I del Ministerio de Ciencia e Innovación español (AEI); y el proyecto BeXyl (Subvención ID 101060593, EU-Horizon Europe).

**Mejora del guisante por resistencia al pulgón verde
(*Acyrtosiphon pisum*)**

M.C. López-Orozco, D. Rubiales, E. Barilli

¹Instituto de Agricultura Sostenible, CSIC, Córdoba, España

El guisante (*Pisum sativum* L.) es una leguminosa de gran importancia por su alto contenido proteico y su capacidad de fijar nitrógeno, lo que contribuye a la sostenibilidad agrícola. Sin embargo, su producción se ve limitada por diversos estreses bióticos, entre los que destaca el pulgón verde (*Acyrtosiphon pisum*), que reduce el rendimiento al alimentarse de savia, debilitar las defensas de la planta y transmitir virus. El uso intensivo de insecticidas implica costes económicos y ambientales, por lo que resulta prioritario identificar fuentes de resistencia genética.

Se evaluó la resistencia en colecciones de germoplasma de diferente origen geográfico y perteneciente a varias especies, en condiciones de campo durante tres campañas agrícolas (2022-2025) y en condiciones controladas. Se registraron tanto variables agronómicas como de resistencia, procediendo a su posterior análisis para caracterizar las respuestas obtenidas y determinar sus correlaciones. Los resultados confirmaron que la precocidad actúa como un mecanismo de escape frente a *A. pisum*, mientras que la incidencia de la infestación estuvo más influida por el ambiente y la interacción genotipo × ambiente. Se han identificado fuentes de resistencias tanto en accesiones de *P. sativum* ssp. *sativum* como de *P. fulvum* y *P. abyssinicum*, que se han introducido en nuestro programa de cruzamientos. Las poblaciones segregantes resultantes están siendo seleccionadas por resistencia con el fin último de desarrollar variedades que combinen resistencia a pulgón y valor agronómico.

Este trabajo ha sido financiado por los proyectos nacionales de la AEI RED2022-134237-T, PID2023-146215OB-I00 y CPP2022-009742, los proyectos europeos Horizonte Europa BELIS y COUSIN, y el proyecto de la Junta de Andalucía QUAL21_023 IAS.

Keywords: *Pisum sativum*, *Acyrtosiphon pisum*, resistencia genética, precocidad.

Impacto de los macro- y microplásticos en la salud de plantas y suelos

Giovana P.F. Macan^{1,2}, Carmen Haro¹, Concepción Olivares-García¹, Guillermo León-Ropero¹, José Luis Trapero-Casas¹, Juan A Navas-Cortés¹, Blanca B. Landa¹

¹*Institute for Sustainable Agriculture, Spanish National Research Council (IAS-CSIC), 14004, Córdoba, Spain.*

²*Programa de Doctorado de Ingeniería Agraria, Alimentaria, Forestal y de Desarrollo Rural Sostenible, Universidad de Córdoba, Córdoba, Spain.*

Los plásticos desempeñan un papel clave en la agricultura, especialmente en coberturas de invernadero y mulches plásticos. Sin embargo, su acumulación y disposición inadecuada generan preocupación por la contaminación del suelo y posibles efectos sobre la salud vegetal y microbiana. Este trabajo evalúa el impacto de macro- y microplásticos en plantas y suelos agrícolas. Se analizaron las comunidades microbianas en la interfaz suelo-plástico mediante la recolección de desechos plásticos de campos agrícolas, identificando taxones consistentemente asociados con los plásticos. Además, se estudiaron las dinámicas temporales del microbioma del plastisphere durante la degradación de polímeros. Para ello, se realizó un experimento de incubación en distintos tipos de suelos. Sorprendentemente, los mulches biodegradables se degradaron más rápido en suelos arenosos, pese a su menor actividad microbiana, en comparación con suelos francos y arcillosos. Se evaluó también el efecto de los microplásticos sobre el desarrollo vegetal en un experimento a largo plazo, observándose un impacto temporal de los mulches biodegradables sobre el crecimiento del algodón, mientras que los plásticos convencionales no mostraron efectos significativos. Un experimento complementario analizó los lixiviados de plástico, mostrando que los biodegradables liberaron mayor concentración de compuestos, mientras que los convencionales presentaron mayor diversidad química.

Estos resultados aportan una visión integral de las interacciones entre materiales antropogénicos y componentes del suelo, permitiendo evaluar los impactos ambientales del uso de plásticos en agricultura y respaldando el desarrollo de alternativas sostenibles para mitigar la contaminación por plásticos.

Este trabajo ha sido financiado por el Proyecto Qualifica, subvención QUAL21_023 IAS concedida por la Junta de Andalucía, y European Union's H2020 programme Marie Skłodowska-Curie No.955334-SOPLAS

Caracterización de la subfamilia génica SIX1 en aislados del complejo de especies *Fusarium oxysporum* de las leguminosas

C. Molinares-Pacheco, D. Rubiales, N. Rispaill

Instituto de Agricultura Sostenible, CSIC, Córdoba, España.

La marchitez vascular causada por el complejo de especies de *Fusarium oxysporum* (FOSC) provoca importantes pérdidas económicas en numerosos cultivos en todo el mundo. Se ha definido más de 120 *formae speciales* (*ff. spp.*) para este patógeno, muchas de ellas subdivididas en razas. Especies estrechamente relacionadas de FOSC pueden causar síntomas similares, dificultando el diagnóstico y control de la enfermedad. Caracterizar los factores patogénicos que determinan la especificidad de hospedador permitiría predecir la *forma specialis* y la raza, convirtiéndolos en elementos clave para el diagnóstico. Entre estos factores se encuentra la familia SIX que muestran patrones diferenciales según la *forma specialis* y/o raza del aislado. Sin embargo, se conoce poco sobre su presencia en aislados del FOSC que infectan leguminosas. En este estudio se secuenciaron los genes EF- α , ITS y SIX1 de 24 aislados recolectados sobre guisante, lenteja, garbanzo, judía y alfalfa. El estudio de los EF- α e ITS confirmó que 20 aislados pertenecen a *F. oxysporum*, mientras que los cuatros restantes fueron reclasificados como *F. redolens* y *F. proliferatum*. Por otro lado, se identificaron cuatro variantes de SIX1 en *F. oxysporum* f. sp. *pisi* (*Fop*). La raza 1 contiene una sola variante, mientras que las razas 2 y 5 presentan hasta tres. Dos variantes asociadas a la raza 2 de *Fop* se detectaron también en *F. oxysporum* f. sp. *medicaginis*. Este estudio destaca la conservación de SIX1 en FOSC que infectan leguminosas y su potencial uso, junto con EF- α e ITS, para la caracterización molecular de nuevos aislados.

Este trabajo ha sido financiado por el Proyecto PID2020-113153RB-I00 financiado por MICIU/AEI/ 10.13039/501100011033, por la ayuda extraordinaria 2024AEP010 financiado por el CSIC y por el proyecto Qualifica, subvención [QUAL21_023 IAS] concedida por la Junta de Andalucía. C. M.-P. es beneficiario de un contrato predoctoral de la Junta de Andalucía subvención [DGP_PRED_2024_01907]. Este trabajo ha sido presentado en el 9th Workshop of International Legume Root Disease, que tuvo lugar en septiembre de 2023, en Granada.

Keywords: Complejo de especies de *Fusarium oxysporum*; Marchitez vascular; Leguminosas; Caracterización Molecular; SIX1; EF- α ; ITS.

Evaluación agronómica del nuevo sistema superintensivo de almendro en seto

Peña Enríquez, Paula, González Dugo, Victoria, Orgaz Rosúa, Francisco

Instituto de Agricultura Sostenible, Córdoba, España¹

El cultivo del almendro en España ha evolucionado desde sistemas tradicionales de secano a modelos intensivos y súper-intensivos, con más de 1.500 árboles por hectárea. Esta transición ha sido impulsada por la reducción de costos de recolección y el uso de portainjertos enanizantes. Sin embargo, aún se desconoce con precisión el rendimiento agronómico y las necesidades hídricas óptimas de estos sistemas. Este estudio tiene como objetivos: (i) determinar la productividad potencial del sistema, (ii) establecer las necesidades hídricas en condiciones no limitantes mediante la determinación del coeficiente de cultivo (Kc), y (iii) evaluar la respuesta del cultivo al riego deficitario para definir estrategias óptimas ante recursos hídricos limitados. Durante cuatro años, se realizará un experimento en una plantación comercial adulta en plena producción bajo cuatro tratamientos de riego: control, sobre-riego y dos niveles de riego deficitario (moderado y severo). Para abordar estos objetivos, se monitoriza el desarrollo fenológico, la radiación interceptada y su relación con la arquitectura del árbol y el rendimiento final para los árboles de cada uno de los tratamientos. Para estimar el Kc, se mide la transpiración mediante sondas de flujo de savia y la evapotranspiración (ET) con una torre de covarianza de torbellinos, así como medidas de balance hídrico del suelo mediante sonda de neutrones. Los resultados preliminares indican un Kc entre 0,9 y 0,95 con una cobertura del 45%. En comparación, estudios previos en California y España reportan un Kc de 1,15 para coberturas del 75%. Las investigaciones en curso durante los próximos años nos ayudarán a comprender mejor las diferencias entre ambos sistemas.

Keywords: almendro, seto, necesidades hídricas, evapotranspiración, coeficiente de cultivo

Este trabajo ha sido financiado por el Proyecto Qualifica, subvención [QUAL21_023 IAS] concedida por la Junta de Andalucía, y por el Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades (PID2022 138451OB-I00)

Identificación y caracterización de la resistencia a jopo (*Orobancha crenata*) en veza (*Vicia sativa*)

Z. Wohor^{1,2}, E. Barilli¹, O. Z. Wohor¹, D. Rubiales¹

¹Instituto de Agricultura Sostenible, CSIC, Córdoba, España

²CHIEAM-IAMZ, Zaragoza, España

La mejor estrategia y la más sostenible para controlar el impacto del jopo (*Orobancha crenata*, *Oc*) en veza (*Vicia sativa*) es mediante el uso de variedades resistentes. El objetivo de este estudio identificar fuentes de resistencia y marcadores moleculares

asociados a la resistencia para su uso en la mejora de la especie. Hemos fenotipado una colección de 284 accesiones de *V. sativa* en campo y en condiciones controladas,

revelando una clara diferencia en sus respuestas a *Oc*. El estudio de asociación del genoma completo (GWAS) ha permitido detectar 16 marcadores asociadas a resistencia a *Oc* y otros caracteres agronómicos localizados en los cromosomas 1 y 3. Se encontraron cuatro genes candidatos relacionados con marcadores significativos que influyen en la altura de las plantas, la biomasa y el ataque de *Oc*. Dos de los marcadores (Chr1_53478636 y Chr3_234556665) estaban vinculados a genes que participan en el dominio de unión al zinc de la transcriptasa inversa y la peptidasa dependiente del ATP. También los marcadores Chr1_198087995 y Chr1_41229316 estaban vinculados a genes implicados en la remodelación de la pared celular y la biosíntesis del ácido abscísico (ABA), que son fundamentales para regular el desarrollo de las plantas y su adaptación al estrés. Estos genes están implicados en los mecanismos de resistencia de *Oc* y valiosos para los caracteres agronómicos y la adaptación al estrés. Nuestros hallazgos ofrecen una base para piramidar alelos favorables con el fin de avanzar en la comprensión de la resistencia a *Oc* y mejorar los cultivares de *V. sativa*.

Este trabajo contó con el apoyo de los proyectos Horizon Europe BELIS [GA101081878] e IPMorama [GA 101135348] financiados por la Unión Europea, los Proyectos del Plan Nacional de Investigación CPP2022-009742 y RED2022-134237-T [MICIU/AEI/10.13039/501100011033] y el Proyecto Qualifica [QUAL21_023 IAS] de la Junta de Andalucía.

Keywords: veza, jopo, GWAS, genes candidatos

Potencial agronómico de los alberjones (*Vicia narbonensis* L.) en ambientes mediterráneos

M. Khiat¹, D. Rubiales¹, A. Villegas¹

¹ Instituto de Agricultura Sostenible, CSIC, 14080, Córdoba, España.

Vicia narbonensis L., conocida como alberjón, es una leguminosa tradicionalmente ignorada en la agricultura mediterránea, a pesar de su potencial estratégico en el contexto actual de cambio climático y crecimiento poblacional. Diversos estudios han demostrado su notable capacidad de adaptación a condiciones de sequía y altas temperaturas, así como su elevado rendimiento en zonas áridas de distintas regiones del mundo. Para explorar y aprovechar esta diversidad genética, se ha estudiado una colección de 231 genotipos, procedentes de distintos bancos de germoplasma internacionales, en ensayos de campo realizados durante las campañas 2021/2022 y 2023/2024 en Córdoba. El objetivo de nuestro trabajo es mejorar genéticamente esta especie para obtener variedades adaptadas al entorno mediterráneo, con alta producción y resistencia a diferentes estreses bióticos, como enfermedades o la planta parásita jopo (*Orobanche crenata*) una de las principales amenazas fitosanitarias en esta región. Los resultados preliminares muestran 9 genotipos que tienen un rendimiento agronómico prometedor, además de resistencia al jopo. Se avanza en un programa propio de cruzamientos y selección, así como en estudios de mapeo por asociación y selección genómica. Estos hallazgos posicionan a *V. narbonensis* como una alternativa viable y sostenible para diversificar los sistemas agrícolas mediterráneos y enfrentar los desafíos climáticos futuros.

Este trabajo ha sido financiado por los proyectos H2020-RADIANT y Horizon Europe BELIS financiados por la Unión Europea, los proyectos de la Agencia Estatal de Investigación RELEG y CPP2022-009742 [MICIU/AEI/10.13039/501100011033] y Proyecto Junta de Andalucía Qualifica [QUAL21_023 IAS]

Palabras clave: *Vicia narbonensis*, mediterráneo, cambio climático, resistencia a enfermedades.

Desarrollo de nuevas variedades de quinoa con mejores características agronómicas y nutricionales, resistencia a mildiu y tolerancia a sequía

S. Fondevilla¹, V. Cruz², A. Cañuelo¹, J. Matías²

¹Instituto de Agricultura Sostenible-CSIC, Córdoba, España

²Centro de Investigaciones Científicas y Tecnológicas de Extremadura (CICYTEX), Badajoz, España

En el Instituto de Agricultura Sostenible estamos llevando a cabo, en colaboración con CICYTEX, un programa de mejora genética de la quinoa que tiene como objetivo desarrollar nuevas variedades con mejores características agronómicas y nutricionales, resistencia a mildiu y tolerancia a sequía. Partimos de una colección de más de 300 entradas de quinoa proveniente de distintos países, que hemos evaluado para distintos caracteres agronómicos (fecha de floración y recolección, altura de planta, rendimiento), de calidad comercial (tamaño y color de semilla), de calidad nutricional (contenido en proteínas, ácidos grasos, tocoferoles y saponinas), resistencia a mildiu y tolerancia a sequía, durante varias campañas en Córdoba y Badajoz. Hemos identificado entradas con mejores valores para todos estos caracteres que las variedades que se siembran actualmente en España y las estamos cruzando para combinar varios caracteres de interés en una misma variedad. Para facilitar esta tarea, hemos secuenciado esta colección de quinoas y estamos identificando los genes implicados en estos caracteres y desarrollando marcadores moleculares asociados a ellos que nos permitan realizar una mejora asistida por marcadores. Estamos además realizando estudios encaminados a caracterizar los mecanismos de resistencia a mildiu y tolerancia a la sequía presente en estas entradas.

Este trabajo ha sido financiado por los proyectos Qualifica, subvención [QUAL21_023 IAS] y P18-TP-592, concedidos por la Junta de Andalucía, y los proyectos PID2019-103978RB-I00 and PID2022-140238OB-I00 concedidos por el Ministerio de Ciencia e Innovación.

Keywords: quinoa, mejora genética, mildiu, calidad nutricional, tolerancia a sequía

Carinata como cultivo energético

L. Velasco¹, B. Pérez-Vich¹

¹Instituto de Agricultura Sostenible (IAS-CSIC), Córdoba, España

La carinata o mostaza etíope (*Brassica carinata* A. Braun) es un cultivo emergente con gran potencial para la producción de biocombustibles en la región mediterránea, donde muestra una excelente adaptación, un elevado rendimiento potencial y una amplia resistencia a enfermedades y a la dehiscencia de semillas en comparación con la colza (*B. napus* L.), especie con la que está estrechamente emparentada. En el IAS-CSIC desarrollamos desde hace años un programa de mejora genética que ha permitido generar germoplasma con mejoras significativas en la calidad del aceite y de la semilla —incluyendo perfiles modificados de ácidos grasos, tocoferoles y glucosinolatos— así como variedades comerciales destinadas a la producción de biocombustibles. Actualmente, nuestras principales líneas de investigación se centran en el desarrollo de variedades de ciclo corto, para integrar la carinata como cultivo intermedio, y en el aumento del contenido en aceite de la semilla, con el fin de mejorar la rentabilidad del cultivo.

Este trabajo ha sido parcialmente financiado por el Proyecto Qualifica, subvención [QUAL21_023 IAS] concedida por la Junta de Andalucía, y Bioalazor Innovaciones S.L.

Perspectivas genómicas sobre la adaptación de la avena a climas mediterráneos mediante análisis de asociación ambiental.

B. Rojas¹, F.J. Canales¹, G. Montilla-Bascón¹, W. Bekele², T. Langdon³, C. Howarth³, N. Rispaill¹, E.Prats¹

¹CSIC, Institute for Sustainable Agriculture, Córdoba, Spain

² Ottawa Research and Development Centre, Agriculture and Agri-Food Canada, Ottawa, Canada

³Institute of Biological, Environmental and Rural Sciences, Aberystwyth Univ., Aberystwyth, UK

La adaptación de la agricultura al cambio climático es uno de los mayores retos actuales, ya que la seguridad alimentaria global depende de cultivos capaces de rendir bajo condiciones agroclimáticas presentes y futuras. La genómica del paisaje ofrece un enfoque innovador para estudiar cómo la variabilidad ambiental influye en la diferenciación genómica, permitiendo identificar los factores ambientales que impulsan la adaptación genética y los mecanismos implicados. Esta metodología es especialmente útil para rastrear la difusión histórica de cultivos en zonas mediterráneas y detectar marcadores SNP asociados a adaptaciones específicas como la altitud o la proximidad al mar. Este estudio investiga los cambios genéticos responsables de la adaptación de la avena a climas mediterráneos mediante genómica del paisaje. Se analizó una colección diversa de 546 variedades tradicionales (landraces) de avena procedentes de distintas regiones mediterráneas, caracterizadas por país de origen, coordenadas geográficas y altitud. El genotipado por secuenciación permitió identificar 17.288 SNPs polimórficos. Este conjunto de datos facilitó estudios de diversidad genética, asociaciones genómicas (GWAS) y predicción genómica, destacando la alta diversidad de la colección y su valor para estudios genéticos. A partir de este conocimiento, se profundiza en la comprensión de la adaptación de la avena a condiciones mediterráneas. Los resultados contribuirán a programas de mejora vegetal mediante la identificación de marcadores moleculares útiles para seleccionar variedades de avena adaptadas a climas mediterráneos, reforzando así la resiliencia agrícola frente al cambio climático.

"Este trabajo ha sido financiado por el Proyecto Qualifica, subvención [QUAL21_023 IAS] concedida por la Junta de Andalucía, por el proyecto [PID2022-142574OB-I00] otorgada por el MICIU/AEI /10.13039/501100011033. BR es beneficiario del Mecanismo de Recuperación y Resiliencia de la Unión Europea—Next Generation, en el marco de la Convocatoria General de la entidad pública empresarial Red.es del Gobierno de España para participar en programas de atracción y retención de talento dentro de la Inversión 4 del Componente 19 del Plan de Recuperación, Transformación y Resiliencia [MMT24-IAS-01].

Estudio de las avenantramidas como biomarcadores funcionales en nutrición y resistencia a enfermedades en avena.

Elena Prats¹, Besma Sghaier-Hammami², Sofiene B.M. Hammami², Gracia Montilla-Bascón¹

¹CSIC, Institute for Sustainable Agriculture, Córdoba, Spain

²National Agronomic Institute of Tunisia, University of Cartage

Las avenantramidas (AVNs) son compuestos polifenólicos exclusivos de la avena, reconocidos por sus propiedades antioxidantes y antiinflamatorias, que benefician tanto la calidad del grano como la salud humana. Aunque su función antioxidante está bien documentada, su papel en la defensa de la avena frente al oídio (*Blumeria graminis* f. sp. *avenae*) es poco conocido. Comprender su implicación en la resistencia es clave para desarrollar variedades más resistentes y mejorar la seguridad alimentaria. Este estudio evaluó cinco genotipos de avena (Orblanche, Saia, Selma, Cory y Charming) con diferentes respuestas al oídio. Se analizaron mecanismos celulares como la formación de papilas y la muerte celular programada tras la infección, y se cuantificaron las AVNs en plantas sanas e infectadas. Se emplearon microscopía de fluorescencia y cromatografía líquida de alta resolución (HPLC) para correlacionar respuestas celulares y niveles de AVNs. Los resultados mostraron diferencias notables en los mecanismos de resistencia: Selma fue el más susceptible, Saia destacó por su resistencia basada en la formación de papilas, y Cory, Charming y Orblanche combinaron resistencia por penetración y respuesta hipersensible. Saia presentó altos niveles de AVN-C de forma constitutiva, mientras que la infección indujo AVN-A y AVN-B en los genotipos resistentes. Se observó una correlación positiva entre AVNs y formación de papilas. Estos hallazgos sugieren que las AVNs participan en las defensas tempranas, reforzando la pared celular y limitando la penetración del patógeno, lo que aporta información valiosa para la mejora genética y el manejo de enfermedades en avena.

"Este trabajo ha sido financiado por el Proyecto Qualifica, subvención [QUAL21_023 IAS] concedida por la Junta de Andalucía, por el proyecto [PID2022-142574OB-I00] otorgada por el MICIU/AEI /10.13039/501100011033, el programa Ramón y Cajal [RYC2022-037656-I], y el programa i-COOP [COOPB23018].

Identificación de regiones genómicas asociadas a la resistencia a la roya de la corona en avena.

F. J. Canales¹, W. A. Bekele², C. Howarth³, T. Langdon³, N. Rispaïl¹, G. Montilla-Bascón¹, and E. Prats¹

¹CSIC, Institute for Sustainable Agriculture, Córdoba, Spain

²Ottawa Research and Development Centre, Agriculture and Agri-Food Canada, Ottawa, Canada

³Institute of Biological, Environmental and Rural Sciences, Aberystwyth Univ., Aberystwyth, UK

La avena es un cultivo de gran importancia agrícola, especialmente en la región mediterránea, donde forma parte esencial de la alimentación humana y animal. Sin embargo, el clima mediterráneo, con veranos cálidos y secos e inviernos suaves y húmedos, plantea desafíos importantes para su cultivo. Uno de los principales es la roya coronada, una enfermedad fúngica causada por *Puccinia coronata* f. sp. *avenae*, que puede reducir significativamente los rendimientos. Los estudios de asociación a nivel del genoma (GWAS) permiten identificar marcadores genéticos asociados con la resistencia a esta enfermedad, facilitando el desarrollo de variedades resistentes. En este estudio, se utilizó una colección de 709 variedades tradicionales y comerciales de avena mediterránea, genéticamente diversas y fenotipadas en campo para resistencia a la roya de la corona en distintos entornos mediterráneos. El análisis GWAS permitió identificar secuencias genómicas cercanas a genes clave potencialmente implicados en la resistencia. Entre los marcadores más relevantes se encontraron una proteína F-box con repeticiones LRR (relacionada con degradación proteica y reconocimiento de patógenos), una proteína de resistencia tipo RGA5 (implicada en respuestas de defensa) y una proteína tipo kinesina (asociada al transporte intracelular). La proximidad de estos genes a los marcadores identificados sugiere su posible papel en la resistencia a la roya coronada. Estos resultados proporcionan objetivos prometedores para futuras investigaciones y programas de mejora genética enfocados en el desarrollo de variedades de avena adaptadas al clima mediterráneo y resistentes a enfermedades..

"Este trabajo ha sido financiado por el Proyecto Qualifica, subvención [QUAL21_023 IAS] concedida por la Junta de Andalucía, por el proyecto [PID2022-142574OB-I00] otorgada por el MICIU/AEI /10.13039/501100011033.

Evaluación del efecto del compost en un suelo altamente degradado sobre cubiertas vegetales, girasol y *Orobanche cumana*

Domínguez Carmona, Ana¹; Gómez, José Alfonso¹; Molinero Ruiz, Leire¹

¹*Instituto de Agricultura Sostenible (IAS-CSIC), Avenida Menéndez Pidal s/n, 14004 Córdoba, España*

En este trabajo se evaluó el efecto de tres compost (residuos de la industria del olivo, CO; residuos de cultivos hortícolas de invernadero, CH; y gallinaza, CG) sobre un suelo degradado, en el desarrollo de *Brachypodium distachyon* L., *Bromus rubens* L., *Lolium multiflorum*, *Anthemis arvensis* L. y girasol (objetivo 1). También se estudió el efecto de CO sobre la infección de girasol por *Orobanche cumana* (jopo) (objetivo 2). El objetivo 1 se abordó mediante un experimento de macetas en umbráculo durante 7 (cubiertas vegetales) y 5 meses (girasol). La aplicación de CG a dosis alta retrasó la emergencia de Bromus, mientras que la dosis alta de los tres compost hizo lo mismo con *Brachypodium*. También se observó un aumento significativo ($p < 0.05$) de la biomasa en las cuatro especies de cubierta vegetal en presencia de CG. En el caso del girasol, solo se observaron diferencias al utilizar la dosis alta de CG, que inhibió la germinación debido a su posible fitotoxicidad.

En el objetivo 2, se estableció un experimento en campo con un diseño aleatorio con 3 repeticiones, y compost CO en tres dosis: C0 (sin enmienda), C1 (10 t/ha) y C2 (30 t/ha). En cada parcela experimental se enterraron dos bolsas con semillas de *O. cumana*, que se extrajeron 12 (E1) y 16 (E2) meses después. La viabilidad de las semillas de jopo se evaluó como porcentaje de germinación en presencia de semillas de la variedad de girasol B117 y estrigolactona a 0.01 ppm durante 21 días a 23 °C [1]. La germinación se evaluó al microscopio, observando un incremento significativo ($p < 0.05$) de la germinación de las semillas enterradas en campo respecto a las semillas almacenadas en condiciones de laboratorio. La infectividad de *O. cumana* se determinó en dos experimentos en macetas en invernadero (20-25 °C y 12-14 h día/noche) durante 3 meses, sembrando semillas de B117 en suelo con semillas de jopo (E1 y E2). Las primeras semillas extraídas (E1), han aumentado su infectividad respecto a las semillas que no estuvieron enterradas en el campo (mayor número de jopos y nódulos y menor altura de las plantas); mientras que las semillas de la segunda extracción (E2), no han presentado ninguna diferencia entre tratamientos.

[1] Domínguez Carmona et al. (Septiembre, 2023). Uso de compost para la mejora de la salud del suelo. Estudio preliminar sobre su efecto en la germinación de *Orobanche cumana*. 4ª Reunión del Grupo FitoRes, SEF. Alcalá del Río, Sevilla.

Este trabajo ha sido financiado por los proyectos Qualifica (Junta de Andalucía, QUAL21_023 IAS), CROPINNO (Horizon Europe Widera 2021 Programme), y202340E105 (CSIC).

Keywords: enmienda orgánica, *Helianthus annuus* L., cobertura vegetal, patógeno.

Caracterización del compost y evaluación de su efecto sobre *Verticillium dahliae*

Domínguez Carmona, Ana¹; Gómez, José Alfonso¹; Molinero Ruiz, Leire¹; Núñez Sánchez, Nieves²

¹Instituto de Agricultura Sostenible (IAS-CSIC), Avenida Menéndez Pidal s/n, 14004 Córdoba, España

²Departamento de Producción Animal, Universidad de Córdoba, Campus Rabanales, Ctra Nacional IV-km 396, 14071 Córdoba, España

El compostaje es una solución eficaz para aprovechar los subproductos agrícolas y ganaderos, aportando, a su vez, enmiendas orgánicas que benefician la salud del suelo. El primer objetivo de este trabajo es desarrollar un modelo que permita predecir la estabilidad de la composición de los compost mediante espectroscopía de infrarrojo cercano (NIRS). Actualmente estamos estudiando la evolución de compost procedente de la industria del olivo (CO), mediante análisis físico-químico (humedad, materia orgánica, relación C/N, etc.) y NIRS, para evaluar la heterogeneidad de muestras de diferente estado de maduración.

El segundo objetivo es evaluar el efecto de tres compost (residuos de la industria del olivo, CO; residuos de cultivos hortícolas de invernadero, CH; y gallinaza, CG), seis meses tras su aplicación en el suelo, sobre *Verticillium dahliae* (verticilosis de girasol). Para ello, se ha llevado a cabo un experimento en macetas durante ocho semanas en invernadero (20-25 °C y 12-14 h día/noche) utilizando plantas de los genotipos susceptibles B117 y RHA 340. Las plantas se han inoculado por inmersión de las raíces en una suspensión de conidias [1] del aislado VdS0113. La severidad de los síntomas (SS) se ha registrado semanalmente durante cinco semanas como porcentaje de tejido foliar afectado. Ambas dosis de los tres tipos de compost han reducido significativamente los síntomas en RHA 340 en comparación con el control no inoculado. Al final del experimento, hemos observado que el compost de gallinaza ha aumentado la altura y biomasa radicular de RHA 340, así como la biomasa aérea de ambos genotipos. Además, la biomasa radicular de B117 se ha visto incrementada con la aplicación de la enmienda procedente de cultivos hortícolas (CH).

[1] Martín-Sanz A, Rueda S, García-Careros AB, González-Fernández S, Miranda-Fuentes P, Castuera-Santacruz S and Molinero-Ruiz L (2018) Genetics, Host Range, and Molecular and Pathogenic Characterization of *Verticillium dahliae* From Sunflower Reveal Two Differentiated Groups in Europe. *Front. Plant Sci.* 9:288. doi: 10.3389/fpls.2018.00288

Este trabajo ha sido financiado por los proyectos Qualifica (Junta de Andalucía, QUAL21_023 IAS), CROPINNO (Horizon Europe Widera 2021 Programme), PID2023-146177OB-C21, 202340E105 y 202540E049 (CSIC).

Keywords: enmienda orgánica, espectroscopía NIRS, *V. dahliae*, girasol.

Caracterización del compost y evaluación de su efecto sobre *Orobanche cumana*

Domínguez Carmona, Ana¹; Gómez, José Alfonso¹; Molinero Ruiz, Leire¹; Núñez Sánchez, Nieves²

¹Instituto de Agricultura Sostenible (IAS-CSIC), Avenida Menéndez Pidal s/n, 14004 Córdoba, España

²Departamento de Producción Animal, Universidad de Córdoba, Campus Rabanales, Ctra Nacional IV-km 396, 14071 Córdoba, España

El compostaje es una solución interesante para aprovechar los subproductos agrícolas y ganaderos, además de los beneficios que aportan a los suelos. Actualmente estamos estudiando la evolución en el tiempo de tres compost (residuos de la industria del olivo, CO; residuos de cultivos hortícolas de invernadero, CH; y gallinaza, CG), mediante análisis físico-químicos (humedad, materia orgánica, relación C/N, etc.) y espectroscopía de infrarrojo cercano (NIRS). Nuestro objetivo es crear un modelo para predecir la estabilidad de los compost a partir del espectro NIRS.

Mediante un experimento de campo se ha evaluado el efecto del compost CO sobre la infección del girasol por *Orobanche cumana* (jopo). El experimento tiene un diseño aleatorio con tres repeticiones, y compost CO en tres dosis: C0 (sin enmienda), C1 (10 t/ha) y C2 (30 t/ha). En cada parcela experimental, se enterró una bolsa con semillas de jopo y se extrajo 12 meses después.

La viabilidad de las semillas de jopo se evaluó como porcentaje de germinación en presencia de semillas de la variedad de girasol B117 y estrigolactona a 0.01 ppm durante 21 días a 23 °C [1]. La germinación se evaluó al microscopio, observando un incremento significativo ($p < 0.05$) de la germinación de las semillas enterradas en campo respecto a las semillas almacenadas en condiciones de laboratorio.

La infectividad de *O. cumana* se determinó en un experimento en macetas en invernadero a 20-25 °C y fotoperiodo de 12-14 h (día/noche), durante 12 semanas. Se sembraron semillas de B117 en suelo con semillas de jopo extraídas del campo. Al final del experimento, se ha observado un incremento de la infectividad de las semillas extraídas del campo (mayor número de jopos y nódulos y menor altura de las plantas).

[1] Domínguez Carmona et al. (Septiembre, 2023). Uso de compost para la mejora de la salud del suelo. Estudio preliminar sobre su efecto en la germinación de *Orobanche cumana*. 4ª Reunión del Grupo FitoRes, SEF. Alcalá del Río, Sevilla.

Este trabajo ha sido financiado por el Proyecto Qualifica, subvención [QUAL21_023 IAS] concedida por la Junta de Andalucía y por el Proyecto CROPINNO (Stepping up Scientific Excellence and Innovation Capacity for Climate-Resilient Crop Improvement and Production, Grant ID No 101059784).

Keywords: enmienda orgánica, espectroscopía NIRS, jopo, girasol, viabilidad, infectividad.

Póster presentado en CIRMAT24 CIRCularidad para un Mundo Abierto y Transversal, celebrado los días 17 y 18 de octubre de 2024 en Santa Cruz de Tenerife.

Evaluación del efecto del compost añadido a un suelo agrícola en condiciones naturales sobre *Orobanche cumana*

Domínguez Carmona, Ana¹; Gómez, José Alfonso¹; Molinero Ruiz, Leire¹

¹Instituto de Agricultura Sostenible (IAS-CSIC), Avenida Menéndez Pidal s/n, 14004 Córdoba, España

Orobanche cumana (jopo) es una planta holoparásita de raíces de girasol que limita la producción de aceite. El objetivo de este trabajo es evaluar el efecto del compost procedente de la industria del olivo sobre un suelo agrícola muy degradado en la infección del girasol por *O. cumana*.

Se ha establecido un experimento de campo con un diseño aleatorio con tres repeticiones compost en tres dosis: C0 (sin enmienda), C1 (10 t/ha) y C2 (30 t/ha). En cada parcela experimental se enterraron dos bolsas con semillas de *O. cumana*. Las bolsas se extrajeron 12 (E1) y 16 (E2) meses después y se evaluó su viabilidad e infectividad.

La viabilidad de semillas de *O. cumana* se estudió en condiciones in vitro [1]. Las semillas se pusieron en contacto con una semilla susceptible de girasol (B117) y estrigolactona a 0.01 ppm durante 21 días a 23 °C. Posteriormente, se evaluó al microscopio la germinación de las semillas de *O. cumana*, observando un incremento significativo ($p < 0.05$) de la germinación de las semillas enterradas en campo respecto a las semillas almacenadas en condiciones de laboratorio.

La infectividad de *O. cumana* se determinó en dos experimentos en macetas en invernadero (20-25 °C y 12-14 h día/noche), durante 12 semanas. Se sembraron semillas de B117 en suelo con semillas de jopo (E1 y E2). Las primeras semillas extraídas (E1), han aumentado su infectividad respecto a las semillas que no estuvieron enterradas en el campo (mayor número de jopos y nódulos y menor altura de las plantas); mientras que las semillas de la segunda extracción (E2), no han presentado ninguna diferencia entre tratamientos.

[1] Domínguez Carmona et al. (Septiembre, 2023). Uso de compost para la mejora de la salud del suelo. Estudio preliminar sobre su efecto en la germinación de *Orobanche cumana*. 4ª Reunión del Grupo FitoRes, SEF. Alcalá del Río, Sevilla.

Este trabajo ha sido financiado por el Proyecto Qualifica (Junta de Andalucía, QUAL21_023 IAS).

Keywords: viabilidad, infectividad, jopo, girasol, suelo degradado, enmienda orgánica.

Póster presentado en el XXI Congreso de la Sociedad Española de Fitopatología, celebrado los días 16, 17, 18 y 19 de septiembre de 2024 en Córdoba.

Evaluación de la actividad fitotóxica de metabolitos secundarios de *Aphanomyces euteiches* en leguminosas

G. Escudero¹, D. Rubiales¹, M. Masi², A. Cimmino², P. Reveglia³, S. Rodríguez-Mena¹, M. González¹

¹ Instituto de Agricultura Sostenible –CSIC, Córdoba, España

² Dipartimento di Scienze Chimiche, Università di Napoli Federico II, Nápoles, Italia

³ Department of Clinical and Experimental Medicine, University of Foggia, Foggia, Italia

Los metabolitos secundarios desempeñan un papel crucial en las interacciones planta–patógeno, aunque su conocimiento en oomicetos es limitado. Este es el caso de *Aphanomyces euteiches*, causante de la podredumbre radical en diversas leguminosas. Por ello, en este trabajo se evaluó la actividad fitotóxica de extractos de *A. euteiches* para aportar nuevas evidencias sobre el papel de sus metabolitos.

El aislado RB84 de *A. euteiches* se cultivó en placas de Petri con PDA y CMA durante 10 días a 24 °C en oscuridad. El material se liofilizó, filtró, purificó e identificó preliminarmente mediante TLC. Para el bioensayo, se aplicó una gota de 10 µL de cada extracto a concentraciones de 0,5; 1 y 2 mg/mL sobre foliolos de cinco leguminosas (guisante, lenteja, almorta, veza y haba), en agar-agua al 1%. Tras 5 días de incubación, el daño se cuantificó mediante análisis digital de imágenes.

El análisis químico indicó la presencia de esteroides en ambos medios, aunque los extractos de PDA mostraron mayor diversidad y produjeron daños significativamente superiores a los de CMA. Además, se observó un aumento del daño según la concentración y la especie. Guisante y lenteja fueron las más sensibles, almorta mostró respuesta intermedia y veza y haba no presentaron daños.

En conjunto, estos resultados confirman que los metabolitos de *A. euteiches* contribuyen a su virulencia y ponen de manifiesto la importancia de caracterizarlos en detalle para identificar biomarcadores asociados a la infección y apoyar programas de mejora genética orientados a seleccionar variedades más resistentes.

Este trabajo ha sido financiado por el proyecto del Plan Nacional de Investigación PID2023-146215OB-I00 [MICIU/AEI/10.13039/501100011033] y el Proyecto de la Junta de Andalucía Qualifica [QUAL21_023 IAS]

Keywords: Leguminosas, Podredumbre radical, Oomicetos, Compuestos bioactivos, Toxicidad foliar

Programa de mejora de soja de secano en el IAS-CSIC

O. Z. Wohor, Yulia Kobayrenko & D. Rubiales

CSIC- Institute for Sustainable Agriculture, Córdoba, Spain

La soja (*Glycine max*) es una legumbre de importancia mundial muy apreciada por su alto contenido en proteínas y aceite, con aplicaciones en la alimentación humana, la alimentación animal y como alternativa sostenible a las proteínas animales. Tradicionalmente considerada un cultivo tropical, la soja se adapta bien a los veranos templados, pero en España se cultiva en gran medida bajo riego—un sistema cada vez más amenazado por el cambio climático y la disminución de la disponibilidad de agua. Por lo tanto, el desarrollo de variedades de soja de secano adaptadas a las condiciones mediterráneas favorecerá una producción de proteínas más sostenible en el contexto del cambio climático para garantizar la seguridad alimentaria futura y reducir las importaciones.

Una barrera importante es la fuerte sensibilidad de la soja al fotoperíodo, que limita la floración y el rendimiento en las zonas templadas. Para abordar este problema, el programa de mejora genética del IAS-CSIC tiene como objetivo desarrollar variedades de soja de secano en siembra extratemprana para aprovechar las lluvias invernales. En la fase previa al mejoramiento se evaluaron inicialmente 500 accesiones, de las cuales el 3 % mostró adaptación al fotoperíodo de día corto, floreciendo en abril. Estas se cruzaron con líneas de mejora avanzadas y se generaron 20 combinaciones prometedoras mediante la selección de pedigrí. Desde entonces, se han seleccionado las progenies en función de la adaptación al fotoperíodo, los atributos agronómicos y la estabilidad del rendimiento en los periodos de siembra comprendidos entre mediados de febrero y mediados de marzo, en múltiples años y ambientes (2019-2024). Se dispone de 8 líneas avanzadas con rendimiento entre 2.5 a 3.5 ton/ha en condiciones de estricto secano en siembras tempranas en Córdoba.

Agradecimientos: Este trabajo ha sido financiado por un contrato CSIC-SINENTA, y por los proyectos europeos H2020-RADIANT [101000622], Horizonte Europa BELIS [GA101081878], español RELEG [RED2022-134237-T] y andaluz Qualifica [QUAL21_023 IAS]

Establecimiento de un Modelo que permita la certificación de créditos de carbono por el uso de Abono Orgánico e impulso a la implantación de prácticas de Agricultura Regenerativa

Guéry Sébastien¹, Pascual Fernando¹, Veroz Oscar², Luque Fernando³

¹: Gabinete de Iniciativas Europeas S.L., Sevilla (España)

²: Asociación Española de Agricultura de Conservación – Suelos Vivos, Córdoba (España)

³: REALIMA S.L., Sevilla (España)

Objetivo. Desarrollar y validar un modelo operativo para la certificación de créditos de carbono en agricultura (04/2023–06/2025, Andalucía) mediante la sustitución de fertilizantes minerales por abonos orgánicos y la adopción de prácticas regenerativas, con soporte digital para trazabilidad.

Métodos. Un consorcio (GIESA—coordinación, REALIMA, Univ. de Córdoba, AEACSV y Campo de Tejada S.C.A.) implementó ensayos en dos fincas comerciales de secano. Los tratamientos incluyeron aplicación de digestato, no laboreo y siembra directa; los testigos siguieron manejo convencional. Se monitorizaron suelos y cultivos con analíticas, sensores in situ y teledetección. El cálculo de huellas se realizó integrando CFT, Fertliscalc y AGZOOM. Se desarrolló la plataforma CARBO AGRÍ para registrar prácticas, integrar datos y emitir evidencias compatibles con CUE/SIEX. El esquema metodológico se alineó con ISO 14064, con protocolos de validación, verificación y trazabilidad.

Resultados. Frente a los testigos, las prácticas evaluadas redujeron ~40% las emisiones de GEI (CO₂e) y aumentaron el carbono del suelo en ~1 t C ha⁻¹ año⁻¹, manteniendo rendimientos y reduciendo costes directos. La plataforma permitió cálculos reproducibles y generación automatizada de documentación. El análisis económico sugiere ahorros por insumos/labores y un potencial ingreso de 20–40 € ha⁻¹ al valorizar 8–15 € t⁻¹ CO₂e.

Conclusiones. CARBOAGRI demuestra la viabilidad técnica, económica y con trazabilidad de un esquema de certificación de carbono agrícola basado en prácticas regenerativas, aportando una herramienta digital operativa y un marco alineado con ISO 14064 para su escalado. El proyecto fue reconocido con la “Estrella de Oro de Andalucía” por su innovación e impacto.

Agradecimientos: Proyecto realizado gracias a las subvenciones dirigidas al funcionamiento de grupos operativos de la AEI gestionadas por la Junta de Andalucía – Convocatoria 2022.

'Iskyri' y 'Kypello': variedades protegidas de *Brachypodium* obtenidas en el IAS

Pilar Hernandez¹, Jesús Guillén-Jurado¹, Maria Auxiliadora Soriano², Jose Alfonso Gómez Calero¹

¹Instituto de Agricultura Sostenible (IAS), Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), Alameda del Obispo s/n, 14004 Córdoba, Spain

²Departamento de Agronomía, Universidad de Córdoba, Córdoba, Spain

Existe una creciente demanda de variedades vegetales herbáceas que puedan proporcionar servicios ecosistémicos en los sistemas agrícolas. Estas cubiertas vegetales temporales protegen el suelo y contribuyen a la retención de humedad durante su desarrollo y crecimiento en otoño-invierno. Terminan su ciclo al principio de la primavera, minimizando así el riesgo de competición por el agua con el cultivo leñoso principal. En este contexto, las especies de *Brachypodium* *B. hybridum* y *B. distachyon*, son prometedoras y se utilizan en la actualidad como cubiertas vegetales en olivo y otras leñosas.

Pero no ha sido este el origen del interés en *Brachypodium* por parte de la comunidad científica. Durante más de dos décadas se ha utilizado como modelo genómico para cereales, así como modelo de investigación de cultivos bioenergéticos. Para esa primera aplicación se iniciaron los trabajos en el IAS en estas especies, recolectando materiales silvestres que fueron la base para el desarrollo de las actuales variedades protegidas. En la actualidad, se está analizando la fenología de estas líneas en distintos ambientes mediterráneos naturales y condiciones semicontroladas para comprobar la respuesta fenológica a estrés térmico e hídrico. Esto ha permitido detectar diferencias de fenología entre variedades y calibrar un modelo fenológico basado en temperaturas que se ajuste a las diferentes zonas y condiciones de estudio. Las variedades autóctonas 'Iskyri' y 'Kypello' se están comercializando en la actualidad en mezclas de gramíneas, utilizándose en agricultura como cubiertas vegetales, como tapizante para uso deportivo (campos de golf), para usos medioambientales (control de erosión en taludes) y paisajísticos (parques).

"Este trabajo ha sido financiado por el Proyecto Qualifica, subvención [QUAL21_023 IAS] concedida por la Junta de Andalucía, el proyecto TED2021-131496B-C22 (BRACHYCOVER) financiado por MICIU/AEI/ 10.13039/501100011033, y el proyecto 'European Union NextGenerationEU/PRTR'".

Keywords: *Brachypodium*, cubierta vegetal, Iskyri, Kypello

Mejora de habas por resistencia a *Orobanche crenata*.

A. Sadok, D. Rubiales, Á. Villegas

Instituto de Agricultura Sostenible, Córdoba, España.

El jopo (*Orobanche crenata* Forssk.) es una planta parásita que limita severamente el cultivo de las habas (*Vicia faba* L.) en la región mediterránea, pudiendo causar pérdidas de rendimiento de hasta el 95% (Rubiales et al. 2006). La obtención de genotipos resistentes es crucial para la sostenibilidad del cultivo. En este estudio, se evaluaron 324 genotipos de haba durante cinco campañas (2020-2025) bajo un diseño en bloques completos al azar en dos condiciones contrastantes: suelos libres de jopo y campos con infestación elevada. Se midieron parámetros fenológicos, agronómicos y de resistencia. Los resultados revelaron una amplia variabilidad genética en la respuesta al parasitismo. La infestación por jopo mostró un impacto adverso significativo en todos los caracteres agronómicos estudiados. Se identificaron genotipos altamente resistentes que combinaron una baja incidencia del parásito con un alto potencial de rendimiento, incluso bajo condiciones de infestación severa. Estos genotipos demostraron una estabilidad fenotípica a lo largo de múltiples ambientes y campañas, posicionándose como candidatos excepcionales para programas de mejora genética. Este trabajo proporciona fuentes de resistencia valiosas y sienta las bases para el desarrollo de variedades resilientes que contribuyan a la seguridad alimentaria en las regiones afectadas por esta planta parásita.

Este trabajo ha sido financiado por el los proyectos H2020-RADIANT y Horizon Europe BELIS financiados por la Unión Europea, el proyecto PRIMA-DIVICIA, los proyectos de la Agencia Estatal de Investigación RELEG y CPP2022-009742 [MICIU/AEI/10.13039/501100011033] y Proyecto Qualifica [QUAL21_023 IAS] y el contrato predoctoral DGP_PRED_2024_02562 de la Junta de Andalucía

Palabras claves: *Vicia faba*, jopo, Estabilidad de rendimiento.

The BEXYL project: Beyond *Xylella*, Integrated Management Strategies for Mitigating *Xylella fastidiosa* impact in Europe

Miguel Román-Écija, Concepción Olivares-García, M. Pilar Velasco-Amo, Luis F. Arias-Giraldo, Valle Egea-Cobrero, Rocío Calderón, Giovana P.F. Macan, Juan C. Rivas-Romero, Fátima Z. Benhalima, Guillermo León-Ropero, José L. Trapero- Casas, Javier Rojas, Luis Moll, Carmen Haro, Lucía Alonso-Villar, Cristina Domínguez-Calero, Ana Sánchez-Montero, Juan A. Navas-Cortés, Blanca B. Landa.

Instituto de Agricultura Sostenible (IAS), Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC). Av. Menéndez Pidal s/n. 14004 Córdoba, Córdoba

El proyecto BeXyl, financiado por Horizon Europe, adopta un enfoque multi-actor para impulsar la investigación y la innovación frente a *Xylella fastidiosa* (Xf), plaga prioritaria en la Unión Europea. Su objetivo es ofrecer soluciones interdisciplinarias y generar impactos concretos en cultivos leñosos clave, especialmente en el olivo. Las principales metas son: i) reforzar las capacidades de prevención, monitoreo y respuesta ante Xf; ii) potenciar las estrategias de control, con especial énfasis en enfoques biológicos; y iii) proporcionar apoyo científico a las políticas fitosanitarias de la UE y de países asociados, en línea con la nueva Ley de Sanidad Vegetal. En el Instituto de Agricultura Sostenible (IAS-CSIC) trabajamos en varios objetivos dentro del sistema patógeno olivo-Xf: evaluar el riesgo de nuevos brotes en escenarios de cambio climático; mejorar los métodos de inspección y vigilancia mediante nuevas herramientas moleculares, teledetección y fenotipado; asegurar la sanidad del material de propagación con tratamientos térmicos; restaurar áreas afectadas mediante la selección de variedades más tolerantes; y desarrollar herramientas de gestión como sistemas de apoyo a la decisión y protocolos de manejo integrado de plagas, incorporando el control de vectores e innovaciones biológicas basadas en comunidades microbianas sintéticas. BeXyl también aborda dimensiones ecológicas y socioeconómicas para facilitar la adopción de estrategias de manejo y fomentar la transición hacia una agricultura y silvicultura sostenibles, resilientes y saludables. En coherencia con el Pacto Verde Europeo, el proyecto refuerza la preparación frente a crisis y contribuye a mitigar la propagación de Xf, apoyando la productividad de los sectores agrícola y forestal.

Keywords: MIP, olivo, evaluación de riesgos, socioeconomía, vigilancia, vectores.

Este trabajo ha sido financiado por el Proyecto Bexyl Beyond Xylella (Grant ID 101060593,EU-Horizon Europe) y el Proyecto Qualifica, subvención [QUAL21_023 IAS] concedida por la Junta de Andalucía.



NOTAS

www.ias.csic.es/investigacion/proyecto-de-centro-qualifica/



Agradecimiento:



Diputación de Córdoba