

CONGRESO IBÉRICO DE LEGUMINOSAS

BASES DE LA SOSTENIBILIDAD
AGRÍCOLA Y ALIMENTARIA



<https://fgulem.unileon.es/conlegleon>

LIBRO DE RESÚMENES



INSTITUCIONES COLABORADORAS



universidad
de león



DIPUTACIÓN
DE LEÓN

PATROCINADORES

Patrocinador ORO:



Patrocinador Plata:



Patrocinadores Bronce:





COMITÉ ORGANIZADOR

Pedro Casquero Luelmo, *Catedrático Universidad de León.*

Carlos Polanco de la Puente, *Profesor Titular Universidad de León.*

José Carlos Jiménez López, *Científico Titular CSIC, Granada y Presidente AEL.*

María Teresa Marcos Prado, *Técnico I+D+i, INIA-CSIC, Madrid y Vicepresidenta AEL.*

Eva del Rio Alija, *Directora Técnica Consejo Regulador I.G.P. Alubia de La Bañeza-León, y vocal de la AEL.*

Santiago Gutiérrez Martín, *Catedrático Universidad de León.*

José Benito Valenciano Montenegro, *Profesor Titular Universidad de León.*

Alicia Lorenzana De La Varga, *Profesor Titular Universidad de León.*

María Piedad Campelo Rodríguez, *Profesor Contratado Doctor Universidad de León.*

Álvaro Rodríguez González, *Profesor Contratado Doctor Universidad de León.*

Sara Mayo Prieto, *Profesor Contratado Doctor Universidad de León.*

Guzmán Carro Huerga, *Profesor Ayudante Doctor, Universidad de León.*

Pedro García García, *Profesor Titular Universidad de León.*

Luis Enrique Sáenz De Miera Carnicer, *Catedrático Universidad de León.*

Ana Isabel González Cordero, *Profesora Contratada Doctora, Universidad de León.*

María Muñoz Amatriaín, *Investigadora distinguida Beatriz Galindo senior, Universidad de León.*

Juan José Gutiérrez González, *Profesor Ayudante Doctor, Universidad de León.*

María Del Camino Fierro Castro, *Profesora Contratada Doctora, Universidad de León Universidad de León.*

Ignacio Prusén Mota, *Investigador, Universidad de León.*



COMITÉ CIENTÍFICO

Carlos G. Polanco de la Puente, *Profesor Titular Universidad de León.*

Pedro Casquero Luelmo, *Catedrático Universidad de León.*

Santiago Gutiérrez Martín, *Catedrático Universidad de León.*

Diego Rubiales Olmedo, *Profesor de Investigación CSIC Instituto. Agricultura Sostenible, CSIC.*

José Carlos Jiménez López, *Científico Titular CSIC, Granada y Presidente AEL.*

Juan José Ferreira Fernández, *SERIDA, Asturias.*

Antonio De Ron Pedreira, *Profesor de Investigación CSIC.*

Lucía de la Rosa Fernández, *INIA-CSIC.*

Teresa Millán Valenzuela, *Profesor Titular Universidad de Córdoba.*

Ana M. Torres Romero, *Investigadora Principal IFAPA, Córdoba.*

Josefa M. Rubio Moreno, *Investigadora Titular IFAPA, Córdoba.*

Alfonso Clemente Gimeno, *Investigador Científico CSIC, Granada.*

Mercedes Martín Pedrosa, *Científico Titular INIA-CSIC.*

Juana Frías Arevalillo, *Investigadora Científica ICTAN-CSIC.*

Carmen Asensio Sánchez-Manzanera, *Investigadora Instituto Tecnológico Agrario de Castilla y León (ITACyL).*

Laura R. Botigué, *Investigadora Ramón y Cajal del CRAG, Barcelona.*

Daniel Plaza Bonilla, *Investigador Ramón y Cajal de la Universidad de Lleida.*

María Muñoz Amatriaín, *Investigadora distinguida Beatriz Galindo senior, Universidad de León.*

Sara Mayo Prieto, *Profesora Contratada Doctora, Universidad de León.*

Prólogo

La **Universidad de León**, junto con la **Asociación Española de Leguminosas (AEL)** y la red de investigación **Red Española de Leguminosas RELEG**, organizan el “Congreso Ibérico de Leguminosas: bases de la sostenibilidad agrícola y alimentaria” a desarrollar en León, del 13 al 15 de noviembre de 2024, dentro del marco de las VII Jornadas de la AEL y II Reunión RELEG, coincidiendo con la celebración, el 13 de noviembre, del día mundial de la dieta mediterránea.

En este congreso se ha pretendido reunir a todos los actores relacionados con el sector de las leguminosas en la península Ibérica, desde el mundo de la producción, el envasado y la distribución comercial hasta los investigadores de todos aquellos ámbitos relacionados con estos cultivos e incluyendo a las marcas de calidad y los organismos e instituciones con responsabilidad en su regulación.

Consideramos que es un espacio idóneo para intercambiar y visibilizar los avances y los problemas, nuevos o persistentes, así como los retos que se plantean para el sector y el avance en la investigación científica en leguminosas. Por ello, se ha planteado una temática relevante y con alto interés actual como lema de las jornadas: “Bases de la sostenibilidad agrícola y alimentaria”.

Uno de los grandes objetivos ha sido propiciar sinergias entre los participantes y consolidar las redes estratégicas de colaboración en este sector y, por ello, se trata de unas jornadas a desarrollar de manera presencial y en un marco muy propicio, la Escuela de Ingeniería Agraria y Forestal de la Universidad de León, situada en el entorno de la ciudad de León y que cuenta con todo el equipamiento e instalaciones necesarios.

León es una ciudad monumental y universitaria, situada en el Camino Francés de Santiago, con una rica y atractiva oferta gastronómica, cultural y recreativa, que se podrá disfrutar en el programa social de las jornadas.

Con nuestros más sinceros deseos de encontrarnos personalmente en el Congreso Ibérico de Leguminosas: bases de la sostenibilidad agrícola y alimentaria, recibe un cordial saludo.

Comité Organizador

Programa

13 NOVIEMBRE 2024

11:00h. - 14:00h. Reunión/Actividad de la red RELEG

Desde 12:00h. Entrega de documentación y colocación de pósters

15:30h. Acto de apertura oficial del Congreso

15:45h. Conferencia Inaugural: **Dr. Marcelino Pérez de la Vega** (*Catedrático de Genética emérito de la Universidad de León*): "Las (improbables) razones de la domesticación de algunas leguminosas"

16:30h. Café y sesión posters P1

17:00h. Sesión de tarde T1.1 **LAS LEGUMINOSAS EN LA POLÍTICA AGRARIA COMÚN**

Ponentes:

- **Paz Fentes Piñeiro** *Subdirectora General de Cultivos Herbáceos e Industriales y Aceite de Oliva. Dirección General de Producciones y Mercados Agrarios. MINISTERIO DE AGRICULTURA, PESCA Y ALIMENTACIÓN*
- **José Luis Gabriel Pérez.** *Científico titular en el Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria (INIA-CSIC). Coordinador adjunto de la Plataforma Temática Interdisciplinar AGRIAMBIO para la mejora adaptativa de la eficacia socio-ambiental de la Política Agrícola Común (PAC).*

Seguido de preguntas y debate.

18:30h. - 19:30h. Sesión de tarde T1.2 **MESA REDONDA. Leguminosas: Bases de la sostenibilidad agrícola y alimentaria.** (*Moderador: Pedro A. Casquero Luelmo, Universidad de León*)

Participantes:

- **José Andrés García Moro.** *Presidente de IGP Lenteja de Tierra de Campos, de la Federación Promoción Rural Integral de Castilla y León (PRINCAL) y de la de la Red Estatal de Desarrollo Rural (REDER).*

- **Nicolás Armenteros Manzano.** Representante de "Figuras de Calidad Diferenciada en leguminosas de España" y director técnico de IGP Lenteja de la Armuña, IGP Garbanzo de Fuentesauco, IGP Judías de El Barco de Ávila e IGP Garbanzo de Pedrosillo.
- **Óscar Lanzaco Puig.** Vicepresidente del Grupo de leguminosas, proteaginosas, forrajeras y cespitosas de APROSE (Asociación de Empresas Productoras de Semillas).
- **José María Bello Drona.** Director Técnico de Nutreco Animal Nutrition Iberia S.A. (Grupo NANTA).
- **Roberto Ruiz de Arkaute.** Investigador de Neiker - Instituto Vasco de Investigación Y Desarrollo Agrario, miembro de la Junta Directiva de la Sociedad Española de Agricultura Ecológica.

Debate posterior con los asistentes.

21:00h. **Recepción de congresistas en el patio de la Diputación de León**

14 **NOVIEMBRE 2024**

9:00h. Sesión de mañana M2.1 **BIODIVERSIDAD Y MEJORA DE LEGUMINOSAS** (Coordinadora: **Lucía de la Rosa Fernández**, INIA-CSIC)

11:00h. Café

11:30h. Sesión de mañana M2.2 **SISTEMAS DE CULTIVO INNOVADORES Y MEDIO AMBIENTE** (Coordinador: **Daniel Plaza Bonilla**, Universidad de Lleida)

13:30h. Fotografía oficial de participantes

14:00h. Comida en la sede del Congreso

15:30h. Sesión de posters P2

16:30h. Asamblea de la Asociación Española de Leguminosas (AEL)

19:30h. - 21:00h. Visita cultural a monumentos (finaliza en Real Colegiata de San Isidoro)

21:00h. Cena conmemorativa del Congreso en el Hotel Real Colegiata de San Isidoro, León

15 NOVIEMBRE 2024

9:00h. Sesión de mañana M3.1 **NUTRICIÓN Y SALUD** (Coordinadora: **Juana Frías Arevalillo**, ICTAN-CSIC)

10:00h. Sesión de mañana M3.2 **ALIMENTACIÓN ANIMAL** (Coordinador: **Gerardo Santoma Boixeda**, Trouw Nutrition Iberia)

11:00h. Café y sesión posters P3

11:30h. Sesión de mañana M3.3 **NUEVAS UTILIZACIONES DE LAS LEGUMINOSAS** (Coordinadora: **Marta Garcés Rimón**, Universidad Francisco de Vitoria)

12:30h. Sesión de mañana M3.4 **COLABORACIÓN PÚBLICO-PRIVADA**(Coordinador: **José Carlos Jiménez López**, CSIC)

Ponentes:

- **Pedro Miguel Martínez**. Consultora científica Paudire R+D+i transfer.
- **Íñigo Prieto Uizar**. Grupo Operativo "IGP Garbanzo Campiña de Córdoba".
- **Paula Sánchez Llorente**. (UPA), Grupo operativo "LegSapiens".
- **Paula Álvarez González**. (IGP Faba Asturiana) Proyecto Europeo "ALLIANCE" Against Food Fraud.
- **Armando Menéndez Estrada**. (ASINCAR). Proyecto Europeo "ALLIANCE" Against Food Fraud.
- **Juan José Ferreira Fernández**. (SERIDA). Proyectos Europeos "Legume Generation" y "INCREASE".
- **Diego Rubiales Olmedo**. (IAS-CSIC). "Ejemplos de cooperación internacional y de colaboración público-privada en Mejora Genética de guisantes y habas".

14:00h. Acto de Clausura del Congreso

14:30h. Degustación de legumbres

Índice de comunicaciones

SESIÓN DE BIODIVERSIDAD Y MEJORA DE LEGUMINOSAS

ORAL

- M2.1-O-01 - La arqueología de las leguminosas. Nuevas investigaciones, metodología y resultados.
- M2.1-O-02 - Estructuración de la variabilidad genética de la colección ULE-Panel de lenteja.
- M2.1-O-03 - Identificación de genes responsables del porte erecto y fecha de floración en garbanzo.
- M2.1-O-04 - Identification of loci associated with rough seed coat texture in cowpea (*Vigna unguiculata* L. Walp.).
- M2.1-O-05 - Identificación y caracterización de fuentes de resistencia a plagas y enfermedades en *Pisum* spp. para su uso en la mejora del guisante.
- M2.1-O-06 - Identificación y caracterización de fuentes de resistencia a roya en habas.
- M2.1-O-07 - Evaluación del desarrollo de un aislamiento autóctono de *Trichoderma* en suelos de cultivo de judía de la Indicación Geográfica Protegida «Alubia La Bañeza - León».
- M2.1-O-08 - INCREASE-H2020: Optimización del uso de los recursos genéticos de legumbres en Europa.

PÓSTER

- M2.1-P-01 - Caracterización morfológica, agronómica y nutricional de la judía de Muniesa (*Phaseolus vulgaris* L.).
- M2.1-P-02 - Especies y fenología de los Bruchinae (Coleoptera: Chrysomelidae) en cultivos de almorta (*Lathyrus sativus* L.) de Castilla-La Mancha.
- M2.1-P-03 - Evaluación del Impacto de la Temperatura en la Germinación y crecimiento de una línea de mejora del garbanzo (IMIDRA10).
- M2.1-P-04 - Desarrollo de tres mapas de alta densidad, construcción de un mapa consenso y metanálisis de QTLs para la mejora de las habas.

- M2.1-P-05 - Construcción de un mapa genético de alta densidad y análisis de QTLs relacionados con el rendimiento en habas (*Vicia faba* L.).
- M2.1-P-06 - Búsqueda de candidatos para los genes de resistencia a oídio en guisante *er2* y *Er3* y caracterización a nivel molecular de los mecanismos de resistencia asociados.
- M2.1-P-07 - Estudios de asociación del genoma completo (GWAS) para la resistencia a la roya en lentejas: identificación de nuevas fuentes de resistencia y marcadores asociados.
- M2.1-P-08 - Avaliação agronómica de genótipos de feijão-frade em diferentes ambientes.
- M2.1-P-09 - Identificación de variantes en los genes *CaMED16b* y *BBX24-like* asociadas a la fecha de floración en garbanzo mediante el estudio de NILs.
- M2.1-P-10 - Avaliação morfológica de variedades tradicionais Portuguesas de *Phaseolus vulgaris* L.
- M2.1-P-11 - Disección de los genes que controlan el color de la semilla en tres poblaciones de líneas recombinantes de judía común *Phaseolus vulgaris*.
- M2.1-P-12 - Utilización de las colecciones de leguminosas del Centro de Recursos - Fitogenéticos (INIA-CSIC) en el periodo 1998-2024.
- M2.1-P-13 - Avances en la caracterización de la población de RILs derivada del cruce entre *L. culinaris* cv Alpo x *L. odemensis* ILWL235.
- M2.1-P-14 - Análisis transcriptómico de la respuesta al estrés debido a la sequía en lenteja (*Lens culinaris* y *Lens odemensis*).
- M2.1-P-15 - Identificación de accesiones de *Vigna unguiculata* portadoras de alelos beneficiosos para la adaptación a altas temperaturas.

SESIÓN DE SISTEMAS DE CULTIVO INNOVADORES Y MEDIO AMBIENTE

ORAL

- M2.2-O-01 - Exploring the role of intercropping in enhancing soil structure and organic carbon and nitrogen in the Mediterranean.

- M2.2-O-02 - Modelling grain legume-wheat and grain legume-rapeseed intercropping in Mediterranean conditions.
- M2.2-O-03 - Impacto de la proporción de leguminosas en las propiedades de las cubiertas vegetales.
- M2.2-O-04 - Diversificar el cultivo de garbanzo mediante mezclas de variedades como estrategia de adaptación en condiciones mediterráneas.
- M2.2-O-05 - Screening and identification of aerobic soil bacteria capable of deoxynivalenol detoxification.
- M2.2-O-06 - Eficacia de la microencapsulación de cepas autóctonas de *Trichoderma*.
- M2.2-O-07 - Impact of increased CO₂ on growth, yield, and nutritional content of four local genotypes of legumes.
- M2.2-O-08 - Cambio climático y resiliencia de la agricultura catalana: impulso interdisciplinar y multi-escala de la diversificación con leguminosas como estrategia de mitigación y adaptación.

PÓSTER

- M2.2-P-01 - Oportunidad de cultivo de *Vigna unguiculata* en las condiciones agroclimáticas de A Limia (Ourense).
- M2.2-P-02 - Respuesta frente a la competencia de la flora arvense de tres cultivos alternativos en las condiciones agroclimáticas de la comarca de A Limia.
- M2.2-P-03 - Buenas prácticas para la producción de semilla de calidad en las IGPs de legumbres de Castilla y León.
- M2.2-P-04 - Impacto de diferentes estrategias de control de malas hierbas en cultivos de leguminosas en Agricultura de Conservación.
- M2.2-P-05 - Weed Out the Weeds: phenotypic trait prediction through environmental data.
- M2.2-P-06 - Diversidad de las comunidades microbianas del suelo asociadas al cultivo de judía común en sistemas de manejo convencional y ecológico.
- M2.2-P-07 - Diversidad de especies de *Fusarium* en suelos de alubia en la provincia de León.

- M2.2-P-08 - Esporas de *Trichoderma* sobre semillas de *Phaseolus vulgaris* L. atacadas por *Acanthoscelides obtectus*: efecto sobre los parámetros agronómicos de las plantas.
- M2.2-P-09 - Evaluación de la incidencia de la "grasa de la judía" (*Pseudomonas syringae* pv. *phaseolicola*) en dos variedades de judía grano en la provincia de León.
- M2.2-P-10 - Evaluación del efecto de agentes de biocontrol sobre *Pseudomonas syringae* pv. *phaseolicola* ("grasa de la judía") en vainas de *Phaseolus vulgaris*.
- M2.2-P-11 - Inoculación de plantas de judía con nuevos endosimbiontes
- M2.2-P-12 - Adaptación de leguminosas grano al litoral y prelitoral catalán.
- M2.2-P-13 - Fenotipo simbiótico de especies de *Lupinus* en condiciones de sequía y presencia de patógenos en el suelo.
- M2.2-P-14 - Experiencias en cultivo de leguminosas en ecológico en las fincas experimentales de NEIKER.
- M2.2-P-15 - Soybean culture under heat stress: the effect of thermotolerant rhizobacteria inoculation.

SESIÓN DE NUTRICIÓN Y SALUD

ORAL

- M3.1-O-01 - PCR a tiempo real para detectar lupino (*Lupinus albus* L.) en matrices alimentarias.
- M3.1-O-02 - Proteínas β -conglutinas de altramuz azul (*Lupinus angustifolius* L.): un nuevo enfoque nutracéutico y radiosensibilizador en cáncer de mama.

PÓSTER

- M3.1-P-01 - Influencia de la germinación en la capacidad alergénicas de cacahuete y altramuz.
- M3.1-P-02 - Control genético de la concentración de azúcares solubles en vaina fresca de judía común.
- M3.1-P-03 - Entre la toxicidad y la salud: las propiedades nutracéuticas de los alcaloides del altramuz.

SESIÓN DE ALIMENTACIÓN ANIMAL

ORAL

M3.2-O-01 - Evaluación del reemplazo de la soja por legumbres autóctonas en cerdos en crecimiento en condiciones de estrés por calor.

M3.2-O-02 - Cerdo ibérico y legumbre autóctona: una pareja de futuro.

PÓSTER

M3.2-P-01 - Effects of genetic variation, drought stress and symbiotic relationship on the nutritional profile of common vetch grain.

M3.2-P-02 - Recursos genéticos de leguminosas para pastos permanentes del Mediterráneo – Pre-breeding.

SESIÓN DE NUEVAS UTILIZACIONES DE LAS LEGUMINOSAS

ORAL

M3.3-O-01 - Incorporación de subproductos de jabuticaba (*Myrciaria cauliflora* (Mart.) O.Berg, Fl. Bras. (Martius)) en harinas a base de lenteja y arroz: efecto de la extrusión.

M3.3-O-02 - Bloody legume nodules for breakfast? Bridging the gap between plant and human "nutritionists".

M3.3-O-03 - El rol de las legumbres y nuevas alternativas sobre la salud cardiometabólica.

M3.3-O-04 - Leggie®, innovación alimentaria a partir de algarroba.

PÓSTER

M3.3-P-01 - Evaluación de supervivencia de cepas de *Trichoderma* en bioformulados con leguminosas como sustrato orgánico.

SESIÓN DE COLABORACIÓN PÚBLICO-PRIVADA

M3.4-O-01 – ALLIANCE Project: against food fraud in the PGI Asturias Faba bean.



SESIÓN DE BIODIVERSIDAD Y MEJORA DE LEGUMINOSAS

La arqueología de las leguminosas. Nuevas investigaciones, metodología y resultados

M. Tarongi Chavarri ^{1*}

¹ ISEM-UMR 5554, University of Montpellier, CNRS, EPHE, IRD, 2 place Eugène Bataillon, CC065, bat. 21, Montpellier, Cedex 5 34095, France

* Autor para correspondencia: m.tarongi@gmail.com

Resumen

Desde la arqueobotánica, en especial en los estudios de macrorrestos de frutos y semillas (carpología), las leguminosas han sido una familia muy poco estudiada. Sin embargo, en los últimos años hemos realizado varios proyectos sobre estas especies en la Universitat de Lleida y en el Institut des Sciences de l'Évolution de Montpellier. La falta de estudios anteriores se debe principalmente a su menor representación en el registro arqueológico.

En esta comunicación presentaremos nuestras investigaciones, explicando la metodología que estamos aplicando y los resultados que estamos obteniendo actualmente. Consideramos que las opiniones de los compañeros de otros campos y ramas puede ser muy positiva en nuestro trabajo, ya que nuestra formación es sobre todo arqueológica.

La identificación taxonómica de estas especies es compleja, principalmente debido a que las semillas se encuentran carbonizadas, perdiendo la testa y el *hilum*, caracteres que facilitan este proceso. También su alta variabilidad intraespecífica complica este proceso. Por este motivo estamos aplicando nuevas técnicas para mejorar este proceso, entre ellas destacamos la morfometría geométrica al ser barata y no destructiva.

Actualmente estamos realizando un referencial con semillas actuales carbonizadas cedidas por el Centro de Recursos Fitogenéticos (INIA-CSIC), con diferentes accesiones de cada especie, intentando adquirir la mayor variabilidad intraespecífica posible. Una vez transformadas las formas y los tamaños en coeficientes matemáticos a través de la morfometría geométrica, se aplicarán estos datos sobre los coeficientes obtenidos de las semillas arqueológicas, determinando a qué especie se asemejan más y comprobando si fueron bien identificadas por los análisis tradicionales.

Para reconstruir cómo podría ser todo el proceso agronómico también estamos recopilando toda la información posible sobre las leguminosas en la Península Ibérica y el sureste de Francia. Por un lado, hemos creado una base de datos con los datos arqueológicos y carpológicos, por el otro recopilamos información agronómica, etnográfica e histórica. Al cotejar todos los datos intentamos reconstruir modelos de cómo podría ser el papel de las leguminosas en diferentes periodos del pasado.

Por ahora, la morfometría geométrica ha reidentificado algunas semillas de almortas y yeros de yacimientos de la Edad del Bronce del Mediterráneo Occidental como guisantes u otras especies. Este hecho ha sido muy significativo, llevándonos a pensar si las escasas semillas de estas especies del Neolítico y la Edad del Bronce que aún no hemos podido reidentificar pertenecen realmente a estos taxones. También hemos observado un aumento drástico de las almortas durante la Edad del Hierro, siendo la más abundante y frecuente en este periodo. Estos datos nos llevaron a pensar que estas especies podrían ser introducidas durante el Bronce Final o la I Edad del Hierro en el Mediterráneo Occidental.

Todos los datos mencionados anteriormente nos llevan a plantear una agricultura de leguminosas con cambios a lo largo del tiempo. Durante el Neolítico las leguminosas son muy escasas, apareciendo únicamente escasos individuos en diferentes yacimientos. Los estudios realizados indican una posible agricultura intensiva, en pequeños campos de cultivo con una alta intensidad de trabajo. Hasta el Calcolítico y el comienzo de la Edad del Bronce no aparecen grandes concentraciones de leguminosas, destacando las habas y los guisantes, siendo el resto de especies muy escasos o inexistentes. Son especialmente abundantes en el sureste de la Península Ibérica, especialmente en áreas vinculadas a la cultura argárica. Su cultivo parece ser en pequeñas parcelas y con cierta posibilidad de irrigación, según los análisis de isótopos estables, por lo que también serían cultivos intensivos.

Durante el Bronce Medio parece que las leguminosas retroceden respecto a periodos anteriores, sin embargo, tenemos muchos menos datos de este periodo que del anterior. En el Bronce Final las leguminosas vuelven a aparecer, especialmente en el sureste de Francia, pero no será hasta la Edad del Hierro donde vuelvan a aparecer de forma abundante y frecuente en todo el Mediterráneo Occidental. Durante este periodo cambian las principales especies cultivadas, predominando las almortas, las lentejas y los yeros, especies bastante resistentes a la sequía. A pesar de que no se han hecho todavía análisis isotópicos estas especies, los datos etnográficos e históricos las relacionan con la agricultura extensiva, pudiendo en este momento producirse ya rotaciones de cultivos. Por ahora hemos trabajado poco sobre época romana y medieval, pero esperamos poder continuar en los próximos años.



Almortas de la UE 54782 del yacimiento arqueológico de Lattara (Lattes, Languedoc)

Palabras clave: Arqueología, carpología, diacronía, morfometría geométrica

Estructuración de la variabilidad genética de la colección ULE-Panel de lenteja

L.E. Sáenz de Miera*, I. Prusén-Mota, A. Fernández-Gutiérrez, P. García García,
A.F. Rodríguez-Torres, A.I. González Cordero, C. Polanco, M. Muñoz-Amatriáin,
J.J. Gutiérrez-González

Área de Genética, Departamento de Biología Molecular, Universidad de León.
Facultad de Ciencias Biológicas y Ambientales, Universidad de León, 24071 León

* Autor para correspondencia: luis.saenzdemiera@unileon.es

Resumen

En el Área de Genética de la Universidad de León se ha establecido una colección de 491 accesiones de lenteja a partir de la colección de lenteja del Centro Nacional de Recursos Fitogenéticos conservada en el Centro Investigación Agroforestal Albaladejito (CIAF). La colección, que se denomina “ULE-Panel”, incluye accesiones de lenteja de 27 países, siendo España el país con más representación en muestras de la colección (257 accesiones). Aunque la mayoría de accesiones son de lenteja cultivada (*Lens culinaris* subsp. *culinaris*), ULE-Panel también incluye un total 40 accesiones silvestres que corresponden a 29 accesiones de *Lens nigricans*, 3 accesiones clasificadas como *L. lamottei*, y 8 clasificadas como *L. culinaris* subsp. *orientalis*.

La colección ULE-Panel fue desarrollada a partir de plantas individuales que han sido genotipadas en el Centro de Genómica de la Universidad de Minnesota (U. of Minnesota Genomics Center, EE.UU.) utilizando la técnica GBS (Genotyping By Sequencing) con las enzimas de restricción *Pst*I y *Msp*I. Para la identificación de SNPs, se ha utilizado el “CDC Redberry Genome Assembly v2.0” como genoma de referencia. (<https://www.biorxiv.org/content/10.1101/2021.07.23.453237v1>). Tras el filtrado de calidad de los SNPs, eliminando aquellos con más de un 30% de datos perdidos, y frecuencias alélicas menores del 5%, se obtuvieron un total de 16580 SNPs que fueron utilizados en los análisis posteriores.

Para estudiar la estructuración de la variabilidad genética de la colección, se han utilizado tres aproximaciones diferentes: i) un análisis de componentes principales; ii) un análisis filogenético utilizando el método de agrupamiento neighbour-joining; y iii) un análisis bayesiano mediante el software STRUCTURE utilizando el modelo Admixture.

Las tres aproximaciones han generado resultados que son congruentes entre sí. El análisis de componentes principales (PCA) que se muestra en la Figura 1 indica que la mayor varianza se encuentra entre las lentejas cultivadas y las lentejas silvestres, sobre todo *L. nigricans* y *L. lamottei*. Las accesiones de *L. c. orientalis* se encontrarían próximas a las muestras cultivadas, pero en una posición intermedia entre éstas y el resto de lentejas silvestres. El análisis no muestra clústeres diferenciados de *L. nigricans* y *L. lamottei*. En ese primer eje PC1 se aprecia cierta separación entre las lentejas europeas (en la figura se diferencian las españolas) y aquellas procedentes de Asia y Norte de África (incluidas en “Otros Países”). La PC2 separa las lentejas macrospermas, de mayor tamaño, de las microspermas.

El análisis de neighbour-joining (no mostrado) agrupa todas las lentejas cultivadas en un clúster, que a su vez se disgrega en varios grupos que comprenden, entre otros, uno de lentejas macrosperma españolas y otro de microspermas del mismo origen. Las muestras de *L. nigricans* y *L. c. orientalis* forman dos clústeres diferentes con distinta proximidad a las lentejas cultivadas.

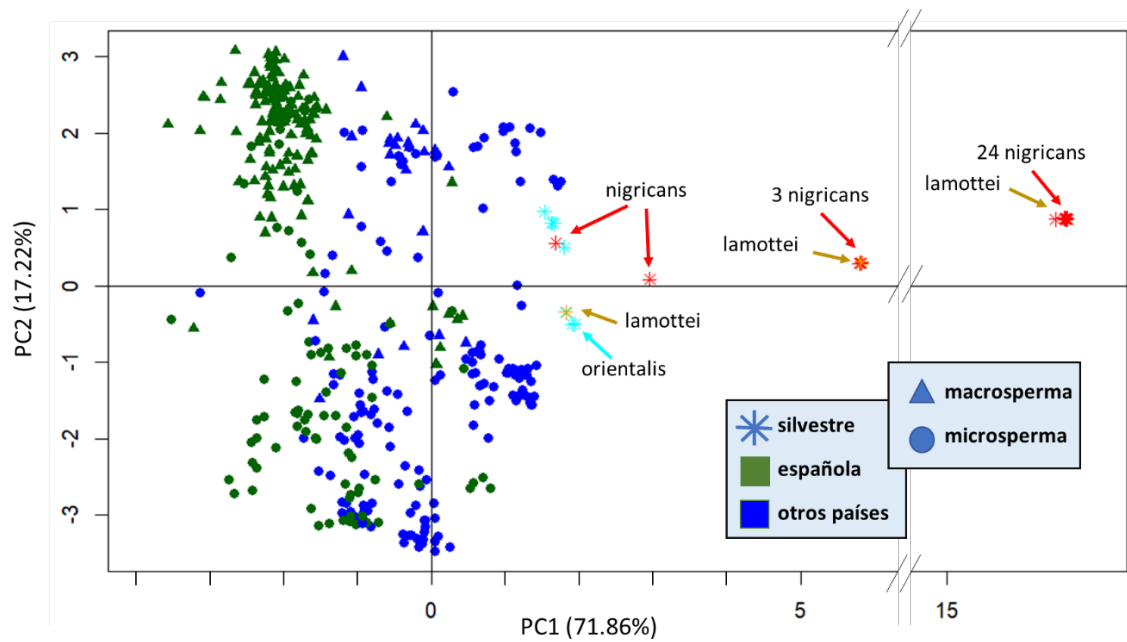


Figura 1. Distribución de las 491 muestras de lenteja de la colección ULE-Panel en los dos primeros ejes de un análisis de componentes principales (PC1 y PC2). En la parte derecha del primer eje (PC1; 71.86% de la varianza) se encuentran las muestras de lenteja silvestre, en la parte izquierda se encuentran mayoritariamente lentejas cultivadas procedentes de España. Este primer eje explica el 71.86% de la varianza. El segundo eje (PC2; 17.22% de la varianza) está relacionado con el tamaño de las semillas, con valores positivos para casi todas las macrospermas y valores negativos para la mayoría de microspermas. Este análisis se realizó en R con correlaciones entre muestras ,utilizando los 16580 SNPs obtenidos por genotipado GBS.

El programa STRUCTURE (Pritchard et al. 2000) se utilizó para inferir la estructura poblacional de nuestra colección. Tras evaluar distintos números de clústeres genéticos (K), el método de Evano et al. (2005) determinó que $K = 4$ es el número más probable de clústeres. Uno de ellos incluye a la mayoría de las muestras de *L. nigricans*. La mayoría de las accesiones cultivadas españolas pertenecen a dos clústeres, uno de los cuales contiene la mayoría de las accesiones macrospermas y otro las de tipo microsperma. El cuarto clúster genético incluye, en su mayoría, accesiones de Irán, Siria y Afganistán.

Actualmente la colección ULE-Panel está siendo evaluado fenotípicamente para distintos caracteres, lo que permitirá realizar estudios de asociación de genoma completo (GWAS).

Este estudio es parte del proyecto de I+D+i PID2021-128598OB-I00, financiado por MICIU/AEI/10.13039/501100011033/ y “FEDER/UE”.

Evanno G, Regnaut S, Goudet J (2005). Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. *Mol Ecol* **14**: 2611–2620.

Pritchard JK, Stephens M, Donnelly P (2000). Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics* **155**: 945–959.

Palabras clave: lenteja, *Lens culinaris*, estructuración de variabilidad, GBS

Identificación de genes responsables del porte erecto y fecha de floración en garbanzo

A. Carmona^{1*}, P. Castro¹, J. Rubio² y J. V. Die¹

¹ Dpto. de Genética ETSIAM, Universidad de Córdoba; Campus de Rabanales Edificio C5 2º planta, 14071 Córdoba

² Área de Mejora y Biotecnología, IFAPA, 'Centro Alameda del Obispo', 14080 Córdoba

*Autor para correspondencia: b62cajia@uco.es

Resumen

El garbanzo (*Cicer arietinum* L.) es una de las leguminosas más importantes a nivel mundial tanto por su alto valor nutricional como por su papel en la sostenibilidad agrícola. Es la segunda leguminosa más importante en términos de producción y su relevancia en diversas dietas, como la mediterránea, destaca a nivel global. Por estas razones, el Programa de Mejora Genética del garbanzo busca el desarrollo de variedades más productivas y resilientes mediante el estudio de caracteres agronómicos clave.

El porte y la fecha de floración son caracteres fundamentales para optimizar la adaptación del cultivo a diferentes condiciones ambientales, de manejo y fechas de siembra, algo crucial en el contexto actual de cambio climático. El porte rastrero del garbanzo silvestre difiere fenotípicamente del porte erecto típico del garbanzo cultivado, que está asociado con plantas más altas, tallos más compactos y una mejor adaptación a la mecanización. Por otro lado, la fecha de floración temprana puede ayudar a que el garbanzo “escape” de situaciones de estrés terminal como la sequía o el ataque del hongo patógeno *Ascochyta rabiei*. Por estos motivos, el objetivo de este estudio es la identificación de marcadores genéticos asociados al porte y a la fecha de floración, caracteres clave para mejorar el rendimiento y la adaptabilidad del garbanzo en diferentes condiciones agrícolas.

En este estudio, se evaluaron cuatro poblaciones de líneas recombinantes (RIPs) para cada carácter: RIP1 (Ca2156 x JG62) para floración; RIP9 (ILC72 x Cr5-10) para porte; y RIP8 (ILC3279 x WR315), RIP10 (JG62 x ILC72) y RIP12 (ICCL81001 x Cr5-9) para ambos caracteres. RIP9 y RIP12 se originaron de cruzamientos interespecíficos con la especie silvestre *C. reticulatum*. Para el análisis, se extrajo el ADN genómico de hojas jóvenes de los individuos de las distintas poblaciones (78/86/91/83/87 para RIP1/RIP8/RIP9/RIP10/RIP12 respectivamente), el cual fue secuenciado por la empresa Freedom Markers en Iowa, EEUU. El análisis genético se centró en la búsqueda de marcadores de tipo *single nucleotide polymorphism* (SNP) asociados a cada carácter.

Para el porte, se encontraron un total de 1.580 SNPs asociados, distribuidos en siete de los ocho cromosomas del garbanzo, así como 247 genes con SNPs asociados al carácter. En tres de las cuatro poblaciones evaluadas para este carácter, se identificó una región del cromosoma 1 asociada al carácter. Además, en las poblaciones RIP9 y RIP12, derivadas de cruzamientos entre un parental de porte rastrero y otro de porte erecto/semierecto (respectivamente), se identificó una región adicional en el cromosoma 3, lo que sugiere que esta región fue clave en la evolución del porte rastrero del garbanzo silvestre hacia el porte erecto o semierecto en el garbanzo cultivado (**Figura 1A**).

En cuanto a la fecha de floración, se encontraron 1.197 SNPs distribuidos en siete de los ocho cromosomas del garbanzo, y un total de 212 genes con SNPs asociados al carácter. Además, se observaron regiones del genoma asociadas en más de una población: una región al inicio del cromosoma 5 y varias regiones del cromosoma 3 están asociadas en tres de las cuatro poblaciones estudiadas. La región del cromosoma 3 con mayor asociación se corresponde físicamente con los genes *FT*, estudiados ampliamente en la literatura por su rol en floración. Sin embargo, la región al inicio del cromosoma 5 no había sido identificada hasta la fecha como asociada con fecha de floración (**Figura 1B**).

La anotación funcional de los genes con SNPs asociados a ambos caracteres, así como de los genes ubicados en las regiones identificadas en varias poblaciones, proporcionará información adicional sobre los posibles genes candidatos responsables tanto de la floración como del porte erecto en garbanzo.

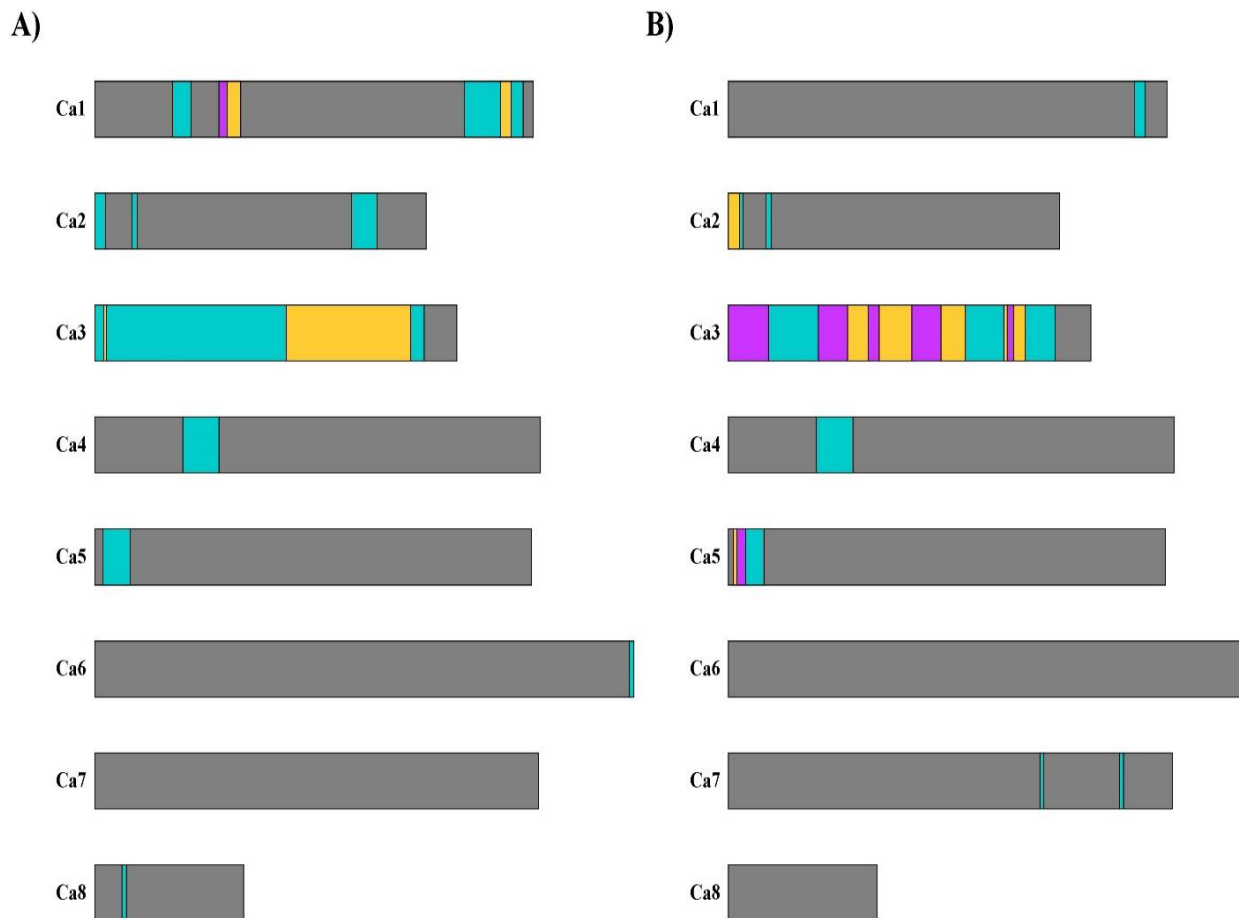


Figura 1. Regiones asociadas en cada uno de los cromosomas del garbanzo: A) porte y B) fecha de floración. En azul se indican las regiones asociadas a una población RIL, en naranja a dos poblaciones y en morado a tres poblaciones.

Palabras clave: *Cicer arietinum*, floración, porte, RIPs, SNPs.

Agradecimientos: Este trabajo ha sido financiado por el proyecto nacional PID2020-114952RRI00 (MCIN/AEI/10.13039/501100011033) y el proyecto Europeo BELIS (No 101081878) (Horizon-IA). AC agradece la beca FPI asociada al programa Ramón y Cajal de JVD (Universidad de Córdoba). JVD es un investigador Ramón y Cajal financiado por el programa MCIN/AEI/10.13039/501100011033 (Ref. RYC2019-028188-I).

Identification of loci associated with rough seed coat texture in cowpea (*Vigna unguiculata* L. Walp.)

I. Prusén-Mota¹, B.L. Huynh², L. Montero-Villacorta¹, A. Llorente¹, I. Herniter³, T.J. Close³, and M. Muñoz-Amatriaín^{1*}

¹ Departamento de Biología Molecular (Área Genética), Universidad de León, 24071 León

² Department of Nematology, University of California Riverside, Riverside, CA 92521, USA

³ Department of Botany and Plant Sciences, University of California Riverside, Riverside, CA 92521, USA

*Autor para correspondencia: mmuna@unileon.es

Abstract

The seeds of the warm-season legume cowpea (*Vigna unguiculata* [L.] Walp.) can have rough or smooth coats. This different seed coat texture is important for the end use of cowpea, but it also impacts cooking time: rough-seeded cowpeas absorb water quicker and generally have reduced cooking times compared to smooth-seeded types. Prior work on the inheritance of seed coat texture reported two independent genes controlling this characteristic, with a dominant allele at each locus being required for producing smooth seed coats (Singh and Ishiyaku 2000). However, to our knowledge no study has mapped the loci controlling seed coat texture in cowpea, a necessary step for the implementation of marker-assisted selection approaches.

This work has made use of a diverse germplasm collection called the “UCR Minicore”, which includes 368 worldwide accessions of cultivated cowpea that have been genotyped with 51128 SNPs (Muñoz-Amatriaín et al. 2021). The evaluation of the collection was done visually with the help of a magnifying glass. Initially, a score of “1” was given to accessions with rough seed coats, and those possessing smooth seed coats were scored as “0”. However, as we noticed a gradient of “roughness”, a second scoring was completed using a 0-to-2-point scale, where “0” represents “smooth coat”, “1” represents “rough seed coats”, and “2” indicates “very rough coats” (see Figure 1). Both evaluations were used as independent traits for the association mapping analyses or GWAS, which resulted in the identification of three major loci.

QTL mapping on additional populations of recombinant inbred lines (RILs) segregating for seed coat roughness has validated the loci identified in the UCR Minicore. Those populations include four deriving from biparental crosses (Tvu-14676 x IT84S-2246-4, CB27 x IT82E-18, CB27 x IT97K-566-6, and CB27 x UCR779) as well as a MAGIC population (Huynh et al. 2018). Next steps include the analysis of the overlapping regions, the identification of candidate genes, and the development of genetic markers that can predict the phenotype.

This study is funded by the Kirkhouse Trust SCIO. Prior genotyping of the populations used in this work, as well as an initial evaluation of the trait in the UCR Minicore were funded by the Feed the Future Innovation Lab for Climate Resilient Cowpea (AID-OAA-A-13-00070).

Singh BB, Ishiyaku MF (2000) Genetics of rough seed coat texture in cowpea. *J Hered* 91:170-174.

Huynh BL, Ehlers JE, Muñoz-Amatriaín M, Lonardi S, Santos JR, Ndeve A, Batiemo BJ, Boukar O, Cisse N, Drabo I, Fatokun C, Kusi F, Agyare RY, Guo Y, Herniter I, Lo S, Wanamaker SI, Close TJ, Roberts PA (2018) A multi-parent advanced generation inter-cross population for genetic analysis of multiple traits in cowpea (*Vigna unguiculata* L. Walp.). *Plant J* 93:1129-1142.

Muñoz-Amatriaín M, Lo S, Herniter IA, Boukar O, Fatokun C, Carvalho M, Castro I, Guo Y-N, Huynh B-L, Roberts PA, Carnide V, Close TJ (2021) The UCR Minicore: a resource for cowpea research and breeding. *Legume Science* 3:e95.



Figure 1. Pictures showing examples of smooth (A), rough (B), and very rough (C) seed coats.

Keywords: Cowpea, GWAS, QTL mapping, seed coat roughness, *Vigna unguiculata*

Identificación y caracterización de fuentes de resistencia a plagas y enfermedades en *Pisum* spp. para su uso en la mejora del guisante

D. Rubiales*, M. Jiménez-Vaquero, S. Rodríguez-Mena, M.J. Cobos, M. González, C. López-Orozco, S. Osuna-Caballero, M. Córdoba-Sánchez, J.E. Palomares-Riu, Z.O. Wohor, N. Risipail & E. Barilli,

Instituto de Agricultura Sostenible, CSIC, Avda. Menéndez Pidal s/n, 14004, Córdoba

*Autor para correspondencia: diego.rubiales@ias.csic.es

Resumen

El guisante (*Pisum sativum* L.) es la leguminosa grano más cultivada en España, bien sea en su forma de guisante seco o proteaginoso, cultivado principalmente en secano (122.000 ha en 2022 con un rendimiento medio de 1.110 kg/ha), como de guisante verde o hortícola (16.900 ha, 6.500 kg/ha). Ambos tipos difieren en caracteres de calidad, padeciendo las mismas plagas y enfermedades, a muchas de las cuales hay insuficientes niveles de resistencia disponibles. La clasificación taxonómica más comúnmente aceptada distingue las especies *P. sativum*, *P. fulvum* y *P. abyssinicum*, conteniendo *P. sativum* una serie de subspecies. Todas las especies y subespecies cruzan entre si y producen híbridos más o menos viables lo que facilita la explotación de la amplia variación genética del género en la mejora del guisante cultivado.

En el grupo del IAS llevamos trabajando en este tema desde 1997 cuando empezamos buscando resistencia al jopo (*Orobanche crenata*), y a oidio (*Erysiphe pisi*) que hemos transferido con éxito al guisante cultivado desde *P. fulvum*. A esto han seguido la búsqueda de resistencia a plagas como pulgón (*Acyrtosiphon pisum*), gorgojo (*Bruchus pisorum*), y a otras enfermedades como ascoquitosis (*Peyronellaea pinodes*), roya (*Uromyces pisi*), fusariosis (*Fusarium oxysporum* f.sp. *pisii*), podredumbre radicular (*Aphanomyces euteiches*), y nematodos fitoparásitos (*Heterodera goettingiana*, *Meloydogyne hapla*, *Pratylenchus penetrans* y *P. thornei*).

Presentaremos un resumen actualizado de las fuentes de resistencia identificadas en especies silvestres y del progreso en su caracterización y uso en mejora del guisante cultivado.

Palabras clave: guisante, resistencia, plagas, enfermedades

Agradecimientos: proyectos AEI PID2020-114668RB-I00 y Horizonte Europa COUSIN (GA 101135314).

Identificación y caracterización de fuentes de resistencia a roya en habas

A. Villegas-Fernández*, J. Gámiz y D. Rubiales

Instituto de Agricultura Sostenible, CSIC, Avda. Menéndez Pidal s/n, 14004, Córdoba

*Autor para correspondencia: avillegas@ias.csic.es

Resumen

Las habas (*Vicia faba* L.) son leguminosas ampliamente cultivadas tanto para la alimentación humana como animal en muchas regiones del mundo, especialmente en la zona mediterránea, Oriente Próximo y China. Cubren al año una superficie de cerca de tres millones de hectáreas, con una producción de 7.786.000 tn (Abou Khater et al. 2022). Una de las principales dificultades para el cultivo de las habas en España es la carencia de variedades adaptadas a la región y a las necesidades agronómicas específicas de los agricultores de la zona. Entre los rasgos deseables para las variedades de habas se encuentran la resistencia a los diferentes estreses bióticos que limitan su cultivo, en particular las enfermedades fúngicas. Una de éstas es la roya, causada por el patógeno *Uromyces viciae-fabae* (Pers.) Schröt, y que afecta a la parte aérea de las plantas al final del ciclo de cultivo, pudiendo comprometer el rendimiento del mismo (Villegas-Fernández et al. 2023). El objetivo del presente trabajo ha sido la identificación y caracterización de fuentes de resistencia a roya que puedan ser empleadas en programas de mejora de habas.

Se disponía de una colección de 111 genotipos de habas de diverso origen. La evaluación de los mismos se llevó a cabo tanto en ensayos de campo como en condiciones controladas. Se realizaron dos ensayos de campo en las temporadas 2020/21 y 2021/22, evaluando la severidad en cada genotipo de la infección natural por roya. La evaluación en condiciones controladas se realizó en cámaras de cultivo, también en dos ensayos en los que se inoculó la colección con roya y se evaluó la severidad de la enfermedad.

Los resultados mostraron un amplio rango de respuestas, tanto en los ensayos de campo como en los de condiciones controladas. La comparación de ambos tipos de experimentos mostró una correlación alta y significativa, lo que pone de manifiesto la utilidad de los ensayos en condiciones controladas para reproducir la interacción entre las habas y el patógeno de la roya que se da en el campo.

Entre las respuestas a la enfermedad de la colección se identificaron genotipos con bajos niveles de severidad a la infección, que podrían ser usados como fuentes de resistencia en programas de mejora. La respuesta de estos genotipos fue caracterizada a nivel microscópico con estudios histológicos de ensayos en condiciones controladas.

Palabras clave: habas, fenotipado, roya, resistencia.

Agradecimientos: proyectos PRIMA-DiVicia (PCI2020-111974) y Horizonte Europa BELIS (GA 101081878).

Referencias:

Abou Khater, L.; Maalouf, F.; Rubiales, D. Status of Faba Bean (*Vicia faba* L.) in the Mediterranean and East African Countries. 2022; pp. 297-327.

Villegas-Fernandez, A.M.; Amarna, A.A.; Moral, J.; Rubiales, D. Crop Diversification to Control Rust in Faba Bean Caused by *Uromyces viciae-fabae*. Journal of Fungi 2023, 9, doi:10.3390/jof9030344.

Evaluación del desarrollo de un aislamiento autóctono de *Trichoderma* en suelos de cultivo de judía de la Indicación Geográfica Protegida «Alubia La Bañeza - León»

S. Mayo-Prieto^{1*}; G. Carro-Huerga¹; A.J. Porteous-Álvarez¹; A. Lorenzana¹; L. Zañafano-González¹; D. Ramirez-Lozano¹; R. Montes-Ruiz¹; A. Rodríguez-González¹; R.E. Cardoza²; N. Martínez-Reyes²; S. Gutiérrez³; P. A. Casquero¹

¹ Grupo Universitario de Investigación en Ingeniería y Agricultura Sostenible (GUIIAS), Instituto de Medio Ambiente, Recursos Naturales y Biodiversidad, Universidad de León, Avenida Portugal 41, 24071 León, España.

² Grupo Universitario de Investigación en Ingeniería y Agricultura Sostenible (GUIIAS), Área de Microbiología, Escuela de Ingeniería Agraria y Forestal, Universidad de León, Campus de Ponferrada, Avenida Astorga s/n, 24400 Ponferrada, España

³ Grupo Universitario de Investigación en Ingeniería y Agricultura Sostenible (GUIIAS), Área de Microbiología, Escuela de Ingeniería Agraria y Forestal, Universidad de León, Campus de León, Campus de Vegazana s/n, 24007 León, España

*Autor para correspondencia: smayp@unileon.es

Resumen

España ocupa el segundo lugar en superficie de judías cosechadas y el sexto en producción de judías en la Unión Europea (UE) en 2023 (Eurostat, 2024). Al igual que otros cultivos, es atacada por algunos fitopatógenos que provocan una bajada de producción o incluso la muerte de la planta. Para evitarlo se puede emplear métodos químicos o bien dar prioridad a los métodos no químicos por ejemplo utilizando agentes biológicos, como *Trichoderma* entre otros.

El objetivo ha sido investigar la influencia de los parámetros del suelo de cultivo en la judía y verificar la adaptación de un aislado *Trichoderma* autóctono a diferentes suelos de cultivo.

Se han tomado suelos de la zona de producción de la Indicación Geográfica Protegida (IGP) «Alubia La Bañeza - León» y se ha inoculado con un aislamiento autóctono de *Trichoderma velutinum* T029 en las muestras de suelo recogidas de las zonas productivas de Astorga, La Bañeza, La Cabrera, Esla-Campos y Páramo. Se ha incubado en cámara de cultivo a 25 °C durante 15 días. Su desarrollo se ha determinado mediante la técnica de PCR cuantitativa.

Sus características fisicoquímicas han sido diferentes por zonas, siendo suelos de textura entre franco-arenosa y franco-limosa, pH entre fuertemente ácido y ligeramente alcalino; la concentración de materia orgánica (MO) ha sido entre baja y notablemente alta; las concentraciones de C y N totales y su relación ha sido entre medias y altas en la mayoría de los suelos y el resto de los micronutrientes han tenido una concentración aceptable excepto en el suelo de Páramo. *T. velutinum* T029 creció mejor con altos niveles de MO, C total, ratio C:N, P, K, Fe, y Zn. Estos efectos han sido validados mediante Análisis multivariante de Componentes Principales (ACP) observando que la MO, el pH (negativamente), el C total y el N han sido las principales características del suelo que han influido en el desarrollo de *T. velutinum* T029.

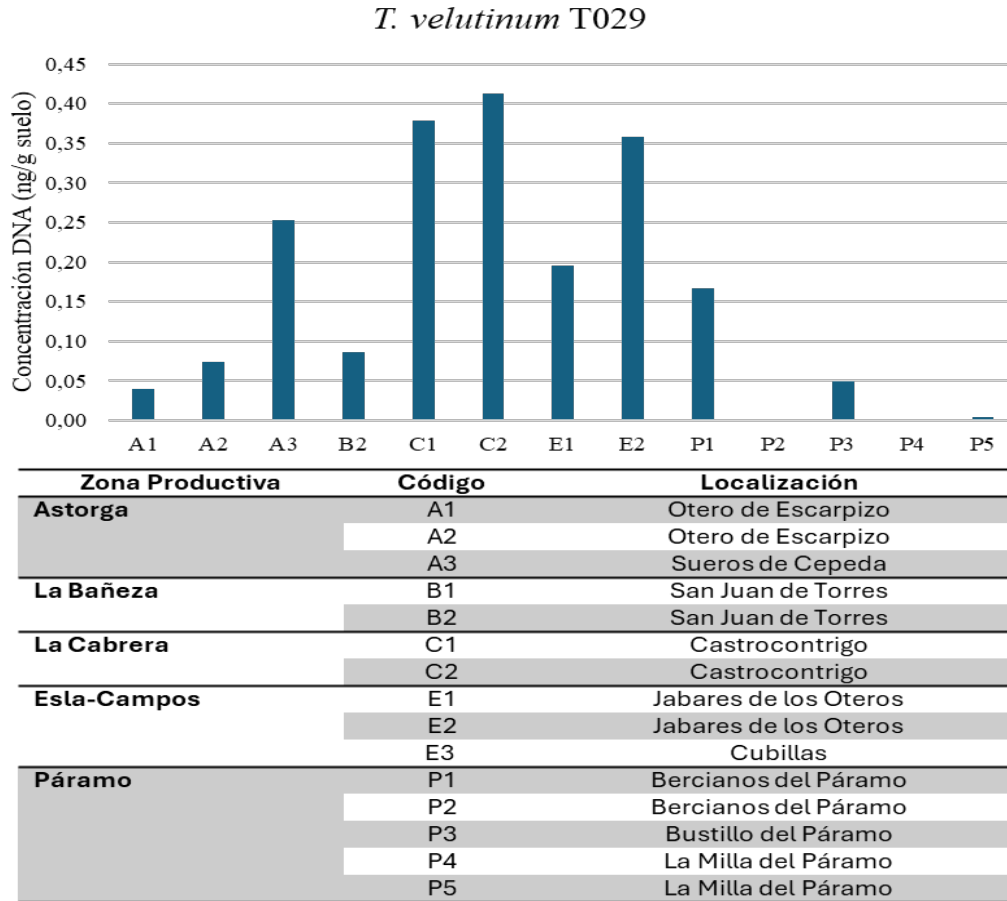


Figura 1: Concentración de ADN (ng/g suelo) de *Trichoderma velutinum* T029 en distintas muestra de suelos de la Indicación Geográfica Protegida (IGP) «Alubia La Bañeza - León» a los 15 días tras la inoculación.

Palabras clave: análisis de suelo, materia orgánica, pH, qPCR, agente de control biológico

Agradecimientos: Becas concedidas a Laura Zañfano González (FPU 20/03040) por el Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades; Natalia Martínez Reyes con una ayuda a la contratación de personal investigador de reciente titulación universitaria concedida al amparo de la Orden EDU/875/2021, de 13 de julio; Rocío Montes Ruiz (645695) por la Consejería de Educación de la Junta de Castilla y León en la convocatoria PR-2022 publicada en la Orden de 26 de agosto de 2022; Daniela Ramírez Lozano por la Universidad de León y Fundación Carolina Rodríguez 2022. Esta investigación ha sido financiada por el proyecto nacional (PID2021-123874OB-I00) (Ministerio de Ciencia e Innovación).

Referencias:

Mayo-Prieto, S., Porteous-Álvarez, A. J., Mezquita-García, S., Rodríguez-González, Á., Carro-Huerga, G., del Ser-Herrero, S., Gutiérrez, S., & Casquero, P. A. (2021). Influence of physicochemical characteristics of bean crop soil in *Trichoderma* spp. development. *Agronomy*, 11(2), 274. <https://doi.org/10.3390/agronomy11020274>

INCREASE-H2020: Optimización del uso de los recursos genéticos de legumbres en Europa

L. De la Rosa¹, M.A. López-Carrasco², T. Marcos², Elena Ramírez-Parra³, Luis M. Guasch²

¹ Departamento de Medio Ambiente y Agronomía (INIA/CSIC), Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria, Consejo Superior de Investigaciones Científicas La Canaleja, A2 km 36 28805 Alcalá de Henares, Madrid

² Centro de Recursos Fitogenéticos, (CRF-INIA/CSIC) Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria, Consejo Superior de Investigaciones Científicas 28805 Alcalá de Henares, Madrid

³ Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas, (CBGP, UPM-INIA/CSIC) Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria, Consejo Superior de Investigaciones Científicas, Universidad Politécnica de Madrid. Campus de Montegancedo, 28223 Pozuelo de Alarcón, Madrid

*Autor para correspondencia: lucia.delarosa@inia.csic.es

Resumen

El proyecto INCREASE, financiado por el programa H2020 y coordinado desde la Universidad de Ancona, Italia, se centra en el estudio, documentación y mejora del acceso a los usuarios europeos de legumbres para consumo humano (garbanzo, lenteja, judía y altramuç). Se enfoca en variedades presentes en las colecciones de recursos fitogenéticos de los bancos de germoplasma (<https://www.pulsesincrease.eu/>, Bellucci et al, 2021).

Frente al desafío de avanzar en la independencia proteica de Europa y en la necesidad de aumentar la agrobiodiversidad de sus sistemas agrarios (ODS 5 y 15), se propuso generar materiales pre-breeding caracterizados y evaluados con técnicas de última generación que permitan acelerar los procesos de obtención de nuevas variedades, buscando así facilitar su acceso a los usuarios.

El Centro Nacional INIA-CSIC participa en el proyecto como coordinador de las actividades en garbanzo, teniendo responsabilidad directa en la selección de material y en el ensamblaje de colecciones, definición y revisión de datos, manejo de germoplasma y ejecución de ensayos de campo de lentejas y garbanzos; es miembro del comité ejecutivo y participa activamente en el experimento de ciencia ciudadana. En este trabajo se presentan los resultados preliminares de los ensayos de lentejas realizados en las campañas agrícolas 2021-22 y 2022-23 y de garbanzos en los años 2022 y 2024.

Para cada una de las colecciones estudiadas en el proyecto se han definido colecciones anidadas, que difieren en número de muestras y en los estudios que se están realizando sobre ellas, así, la colección total o R-core está formada por miles de muestras conservadas en bancos de germoplasma, incluyendo formas cultivadas y sus parientes silvestres, documentadas con datos de pasaporte; por otra parte la colección de entrenamiento (T-core) está formada por varios cientos de líneas SSD (single seed descendent) de la especie cultivada, estas líneas, genéticamente purificadas a través de varios ciclos de cultivo, se fenotiparán para variables agro/morfológicas, y se analizará tanto el transcriptoma como el metaboloma. Por último, sobre la hiper-colección (H-core), que incluye 40-50 elementos que representan el transecto evolutivo de la especie, con elementos mayoritariamente de la T-core y algunas formas silvestres, se realizará una caracterización más profunda (p.e. genomas platino) que permita identificar caracteres de interés.

Los ensayos de campo multilocalidad de lenteja y garbanzo (MLFT) se han realizado en tres países, Italia, Líbano y España, durante dos campañas, siguiendo el mismo diseño de cultivo (parcelas de 14 semillas con tres repeticiones de cada entrada), y con los mismos testigos. En

estos ensayos la T-core se ha fenotipado utilizando los descriptores consensuados en el proyecto (Guerra-García et al, 2021; Rocchetti et al, 2022). Los datos de fenotipado se van a incorporar siguiendo un sistema de bloc-chain, en el hub de datos del IPK (Alemania)

El primer año del ensayo de lentejas (404 líneas) se sembró en diciembre de 2021(campaña 2021-22) y el de garbanzos (441líneas) en abril de 2022.

El segundo año de ensayo de lentejas (374 genotipos) fue en la campaña 2022-23, estableciéndose el ensayo en noviembre de 2022; mientras que el segundo ensayo de garbanzos (318 líneas) se estableció en abril de 2024.

Las condiciones climáticas extremas que se están registrando estos últimos años en nuestro país, y la incidencia de plagas están afectando de forma muy notoria al desarrollo de estos cultivos, pero el hecho de trabajar con grandes colecciones de materiales posibilita una estimación de la adaptación, lo que permite identificar variaciones clave entre genotipos tanto en caracteres fenológicos, como el inicio a floración, asociado a la adaptación, como en caracteres de la producción (semillas por planta, semillas por vaina, etc.). Una valiosa lección aprendida a lo largo de estos ensayos es la necesidad de diversificar, siempre que sea posible, cultivos y variedades para así disponer de materiales que puedan responder a los poco predecibles cambios ambientales que se están produciendo en los tiempos recientes.

Una de las tareas pendientes es el análisis del comportamiento de las variedades en los distintos lugares de ensayo y analizar de forma conjunta los datos de fenotipado y genotipado. Estos indicadores aportarán información sobre la adaptabilidad de los materiales a los distintos ambientes y la estimación de las interacciones GxA, para todas las variables consideradas.

Una primera aplicación de los resultados de este trabajo ha sido la selección de materiales para su inclusión en las redes europeas de ensayo de leguminosas del proyecto For EVA (Fostering European Evaluation Network (EVA) on grain legumes) impulsadas por el ECPGR. En estas redes, diversas entidades colaboradoras del sector privado de diferentes países, utilizarán parte de las lentejas y garbanzos caracterizadas en INCREASE, 98 y 200 líneas respectivamente, para realizar ensayos destinados a la obtención de nuevas variedades.

Dentro del proyecto se está desarrollando una exitosa actividad de ciencia ciudadana en la que están participando miles de colaboradores que evalúan y consumen variedades antiguas de judía proporcionadas por la Universidad de la Marche (Ancona, Italia). Para facilitar la toma de datos, se ha desarrollado una aplicación móvil, disponible en 10 idiomas, español incluido (<https://www.pulsesincrease.eu/experiment>). Este experimento ha recibido el EU Grand Prize for Citizen Science 2024.

Palabras clave: recursos fitogenéticos, colecciones, MLFT, fenotipado, proteína vegetal

Agradecimientos

Proyecto H2020-SFS-2019-2 (Grant agreement N° 862862);

Referencias

- Bellucci, E., Mario Aguilar, O., Alseekh, S., Bett, K., Brezeanu, C., Cook, D., ... & Papa, R. (2021). The INCREASE project: Intelligent Collections of food-legume genetic resources for European agrofood systems. *The Plant Journal*, *108*(3), 646-660.
- Guerra-García, A., Gioia, T., von Wettberg, E., Logozzo, G., Papa, R., Bitocchi, E., & Bett, K. E. (2021). Intelligent characterization of lentil genetic resources: evolutionary history, genetic diversity of germplasm, and the need for well-represented collections. *Current Protocols*, *1*(5), e134.
- Rocchetti, L., Gioia, T., Logozzo, G., Brezeanu, C., Pereira, L. G., De la Rosa, L. D., ... & Papa, R. (2022). Towards the development, maintenance and standardized phenotypic characterization of single-seed-descent genetic resources for chickpea. *Current Protocols*, *2*(2), e371.

Caracterización morfológica, agronómica y nutricional de la judía de Muniesa (*Phaseolus vulgaris* L.)

C. Mallor^{1,2} y G. Estopañán¹

¹ Centro de Investigación y Tecnología Agroalimentaria de Aragón (CITA). Avda. Montañana, 930. 50059, Zaragoza.

² Instituto Agroalimentario de Aragón - IA2. CITA-Universidad de Zaragoza, Zaragoza.

*Autor para correspondencia: cmallor@cita-aragon.es

Resumen

La judía blanca de Muniesa es una variedad tradicional en la Comarca de las Cuencas Mineras (Teruel) de reconocida calidad organoléptica. Antiguamente, la mayoría de las casas cultivaban este tipo de judía para autoconsumo y en algunos casos para la venta, habiéndose documentado que hace 200 años se cultivaban en Muniesa más de 350 hectáreas. Progresivamente se fue perdiendo su cultivo y casi llegó a desaparecer. Esta variedad, además de tratarse de un producto local de calidad, resulta particularmente interesante porque está adaptada al cultivo de secano en unas condiciones de baja pluviometría y con una climatología extrema. Estos antecedentes justificaron el impulso del cultivo de la judía de Muniesa en el proyecto FITE “Siembra Teruel”, evidenciando sus características diferenciadoras y sentando las bases de su recuperación como un producto rentable para el agricultor y de reconocida calidad para el consumidor. En el año 2020 se comercializó por primera vez la variedad de judía blanca de Muniesa y actualmente está en proceso de registro como variedad de conservación.

En este contexto, el objetivo del presente trabajo es caracterizar la variedad local “judía blanca de Muniesa” en tres parcelas de ensayo ubicadas en la zona tradicional de cultivo (Cañada, Oleagosa y Farreñales), incluyendo además en la parcela de Cañada la “judía color de caña” (otra variedad local de Muniesa).

La siembra se realizó el 8 de julio y la recolección el 27 de octubre de 2022. En Muniesa, la precipitación en 2022 fue de 389 mm, siendo de 117,8 mm en los meses del cultivo entre julio y octubre. En este periodo, julio fue el mes más caluroso, con temperaturas que oscilaron entre una temperatura (T^a) media máxima de 32,2 °C (rango de T^a máxima y mínima entre 37,6 °C y 12,7°C). Octubre fue el mes más frío, con una T^a media mínima de 12,5 °C (rango entre 28,8 °C y 7,3 °C). Para la caracterización, se obtuvieron datos morfológicos, productivos y nutricionales.

Los principales resultados se muestran en la Figura 1. Respecto a la caracterización morfológica de la judía blanca, no se observaron diferencias estadísticamente significativas entre los parámetros evaluados en las muestras de las tres parcelas, a excepción del peso de la planta, la vaina y el grano en la parcela Farreñales que fue superior, debido a que en esta parcela se observó un retraso en la maduración y las plantas no estaban suficientemente secas en el momento de la recolección, por lo que estos datos no se consideran para la caracterización de la variedad. Los resultados muestran que la judía blanca de Muniesa se caracteriza por unos granos de forma entre cúbica y arriñonada y tamaño pequeño, 100 granos tienen un peso medio de 37,8 ± 4,2 g (Coeficiente de Variación (CV)=11,2%). De media, las vainas suponen un 77,8 ± 1,6 % del peso total de la planta, con un peso medio de 52,9 ± 15,8 g. Se obtuvieron 33,8 ± 12,8 vainas/planta (CV=37,8%) y 2,8 ± 0,55 granos/vaina (CV=19,6%). La producción media por planta fue de 73,3 ± 20,5 granos (CV=28,0%) con un peso medio de 26,8 ± 10,3 g (CV=38,4 %). Aunque no se observaron diferencias entre parcelas, el CV obtenido para los parámetros

relacionados con la producción ofrece una oportunidad para la selección, proceso que ya se ha iniciado seleccionando plantas en campo con buena conformación y producción y el estudio de sus descendencias. Por otro lado, en la parcela Cañada, donde se cultivaron los dos tipos de judía locales: “blanca” y “de color de caña”, no se encontraron diferencias estadísticamente significativas en ninguno de los parámetros cuantitativos evaluados.

Los resultados obtenidos del estudio de la composición nutricional, en cuanto a los principios inmediatos básicos, indican, en muestras con una media del 13,3 g/100g de agua, que el contenido en minerales es similar en todas ellas (entre 3,8 y 4,0 g/100g); respecto a los lípidos, la muestra de Oleagosa presenta el mayor contenido (2,1 g/100g) y la judía blanca de la Cañada el menor (1,8 g/100g), siendo estos valores superiores a valores de referencia, entre otros, 1,6 g/100g indicado en la Base de Datos Española de Composición de Alimentos (BEDCA). Los hidratos de carbono, fracción mayoritaria, se encuentran en rangos de entre 53,3 g/100g (judía blanca, parcela Farreñales) y 58,2 g/100g (judía blanca, parcela Oleagosa), valor próximo al de la BEDCA de 57,9 g/100g. En lo referente a la proteína, ésta varía entre 22,9 g/100g (judía blanca, parcela Oleagosa) y 27,2 g/100g (judía blanca, parcela Farreñales), todos ellos superiores a los valores de la base BEDCA de 21,1 g/100g. El aporte calórico se encuentra comprendido entre 1.436 Kjul/339 Kcal (judía blanca, Farreñales) y 1.456 Kjul/343 Kcal (judía blanca, Oleagosa), valores superiores a los proporcionados por la BEDCA de 1.027 Kjul/242 Kcal. Los resultados muestran para la judía blanca de Muniesa valores diferentes según la parcela de cultivo, en el contenido de lípidos, proteína e hidratos de carbono, lo que indica la influencia del ambiente de cultivo en la composición nutricional. Por otro lado, cabe señalar que la judía de color de caña, cultivada en la parcela Cañada, presenta una composición nutricional similar a la de la judía blanca cultivada en la misma parcela.

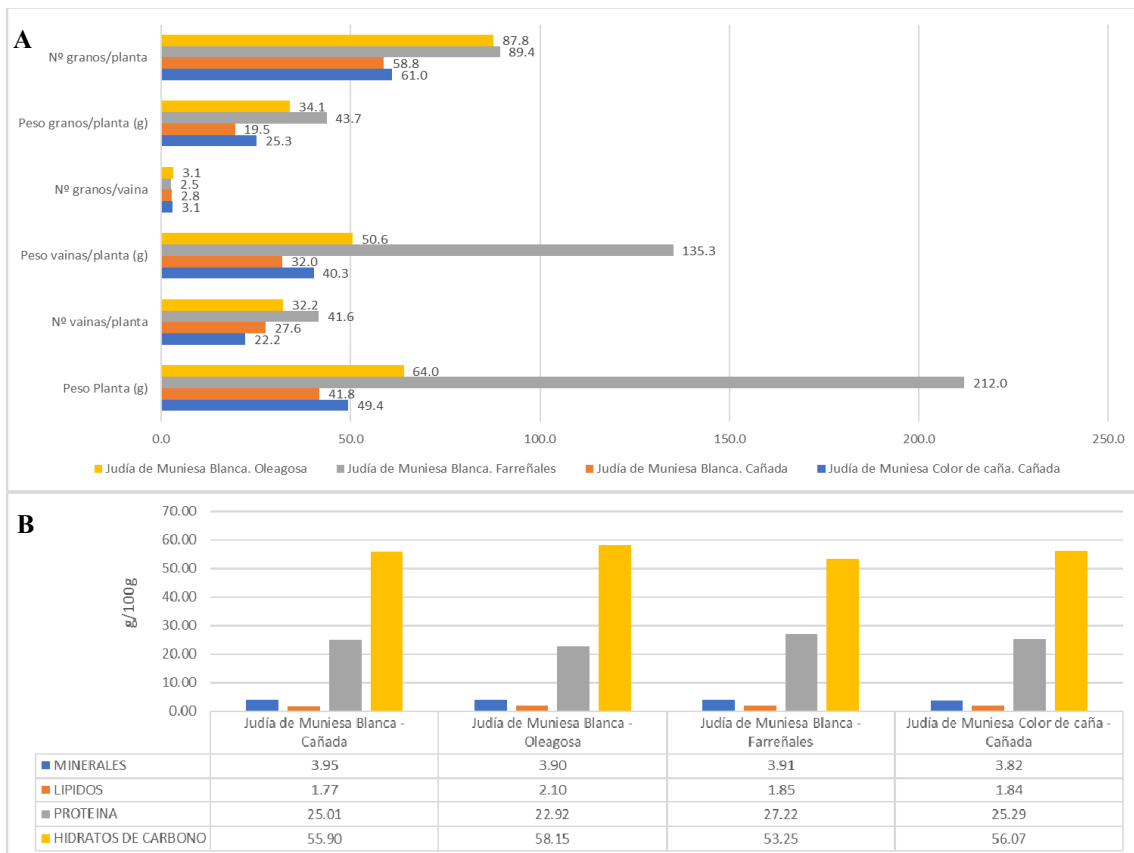


Figura 1. Resultados de la caracterización de la judía de Muniesa, según parámetros morfológicos y productivos (A) y nutricionales (B).

Palabras clave: leguminosa, proteína vegetal, seco, Teruel, variedad local.

Especies y fenología de los Bruchinae (Coleoptera: Chrysomelidae) en cultivos de almorta (*Lathyrus sativus* L.) de Castilla-La Mancha

E. Fernández-Carrillo^{1*}, C. Fernández-Carrillo², J.L. Fernández-Carrillo³ y P.J. Cordero⁴

¹Centro de Investigación Agroambiental “El Chaparrillo” (IRIAF), Ctra. de Porzuna, s/n, 13071 (Ciudad Real).

²Instituto investigación sanitaria Puerta de Hierro-Segovia de Arana (Madrid). cfernandezc@idiphim.org

³Dpto. Ciencias. Colegio Ntra. Sra. del Prado - Marianistas. Carlos Eraña, 17, 13004 (Ciudad Real)joselfdez@hotmial.com

⁴Escuela Técnica Superior de Ingenieros Agrónomos (ETSIA), Universidad de Castilla-La Mancha (UCLM). (Ciudad Real). pedrojrcordero@gmail.com

*Autor correspondiente: efernandezc@jccm.es.

Resumen

La almorta (*Lathyrus sativus* L.) ha venido siendo considerada como un cultivo olvidado o infrautilizado en la agricultura española. Adicionalmente, en 2020 se derogaron las disposiciones que prohibían el consumo humano de las semillas y de los productos resultantes de su elaboración. Ahora más que nunca, la almorta es una herramienta para la innovación de la biodiversidad en la agricultura de España y tiene gran potencial de expansión. Castilla-La Mancha es la segunda región productora de legumbres y la primera en almortas, con el 90% de la producción nacional. Los brúquidos o “gorgojos de las leguminosas” son coleópteros Bruchinae (Fam: Chrysomelidae), considerados plagas importantes de muchas leguminosas de consumo humano. Se desconoce qué especies de Bruchinae pueden atacar la almorta en nuestra región. Los objetivos de este trabajo son i) averiguar la presencia de especies de Bruchinae que afecten a los cultivos de almorta en Castilla-La Mancha, y ii) caracterizar su relación fenológica con el cultivo y período de puesta.

Para el estudio de los individuos emergidos, se han recogido 14 muestras de ≥ 2 kg de grano cosechado en 11 localidades de 4 provincias castellano-manchegas, durante 8 años no consecutivos. Dichas muestras se han mantenido en laboratorio, en contenedores ventilados, recogiendo los imagos. Para el seguimiento de individuos adultos, se ha manguado la vegetación del cultivo semanalmente. Para valorar puestas de huevos, se han recogido vainas desde la aparición del órgano floral hasta el fin de la floración y formación del fruto, observándose con lupa binocular semanalmente, durante 3 años consecutivos.

De las muestras de semillas, han emergido tres especies: *Bruchus tristiculus*, *B. tristis* y *B. pisorum*. La especie más frecuente ha sido *B. tristiculus* (589/826, 71%), luego *B. tristis* (235/826, 28%) y *B. pisorum* (2/826, 0,2%). *B. tristiculus* ha aparecido en 11/11 localidades, mientras que *B. tristis* lo ha hecho en 6/11 y *B. pisorum* en 1/11. La aparición de los adultos en el cultivo está sincronizada con la floración, con máximo poblacional en esa fase y con su desaparición al final de la misma. La puesta de huevos, a su vez, coincide con la formación de las primeras vainas, terminando cuando desaparecen las flores (20 – 40 días). Esto causa un periodo de puesta variable según los años. El máximo de emergencia de adultos sucede dos meses después del máximo de adultos capturados durante la floración. Por tanto, presencia y reproducción de *B. tristis* y *B. tristiculus* están sincronizadas con la duración de las fases fenológicas del cultivo.

Palabras clave: *Bruchus*, fenología, biodiversidad, plagas.

Evaluación del impacto de la temperatura en la germinación y crecimiento de una línea de mejora del garbanzo (IMIDRA10)

E. Gómez^{1*}, D. Mostaza-Colado¹, P. Muñoz¹, F.J. Muñoz-Torrero¹, Pedro V. Mauri¹

¹ Instituto Madrileño de Investigación y Desarrollo Rural, Agrario y Alimentario (IMIDRA) Finca El Encín, Autovía A-2. Km 38,200, 28805 Alcalá de Henares, Madrid.

* elisamercedes.gomez@madrid.org

Resumen

La temperatura es uno de los factores más críticos que influye en el proceso de germinación de las semillas, afectando directamente el crecimiento inicial y desarrollo de las plantas. En este contexto, el garbanzo (*Cicer arietinum*), una leguminosa de gran importancia económica y nutricional, es particularmente sensible a las condiciones térmicas durante las primeras etapas de su ciclo de vida. Por lo tanto, identificar la temperatura óptima para la germinación de las semillas y posterior desarrollo de una nueva línea de mejora (IMIDRA10), es clave para optimizar su cultivo en diferentes entornos agroclimáticos. El presente estudio tiene como objetivo determinar el efecto de 5 temperaturas distintas (5°C, 10°C, 15°C, 20°C y 25°C) en la germinación de los garbanzos y evaluar su impacto tomando medidas tanto del porcentaje de germinación como de crecimiento de las plantas, midiendo su longitud en todos los individuos los mismos días tras su siembra y a distintas temperaturas. Partimos de la hipótesis de que no observaremos diferencias significativas en cuanto a germinación y crecimiento (medido como longitud de la planta en cm) bajo las diferentes temperaturas evaluadas, siendo la hipótesis alternativa que sí existen diferencias dependiendo de la temperatura aplicada.

Para ello hemos llevado a cabo un experimento sistemático utilizando garbanzos como modelo de estudio. Las semillas fueron esterilizadas para prevenir la contaminación y sembradas en placas Petri con agarosa al 0,5%, siendo colocadas posteriormente en una cámara con control de temperatura. Las condiciones térmicas seleccionadas fueron 5°C, 10°C, 15°C, 20°C y 25°C, representando un amplio rango de temperaturas para simular diversos escenarios de cultivo. Cada condición de temperatura contó con 20 repeticiones, para asegurar la robustez y confiabilidad de los resultados obtenidos.

Los datos recolectados fueron analizados mediante un análisis de varianza (ANOVA) para determinar si las diferencias entre las temperaturas son significativas en términos de germinación, crecimiento y longitud de las plantas. Se asumió un nivel de confianza del 95% para el análisis estadístico. En caso de encontrar diferencias significativas, se aplicó una prueba post-hoc LSD de Fisher para identificar qué grupos de temperaturas presentaban diferencias relevantes entre sí.

Discusión y Relevancia del Estudio: Los resultados de este estudio permitirán identificar la temperatura óptima para la germinación de esta línea de mejora de garbanzo, lo que es de suma importancia para la eficiencia en su cultivo. La información obtenida contribuirá al desarrollo de mejores prácticas agronómicas y técnicas de manejo,

optimizando el rendimiento de las plantaciones de garbanzo bajo distintas condiciones agroclimáticas. Además, este estudio proporciona una base para futuras investigaciones relacionadas con otros factores ambientales, como la humedad, la disponibilidad de nutrientes, el aporte de bioestimulantes, etc. que pueden influir en el desarrollo y crecimiento de las plantas.

Con ello esperamos conocer la temperatura óptima para el crecimiento y germinación de esta variedad, lo que permitirá a los agricultores ajustar o modificar sus calendarios de cultivo para mejorar la eficiencia de producción y contribuir con la agronomía, proporcionando conocimientos aplicables a la producción de esta variedad de garbanzo a escala comercial y al desarrollo sostenible de la agricultura.

Palabras clave: garbanzo, germinación, temperatura.

Desarrollo de tres mapas de alta densidad, construcción de un mapa consenso y metanálisis de QTLs para la mejora de las habas

D. Aguilar-Benitez¹, L. Barea¹, N. Gutierrez^{1*} y AM. Torres¹

¹ Área de Mejora Vegetal y Biotecnología, IFAPA Centro Alameda del Obispo, Avda. Menéndez Pidal s/n; Apdo. 3092, 14080, Córdoba

*Autor para correspondencia: natalia.gutierrez.leiva@juntadeandalucia.es

Resumen

Las habas (*Vicia faba* L.) son uno de los cultivos proteicos más importantes en el mundo, por lo que es necesario disponer de herramientas genómicas que faciliten la mejora asistida por marcadores. En los últimos años, dichas técnicas han permitido el desarrollo de mapas genéticos que permiten la asociación de marcadores moleculares con caracteres fenotípicos mediante el análisis cuantitativo de QTL (“*Quantitative Trait Loci*”). En estos mapas se han identificado zonas para resistencia a ascoquita o jopo, estreses abióticos, caracteres de arquitectura de planta, rendimiento, fecha de floración, dehiscencia y autofertilidad (Torres et al., 2010; Cruz-Izquierdo et al., 2012; Gutierrez et al., 2013; Kaur et al., 2014; Atienza et al., 2016; Avila et al., 2017; Catt et al., 2017; Ocaña-Moral et al., 2017; Sudheesh et al., 2019; Aguilar-Benitez et al., 2020, 2021; Gutierrez y Torres, 2021; Aguilar-Benitez et al., 2022).

Un mapa consenso combina información genética de múltiples poblaciones proporcionando una alternativa eficaz para mejorar la cobertura del genoma y la densidad de marcadores. Los mapas consenso también permiten validar el orden de los marcadores, caracterizar la diversidad genómica, aumentar el poder de los estudios de asociación y realizar metanálisis de QTLs. En habas, los últimos mapas consenso se han realizado mediante marcadores, RAPDs (Random Amplification of Polymorphic DNA), ESTs (Expressed Sequence Tags) y polimorfismos de un solo nucleótido o SNPs (Satovic et al., 2013; Webb et al., 2016; Carrillo-Perdomo et al., 2020).

La existencia de múltiples transcriptomas en diversas especies incluidas las habas (Ocaña et al., 2015; Webb et al., 2016; Khan et al., 2019; Lyu et al., 2021) ha permitido el desarrollo de chips con miles de SNP lo que supone un salto cualitativo en el desarrollo de mapas genéticos saturados y en la búsqueda de genes candidatos asociados a caracteres de interés agronómico mediante el análisis de QTLs o mediante estudios del genoma completo (GWA, *Genome Wide Association*).

En habas, recientemente se ha desarrollado un chip de Affymetrix con cerca de 60.000 SNPs (O’Sullivan et al., 2019; Khazaei et al., 2021). Este chip se ha usado para genotipar a gran escala tres poblaciones RIL (Recombinant Inbred Lines) de habas (Vf6xVf27, 29HxVf136 e HistalxL8), segregantes para numerosos caracteres morfológicos, de rendimiento y de resistencia a enfermedades. Los marcadores SNPs que pasaron el control de calidad, se unieron a los marcadores genotipados previamente en cada población y la base de datos final incluyó 34.320 marcadores en la población Vf6xVf27; 35.370 en 29HxVf136 y 33.410 en HistalxL8. Mediante el software Tassel 5 v5.2.88 (Bradbury et al., 2007) se seleccionaron los marcadores para construir los distintos mapas genéticos con los siguientes criterios: marcadores con una frecuencia del alelo minoritario (o minor allele frequency, MAF) mayor del 30%, con menos del 10% de heterocigocis y con menos

del 20% de datos perdidos, los cuales fueron posteriormente imputados. A continuación, aquellos marcadores con segregación idéntica (bin-markers), fueron agrupados mediante el software QTL IciMapping 4.2 (Meng et al., 2015). El mismo software fue el utilizado para la construcción del mapa de ligamiento de cada una de las tres poblaciones RIL. Para la construcción del mapa consenso se integró la información conjunta de los tres mapas genéticos de utilizando el paquete LPMerge (Endelman and Plomion, 2014) del software R (R Development Core Team, 2022). El número de marcadores finales incluidos en los mapas genéticos de cada población y del mapa consenso se muestran en la Tabla 1.

Tabla 1. Número de marcadores por cromosoma presentes en las tres poblaciones y en el mapa consenso.

Cromosomas	Vf6xVf27	29HxVf136	HistalxL8	Consenso
I	486	798	182	1.323
II	482	345	178	919
III	368	289	366	933
IV	454	277	393	1.006
V	107	281	103	462
VI	393	180	61	623
Total	2.290	2.170	1.283	5.266

En la actualidad estamos integrando la información de QTLs de cada una de las poblaciones a fin de completar un metaanálisis que nos permitirá identificar los QTL más estables, robustos e independientes del fondo genético de las poblaciones. Este enfoque nos permitirá refinar con fiabilidad la ubicación de los QTL, estrechará sus intervalos de confianza y, en definitiva, facilitará la identificación de genes candidatos y la precisión en la selección asistida por marcadores (MAS). La reciente publicación del genoma de referencia en habas (Jayakodi et al., 2023) ayudará enormemente a completar dicha tarea.

Palabras clave: habas, marcadores SNP, mapa consenso, QTL, metanálisis de QTLs.

Referencias

- Aguilar-Benitez D, Casimiro-Soriguer I, and Torres AM (2020). [doi:10.1038/s41598-020-74750-1](https://doi.org/10.1038/s41598-020-74750-1).
- Aguilar-Benitez D, Casimiro-Soriguer I, and Torres AM (2021). [doi:10.1038/s41598-021-92680-4](https://doi.org/10.1038/s41598-021-92680-4).
- Aguilar-Benitez D, Casimiro-Soriguer I, Ferrandiz C et al. (2022). [doi:10.1186/s12870-022-03499-8](https://doi.org/10.1186/s12870-022-03499-8).
- Atienza SG, Palomino C, Gutierrez N et al. (2016). [doi:10.1071/CP15227](https://doi.org/10.1071/CP15227).
- Avila CM, Ruiz-Rodríguez MD, Cruz-Izquierdo S et al. (2017). [doi:10.1007/s11032-017-0688-7](https://doi.org/10.1007/s11032-017-0688-7).
- Bradbury PJ, Zhang Z, Kroon DE, et al. (2007). [doi:10.1093/bioinformatics/btm308](https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btm308).
- Carrillo-Perdomo E, Vidal A, Kreplak J. et al. (2020). [doi:10.1038/s41598-020-63664-7](https://doi.org/10.1038/s41598-020-63664-7).
- Catt SC, Braich S, Kaur S, et al. (2017). [doi:10.100/s10681-017-1910-8](https://doi.org/10.100/s10681-017-1910-8).
- Cruz-Izquierdo S, Avila CM, Satovic et al. (2012). [doi:10.1007/s00122-012-1952-1](https://doi.org/10.1007/s00122-012-1952-1).
- Endelman JB, & Plomion C. (2014). [doi:10.1093/bioinformatics/btu091](https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btu091).
- Gutierrez N, Palomino C, Satovic Z, et al. (2013). [doi:10.1007/s11032-013-9920-2](https://doi.org/10.1007/s11032-013-9920-2).
- Gutierrez N and Torres AM (2021). [doi:10.1186/s12870-021-03335-5](https://doi.org/10.1186/s12870-021-03335-5).
- Jayakodi M, Goliz AA, Kreplak J, et al. (2023). [doi:10.1038/s41586-023-05791-5](https://doi.org/10.1038/s41586-023-05791-5).
- Kaur S, Kimber RBE, Cogan et al. (2014). [doi:10.1016/j.plantsci.2013.11.014](https://doi.org/10.1016/j.plantsci.2013.11.014).
- Khan MA, Alghamdi SS, Ammar MH, et al. (2019). [doi:10.1016/j.ejbt.2019.02.004](https://doi.org/10.1016/j.ejbt.2019.02.004).
- Khzaei H, O'Sullivan DM, Stoddard FL, et al. (2021). [doi:10.1002/leg3.75](https://doi.org/10.1002/leg3.75).
- Lyu JI, Ramekar R, Kim JM, et al. [doi:10.1038/s41598-021-00506-0](https://doi.org/10.1038/s41598-021-00506-0).
- Meng L, Li H, Zhang L, et al. (2015). [doi:10.1016/j.cj.2015.01.001](https://doi.org/10.1016/j.cj.2015.01.001).
- O'Sullivan DM, Angra D, Harvie T, et al. (2019).
- Ocaña S, Seoane P, Bautista R, et al. (2015). [doi:10.1371/journal.pone.0135143](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0135143).
- Ocaña-Moral S, Gutierrez N, Torres AM, et al. (2017). [doi:10.1007/s00122-017-2958-5](https://doi.org/10.1007/s00122-017-2958-5).
- R Development Core Team (2022).
- Satovic Z, Avila CM, Cruz-Izquierdo S, et al. (2013). [doi:10.1186/1471-2164-14-932](https://doi.org/10.1186/1471-2164-14-932).
- Sudheesh S, Kimber RBE, Braich, S, et al. (2019). [doi:10.1007/s10681-019-2365-x](https://doi.org/10.1007/s10681-019-2365-x).
- Torres AM, Avila C, Gutierrez N, et al. (2010). [doi:10.1016/j.fcr.2008.12.002](https://doi.org/10.1016/j.fcr.2008.12.002).
- Webb A, Cottage A, Wood T, et al. (2016). [doi:10.1111/pbi.12371](https://doi.org/10.1111/pbi.12371).

Construcción de un mapa genético de alta densidad y análisis de QTLs relacionados con el rendimiento en habas (*Vicia faba* L.)

L. Barea¹, A.M. Torres¹ y N. Gutierrez^{1*}

¹ Área de Mejora Vegetal y Biotecnología, IFAPA Centro Alameda del Obispo, 14080, Córdoba

*Autor para correspondencia: natalia.gutierrez.leiva@juntadeandalucia.es

Resumen

Las habas (*Vicia faba* L.), presentan un alto contenido proteico y unos de los perfiles de aminoácidos más equilibrado de entre todas las leguminosas grano. Ocupan el quinto lugar en el promedio mundial de producción con 6,1 millones de toneladas (FAOSTAT, 2024). Son una de las principales fuentes de proteína vegetal en alimentación humana y animal además de cultivos clave en sistemas agrícolas sostenibles y de bajos insumos. En la rotación de cultivos, las leguminosas mejoran la fertilidad del suelo (dada su capacidad de fijar nitrógeno) y rompen ciclos de enfermedades y plagas, reduciendo así el uso de fitosanitarios y fertilizantes en la agricultura.

Las habas son capaces de adaptarse a diversas condiciones climáticas y de suelo, sin embargo, tiene un uso limitado en la agricultura moderna debido, principalmente a la inestabilidad de su rendimiento derivado de estreses bióticos y abióticos. Para llevar a cabo una mejora del cultivo es indispensable tener un mayor conocimiento de los principales factores biológicos y ambientales que afectan a su desarrollo e identificar los componentes del rendimiento fundamentales para mejorar su adaptación y rendimiento.

El desarrollo de mapas genéticos densos y robustos basados en marcadores genéticos es un prerequisite para la clonación genética y la selección asistida por marcadores (MAS). En habas se han empleado poblaciones biparentales para desarrollar mapas y detectar la asociación de marcadores moleculares con caracteres de interés agronómico mediante el análisis de QTL, (*Quantitative Trait Loci*). Los resultados fueron al inicio limitados debido al uso de marcadores anónimos, mapas de baja densidad y a su gran y complejo genoma (13 Gbp) que dificulta la identificación y desarrollo de marcadores diagnóstico dentro de los intervalos de confianza de los QTL. Los recientes avances en herramientas genómicas junto a la publicación del primer genoma de referencia en habas (Jayakodi et al., 2023) y la disponibilidad de marcadores SNP a gran escala, ha permitido el desarrollo de plataformas de genotipado alta densidad rentables para la investigación genómica aplicada fuera de las especies modelo (Zhao et al., 2023).

En este trabajo, se ha empleado la población RIL (*Recombinant Inbred Line*) HistalxL8, compuesta por 131 individuos y segregante para numerosos caracteres morfológicos, de rendimiento y de resistencia a enfermedades. Se ha realizado una evaluación de dichos caracteres (Figura 1) durante una campaña usando dos repeticiones y un diseño aleatorizado. Además, hemos genotipado la población utilizando el array Vfaba_v2 Axiom con 60K SNPs de Affymetrix (O'Sullivan et al., 2019; Khazaei et al., 2021) para posteriormente desarrollar un mapa de alta densidad.

Tras el genotipado de la población, 33.410 marcadores SNPs superaron el control de calidad. A continuación, mediante el software Tassel 5 v5.2.88 (Bradbury et al., 2007) se eliminaron los marcadores con más de un 10% de heterocigotos y con menos del 30% de frecuencia alélica mínima (MAF), reduciendo la matriz a 2.637 marcadores. La imputación de los datos perdidos se realizó utilizando la herramienta LD KNNi (Money

et al., 2015) implementada en Tassel 5. El último paso fue la construcción del mapa genético. Los marcadores redundantes se eliminaron utilizando la función bin en el software QTL IciMapping 4.2 (Meng et al. 2015) ejecutado con parámetros por defecto dando como resultado un total de 2.225 marcadores que se separaron en diferentes grupos de ligamiento utilizando un algoritmo heurístico LOD entre 1,3 y 10 para ordenar los marcadores en cada grupo de ligamiento. El mapa genético y los datos cuantitativos de rendimiento se utilizaron para el análisis QTL utilizando el paquete R/qtl v1.60 mediante el software estadístico de R (v4.1.2; R Core Team). Tras el análisis, 16 QTLs fueron identificados de los cuales ocho resultaron significativos y se distribuyeron en los cromosomas 1, 2, 3, 4 y 6 (Figura 1). El siguiente paso será la detección de genes candidatos en de los intervalos de confianza de los QTLs. El disponer del genoma de referencia nos permitirá ubicar los QTLs en el mapa físico y realizar dicha identificación.

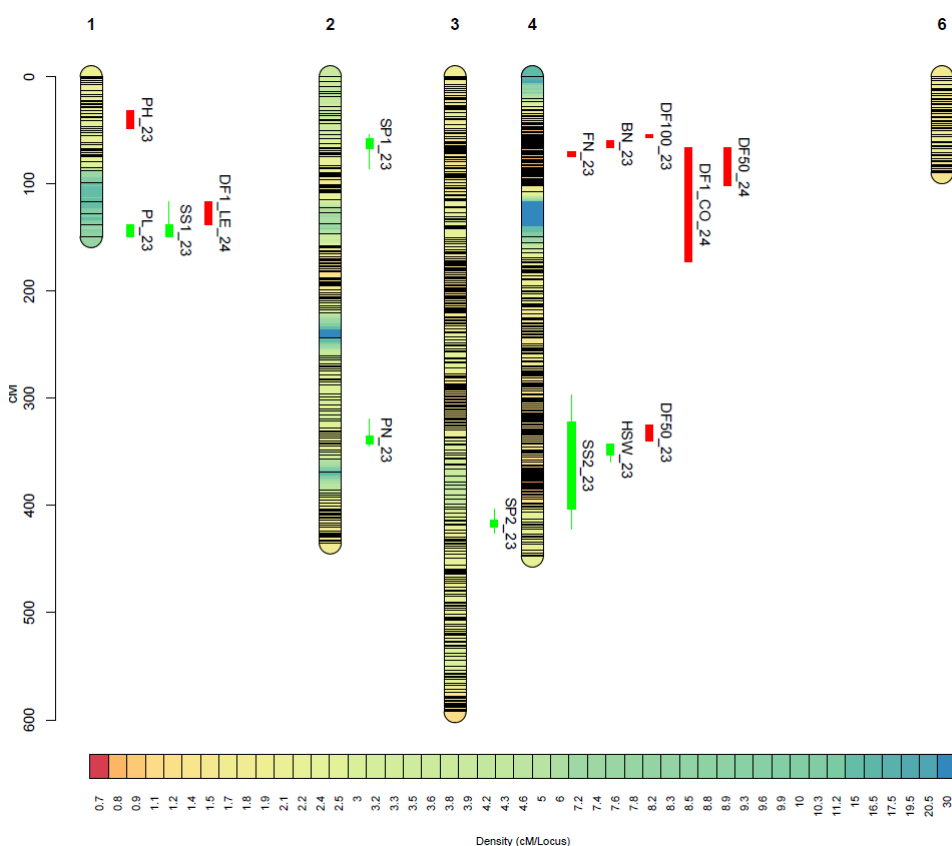


Figura 1. Mapa genético de alta densidad y QTLs significativos (verde) y no significativos (rojo). PH: altura de planta (cm); PL: longitud de vaina (cm); SS: área de semilla (cm²); DF1: fecha de floración inicial; DF50: fecha cuando el 50% de los individuos están en floración; DF100: fecha de floración final; SP: semillas por vaina; PN: vainas por nudo; BN: número de ramas; FN: flores por nudo, HSW: peso de 100 semillas (g); LS: área foliar (cm²).

Palabras clave: mapa de alta densidad, SNP, QTLs, genes candidatos, rendimiento.

REFERENCIAS

- Jayakodi M, Golicz AA, Kreplak J, et al. (2023). doi:10.1038/s41586-023-05791-5
 Khazaei H, O'Sullivan DM, Stoddard FL et al. (2021). doi.org/10.1002/leg3.75
 Meng L., Li H., Zhang L., Wang J. (2015). doi.org/10.1016/j.cj.2015.01.001
 Money D, Gardner K, Migicovsky Z et al. (2015). doi:10.1534/g3.115.021667
 O'Sullivan DM, Angra D, Harvie T et al. (2019). A genetic toolbox for *Vicia faba* improvement. In: *International conference on legume genetics and genomics* (Dijon: ICLGG)
 Zhao N, Xue D, Miao Y, et al. (2023). doi:10.21203/rs.3.rs-2456487/v1

Búsqueda de candidatos para los genes de resistencia a oídio en guisante *er2* y *Er3* y caracterización a nivel molecular de los mecanismos de resistencia asociados

M.A. Jiménez-Vaquero*, M.J. González-Bernal, D. Rubiales y S. Fondevilla

Instituto de Agricultura Sostenible, CSIC. Avda. Menéndez Pidal S/N 14004, Córdoba

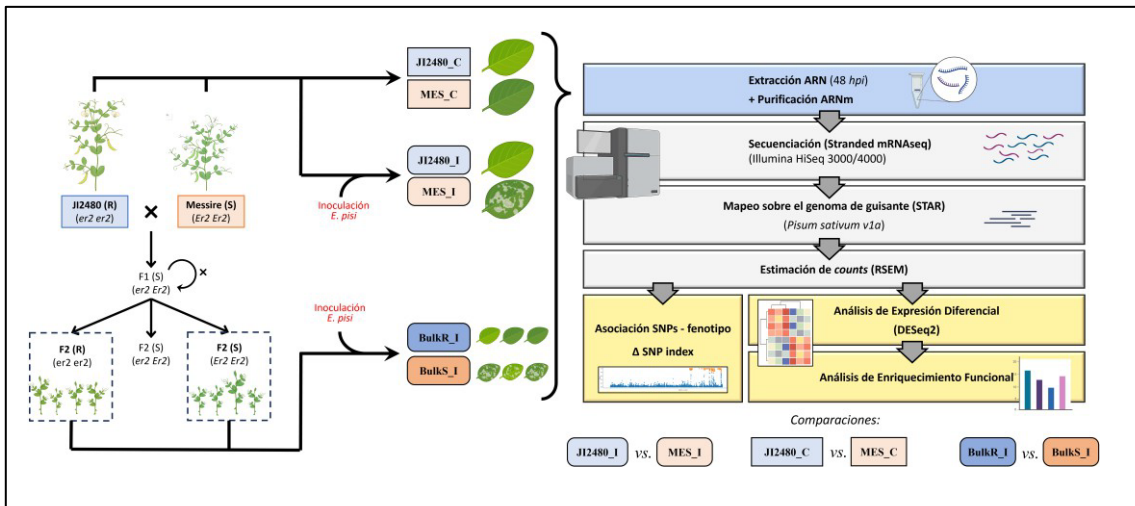
*Autor para correspondencia: majimenez@ias.csic.es

Resumen

El oídio es una enfermedad fúngica importante y ampliamente distribuida en el cultivo del guisante (*Pisum sativum*). Esta enfermedad está causada principalmente por *Erysiphe pisi* y, hasta la fecha, se han identificado tres genes mayores que confieren resistencia a este patógeno: *er1*, *er2* y *Er3*. El primero de ellos, que ha sido secuenciado, pertenece a la familia de genes MLO. Las mutaciones con pérdida de función de *er1* otorgan resistencia a la penetración del hongo. Sin embargo, no se dispone de información sobre la secuencia ni la naturaleza de los genes *er2* y *Er3*.

Los objetivos de este trabajo han sido: identificar genes candidatos para *er2* y *Er3*, y profundizar en el conocimiento de los mecanismos de resistencia activados por ellos. Con esta finalidad se ha llevado a cabo, por un lado, un análisis transcriptómico mediante RNA-seq para comparar los perfiles de expresión de las variedades resistentes JI2480 (*er2er2*) y Eritreo (*Er3Er3*) con la variedad susceptible Messire (*Er2Er2er3er3*), en hojas infectadas y no infectadas por oídio. Además, se ha realizado un Bulk Segregant Analysis combinado con RNA-seq (BSR-seq) en poblaciones F₂ segregantes para los genes *er2* (JI2480×Messire) y *Er3* (Eritreo×Messire), con el fin de identificar las regiones del genoma del guisante donde se localizan estos loci y posibles genes candidatos dentro de ellas.

Hasta el momento, hemos logrado acotar la posición de *er2* y *Er3* en el genoma del guisante y hemos identificado varios genes candidatos, que se encuentran actualmente en estudio. Asimismo, estamos estudiando los resultados del RNA-seq para caracterizar a nivel molecular los mecanismos de resistencia que confieren estos genes.



Descripción general de la metodología utilizada en el trabajo, con el caso de estudio *er2* como ejemplo representativo.

Palabras clave: oídio, guisante, resistencia, BSR-seq

Agradecimientos: proyectos AEI PID2020-114668RB-I00 y Horizonte Europa COUSIN (GA 101135314)

Estudios de asociación del genoma completo (GWAS) para la resistencia a la roya en lentejas: identificación de nuevas fuentes de resistencia y marcadores asociados

E. Barilli*, B. Rojas & D. Rubiales

Instituto de Agricultura Sostenible, CSIC, Avda. Menéndez Pidal s/n, 14004, Córdoba

*Autor para correspondencia: ebarilli@ias.csic.es

Resumen

España es el principal país productor de lentejas de Europa, siendo las dos Castillas las principales productoras. Andalucía tiene una tradición de cultivo que ha disminuido notablemente ante la falta de variedades adaptadas, así como de la susceptibilidad que dichas variedades presentan a una amplia gama de plagas y enfermedades. La roya de la lenteja, causada por el hongo *Uromyces viciae-fabae* ex *Lens culinaris* es considerada una de las enfermedades foliares más importantes del cultivo, muy extendida a nivel mundial, con pérdidas de rendimiento reportadas que oscilan entre el 25 y el 100% (Chen et al. 2009).

En el marco del proyecto internacional AGILE (Application of Genomic Innovation in the Lentil Economy), en colaboración con la Universidad de Saskatchewan (Canada), y del proyecto nacional Qualifica (QUAL21_023 IAS), caracterizamos una colección nuclear de lenteja (*Lens culinaris* ssp. *culinaris*) de 324 entradas con amplia representatividad geográfica. La colección había sido previamente genotipada, así como el genoma de referencia construido utilizando lecturas largas combinadas con HiC, un mapa óptico y genético, para producir 3,69 Gb de secuencia y 58.243 genes, ensamblados en 7 cromosomas (<https://knowpulse.usask.ca/jbrowse/Lens-culinaris/2>).

Los objetivos del presente estudio fueron explorar la variación fenotípica de resistencia a roya para identificar fuentes de resistencia, así como los marcadores asociados. Para ello, la respuesta a la infección a roya se evaluó en dicha colección, tanto en plantas adultas en campo con un aislado de roya local durante 3 temporadas y en plántulas bajo condiciones controladas. Se integraron tanto los datos genotípicos como los fenotípicos a través del estudio de asociación (GWAS), para seleccionar marcadores moleculares estrechamente ligados a las regiones de interés.

Estos marcadores serán validados en diferentes fondos genéticos y permitirán una selección temprana de genotipos de interés en el programa de mejora, ahorrando tiempo y dinero. Las regiones genómicas del mapa involucradas en la resistencia a roya, tanto en plántula como en planta adulta de lentejas, serán presentadas.

Palabras clave: lenteja; roya; *Uromyces viciae-fabae*; GWAS

Chen, W.; Basandrai, A.K.; Basandrai, D.; Banniza, S.; Bayaa, B.; Buchwaldt, L.; Davidson, J.; Larsen, R.; Rubiales, D.; Taylor, P. Lentil Diseases and Their Management. In *The Lentil: Botany, Production and Uses*; Erskine, W., Muehlbauer, F.J., Sarker, A., Sharma, B., Eds.; CABI:Wallingfore, UK, 2009; pp. 262–281. ISBN 13 978-1-84593-487-3.

Avaliação agronómica de génotipos de feijão-frade em diferentes ambientes

G. Pereira^{1,3}, M. Meneses¹, M. Vaz², C. Gaspar², A. Barata²

¹ Instituto Nacional de Investigação Agrária e Veterinária, Estrada de Gil Vaz, 7350-901 Elvas, Portugal

² Instituto Nacional de Investigação Agrária e Veterinária, I.P., Banco Português de Germoplasma Vegetal (BPGV), Quinta de S. José, S. Pedro de Merelim 4700-859 Braga, Portugal

³ Geobiociências, Geoengenharias e Geotecnologias, FCT-UNL, 2829-516 Caparica, Portugal

*Autor para correspondência: graca.pereira@iniav.pt

Resumen

O feijão-frade (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) é uma planta herbácea de ciclo anual que pertence à família Fabacea. É uma cultura de Primavera/Verão que suporta bem altas temperaturas e baixos regimes hídricos, estando bem adaptada às potenciais alterações climáticas que estão previstas num futuro próximo.

Uma das etapas finais do programa de melhoramento que está em curso no INIAV (Instituto Nacional de Investigação Agrária e Veterinária) envolve a realização de ensaios de avaliação agronómica para comprovar a superioridade dos materiais vegetais selecionados em anos anteriores. Neste âmbito, instalou-se um ensaio em dois locais, nos campos experimentais do INIAV-Elvas e do Polo de Inovação de Braga. Os ensaios tiveram como objetivo avaliar a capacidade produtiva de 8 génotipos de feijão-frade, face a uma testemunha (“Fradel”). Os ensaios foram delineados segundo um esquema de blocos completos casualizados com 3 repetições. Durante o ciclo vegetativo e após a colheita registou-se o número de dias até à floração e até à maturação, o peso de 100 sementes e rendimento. Os dados foram analisados através de análise de variância e separação de médias utilizando o teste de Tukey.

Os resultados obtidos indicam que existem diferenças altamente significativas entre os génotipos e os locais para todos os parâmetros analisados. As condições edafo-climáticas de cada local influenciaram significativamente a duração das fases vegetativa e reprodutiva das plantas. Em Elvas, os génotipos necessitaram de um menor número de dias para atingirem a floração e a maturação. Em Braga, os génotipos apresentaram um ciclo vegetativo mais longo (Tabela 1). Estas diferenças podem ser atribuídas às temperaturas mais altas e à percentagem mais baixa de humidade característicos da região de Elvas.

No ensaio instalado em Braga, os génotipos de feijão-frade atingiram rendimentos superiores relativamente ao ensaio instalado em Elvas. Os génotipos com produções mais elevadas em Braga foram “Cp5846” e “Cp5847” e em Elvas os génotipos “Cp5553”, “Cp5847” e a variedade “Fradel. Como seria de esperar, a variedade “Fradel” mostrou estar melhor adaptada ao ambiente de Elvas uma vez que foi selecionada nesta região.

Os génotipos mais promissores vão ser integrados em ensaios para avaliação da regularidade de produção.

Tabela 1 - Média e desvio padrão dos parâmetros avaliados nos ensaios de feijão-frade instalados em 2 locais (Braga e Elvas)

Parâmetro	Braga	Elvas
Dias até à floração	73,3±6,0	61,9±3,9
Dias até à maturação	96,9±3,7	80,1±4,4
Dias até à colheita	109,1±4,3	87,0±4,6
Peso de 100 sementes (g)	22,8±6,0	19,5±4,6
Rendimento (kg/ha)	4830±1821,8	1770±608,0

Palavras chave: Adaptação, leguminosas-grão, rendimento, *Vigna unguiculata*

Identificación de variantes en los genes *CaMED16b* y *BBX24-like* asociadas a la fecha de floración en garbanzo mediante el estudio de NILs

A. Pérez-Rial¹, A. Carmona¹, L. Ali², J. Rubio³, T. Millán¹, P. Castro^{1*}, J.V. Die¹

¹ Dpto. de Genética ETSIAM, Universidad de Córdoba; Campus de Rabanales Edificio C5 2ª planta, 14071 Córdoba

² Department of Plant Biology-Science Faculty, University of Tishreen, Lattakia City, Syria

³ Área de Mejora y Biotecnología, IFAPA, Centro ‘Alameda del Obispo’, 14080 Córdoba

*Autor para correspondencia: patricia.castro@uco.es

Resumen

El garbanzo cultivado (*Cicer arietinum* L.) es la segunda legumbre de grano más importante a nivel mundial. Sin embargo, su cultivo en muchas regiones está limitado por estreses abióticos y bióticos que se intensifican hacia el final del ciclo de cultivo. En este contexto, la floración precoz es un carácter clave en los programas de mejora, ya que permite evitar estas restricciones y maximizar el rendimiento.

En este estudio, se ha caracterizado fenotípica y genotípicamente una pareja de líneas casi-isogénicas (NILs) contrastantes para la fecha de floración: una línea de floración precoz (NF10/82-E) y una de floración tardía (NF10/82-L), obtenidas a partir de la heterocigosis residual de una línea F_{6:7} de la población segregante RIP10 (JG62 x ILC72; parentales de floración precoz y tardía, respectivamente). Mediante la caracterización fenotípica llevada a cabo en marzo de 2022 en campo (Córdoba, 37°53'N/4°47'W/117 m), se observó una diferencia de 14 días en la floración (44,4 ± 2,8 para NF10/82-E y 58,0 ± 1,1 para NF10/82-L). Además, se encontraron diferencias en la arquitectura de la planta, siendo NF10/82-E más pequeña y menos ramificada, aunque con una longitud de entrenudo mayor.

La secuenciación de ambas NILs confirmó un alto grado de similitud entre ellas, detectándose 120 441 variantes (SNPs e InDels), que representan el 0,03% de las posiciones leídas. En total, 15 690 estaban en homocigosis, mayoritariamente localizadas en una región del cromosoma 1 (Ca1: 1,78 – 3,15 Mb) y una región del cromosoma 6 (Ca6: 57,2 – 58,8 Mb). De estas, 1610 variantes en homocigosis afectaban a 246 genes en exones. A través de la anotación funcional realizada con Blast2Go y el análisis de homología con genes relacionados con la fecha de floración en *Arabidopsis thaliana* (base de datos FLOR-ID), se identificaron cuatro genes con variantes en las NILs: LOC101515142 (*CaMED16b*, Ca1: 2 285 592 – 2 298 911; 94 variantes), LOC101489432 (*CaELF3a*, Ca5: 36 011 384 – 36 016 600; una delección de 11 pb de alto impacto), LOC101499101 (*BBX24-like*, Ca6: 57 549 424 – 57 552 323; un SNP) y LOC101507442 (*VRN1-like*, Ca6: 57 717 926 – 57 721 229; un SNP).

La delección de 11 pb detectada en *CaELF3a* es la única variante previamente descrita como asociada a la floración precoz. Para evaluar el potencial de las variantes detectadas en los otros tres genes como marcadores asociados a la fecha de floración, se utilizó información alélica de SNPs y datos del número de días desde la fecha de siembra hasta la floración (DTF; 6 localidades y dos campañas) de diferentes accesiones de garbanzo almacenadas en el repositorio público CicerSeq. De las 94 variantes detectadas en *CaMED16b*, 68 eran SNPs, de los cuales 51 estaban registrados en el repositorio. Estas variantes constituyen haplotipos contrastantes conservados en la mayoría de accesiones: el haplotipo de NF10/82-L (H1) se encontró en el 70% de las accesiones registradas, mientras que el de NF10/82-E (H2) se halló en el 23,2%. Para los SNPs en *BBX24-like* (T/A) y *VRN1-like* (C/T), los alelos de referencia son los mayoritarios (82,2% T/ 9,4% A y 83,7% C/ 7,3% T, respectivamente). Los datos de DTF

disponibles se analizaron en relación con los SNPs presentes en el haplotipo de *CaMED16b*, en *BBX24-like* y en *VRN1-like*, encontrándose diferencias significativas en varias localidades y campañas para los dos primeros (Figura 1). Estos resultados sugieren que, además de *CaELF3a*, las variantes detectadas en *CaMed16b* y *BBX24-like* parecen estar asociadas con la fecha de floración en garbanzo.

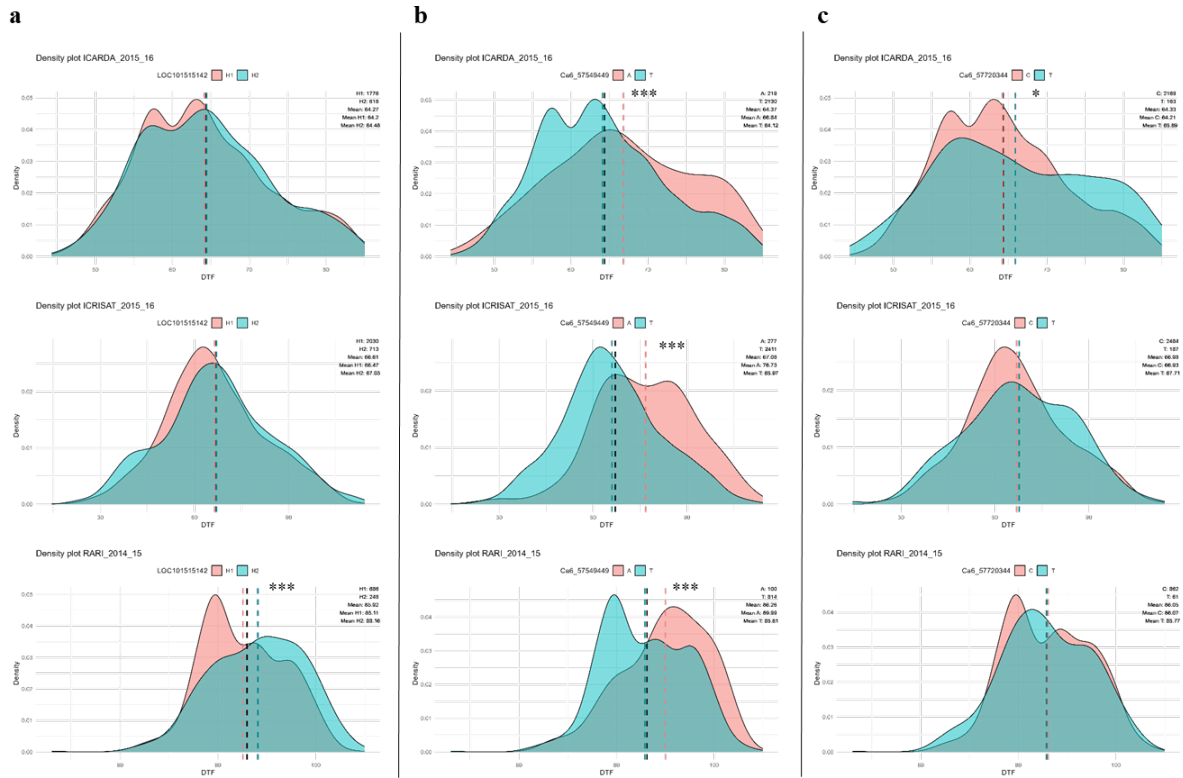


Figura 1. Gráficos de densidad de la distribución de las accesiones de garbanzo cultivado en función de la fecha de floración (DTF) en tres localidades (ICARDA 2015/16; ICRISAT 2015/16; RARI 2014/15) según **a)** Haplotipo LOC101515142 (*CaMed16b*); **b)** SNP LOC101499101 (*BBX24-like*; Ca6: 57 549 449) y **c)** SNP LOC101507442 (*VRN1-like*; Ca6: 57 720 344). Los datos de DTF se adquirieron del repositorio público CicerSeq. Las líneas verticales representan la media global (negro) y las medias para cada grupo (salmón y turquesa). Las diferencias significativas se evaluaron mediante la prueba t de Student (ns: no significativo, $0,01 < P \leq 0,05$, $0,001 < P \leq 0,01$, $P \leq 0,001$). El número de accesiones que se han tenido en cuenta, dependiendo de la localidad/año y del haplotipo o SNP que presentan, se indica en la esquina superior izquierda de cada uno de los gráficos.

Palabras clave: *Cicer arietinum*, genes candidatos, líneas casi-isogénicas, secuenciación, SNPs.

Agradecimientos: Este trabajo ha sido apoyado por los proyectos PID2020-114952RRI00 financiado por MCIN/AEI/10.13039/501100011033; el programa de investigación e innovación Horizon Europe de la Unión Europea a través de BELIS (n.º 101081878); PR.AVA23.INV2023.009 cofinanciado por el Fondo Europeo de Desarrollo Regional (FEDER). APR es Contratado FPU financiado por el Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades de España a través del Programa Nacional FPU “Formación de Profesorado Universitario” (Ref. FPU22/02101). AC agradece la beca FPI asociada al programa Ramón y Cajal de JVD (Universidad de Córdoba). JVD es Investigador Ramón y Cajal financiado por el programa MCIN/AEI/10.13039/501100011033 (Ref. RYC2019-028188-I).

Avaliação morfológica de variedades tradicionais Portuguesas de *Phaseolus vulgaris* L.

M. Vaz^{1*}, G. Pereira², S. Pereira¹, C. Santos³, M. W. Vasconcelos³ e A. M. Barata¹

¹ Instituto Nacional de Investigação Agrária e Veterinária, I.P., Banco Português de Germoplasma Vegetal (BPGV), Quinta de S. José, S. Pedro de Merelim 4700-859 Braga, Portugal

² INIAV, Estrada de Gil Vaz, 7350-901 Elvas, Portugal

³ Universidade Católica Portuguesa, CBQF - Centro de Biotecnologia e Química Fina – Laboratório Associado, Escola Superior de Biotecnologia, Rua Diogo Botelho 1327, 4169-005 Porto, Portugal

*Autor para correspondência: madalena.vaz@iniav.pt

Resumo

O feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é a leguminosa mais produzida e consumida em Portugal, com uma produção média nacional de aproximadamente 3590 toneladas distribuídas por cerca de 5000 hectares de área de produção, segundo dados da FAOSTAT de 2022. Esta leguminosa apresenta uma elevada importância económica, social e nutricional em todo o mundo existindo inúmeras variedades de feijão que diferem muito em tamanho, forma, cor e vagens. O Banco Português de Germoplasma Vegetal (BPGV), fundado em 1977 e localizado em Braga, tem um papel fundamental na conservação desta espécie e na sua coleção onde conserva mais de 3400 acessos de feijão recolhidos em diferentes regiões de Portugal e outros países do mundo.

Este trabalho insere-se nas atividades do projeto LAND (Integrated approach for Legume promotion and sustainable value chains Development), e tem como objetivo identificar acessos de feijão conservados no BPGV que apresentem alta qualidade e boa adaptação através da avaliação nutricional e agronómica.

Neste estudo, foram instalados nos campos experimentais do BPGV - Polo de Inovação de Braga, 100 acessos de feijão provenientes de diversas regiões de Portugal. Durante o ciclo vegetativo e após a colheita foram avaliados dois descritores fenológicos (nº de dias à floração e nº de dias à maturação), três descritores de produção (nº de vagens por planta; nº de sementes por vagens e peso de 100 sementes) e três descritores morfológicos relacionados com a semente (comprimento, altura e largura da semente). Foram caracterizadas 20 plantas por acesso. Os dados foram analisados através das técnicas de taxonomia numérica utilizando o programa Statistica. Os resultados obtidos foram expressos sob a forma de dendrograma.

Os resultados indicam que existe variabilidade em todas as características avaliadas, com destaque para o número de vagens por planta e o peso de 100 sementes, que mostram os coeficientes de variação mais elevados (tabela 1). As características relacionadas com a dimensão da semente (comprimento, largura e espessura) são aquelas que apresentam menor variabilidade nesta coleção de 100 acessos. O acesso mais precoce (BPGV12829, feijão canário) necessitou apenas de 36 dias para iniciar a floração enquanto que o mais tardio (BPGV08224, feijão amarelo) atingiu esta fase 82,8 dias após a sementeira. O peso de 100 sementes variou entre 18,14 e 85,32 gramas. O acesso BPGV11369 (feijão manteiga) é o que apresenta maior calibre de semente e o acesso BPGV06523 (feijão vermelho) aquele que tem o maior número de vagens por planta.

A partir da análise do dendograma, verificou-se que os acessos não se agrupam de acordo com a sua origem geográfica ou variedade de feijão. Os descritores avaliados permitem discriminar todos os acessos, mas não possibilitam definir um conjunto de características próprias para cada tipo de feijão (amarelo, branco, canário, catarino, manteiga ou vermelho).

Conclui-se que as variedades locais apresentam uma grande diversidade genética, essencial não só para o melhoramento das culturas, mas também para o estudo de mecanismos de adaptação e resiliência a condições ambientais adversas. Esta análise contribui para aumentar a sustentabilidade na produção de leguminosas e para a valorização destas culturas no setor agro-alimentar.

Tabela 1 – Limites de variação e coeficiente de variação dos descritores avaliados

Descritor	Média	Mínimo	Máximo	CV (%)
Nº de vagens por planta	44,91	5,00	136,30	72,12
Nº de sementes por vagem	5,79	3,55	8,70	19,43
Peso de 100 sementes (g)	46,73	18,14	82,32	29,38
Comprimento da semente (cm)	14,91	10,53	19,25	13,03
Largura da semente (cm)	6,19	4,38	8,21	13,03
Espessura da semente (cm)	7,81	5,83	9,87	10,80
Nº de dias à floração	54,26	36,00	82,75	16,48
Nº de dias à maturação	120,79	70,00	158,45	12,21

Palavras chave: diversidade genética, leguminosas-grão, feijão,

Disección de los genes que controlan el color de la semilla en tres poblaciones de líneas recombinantes de judía común

E. Portilla*, C. García-Fernández, A. Campa, J.J. Ferreira

¹ Genética Vegetal. Área de Cultivos Hortofrutícolas y Forestales. Servicio Regional de Investigación y Desarrollo Agroalimentario (SERIDA), Ctra. AS-267, PK 19, 33300, Villaviciosa, Asturias

* Autor para correspondencia: anaeli@serida.org

Resumen

La judía común (*Phaseolus vulgaris* L.) presenta una gran diversidad en fenotipos de semillas que incluye variación en el color y su distribución. Este carácter es el resultado de la acumulación de compuestos fenólicos en la cubierta de la semilla y guarda una estrecha relación con la definición de las clases comerciales, la calidad y la respuesta a algunas plagas y enfermedades. Los estudios genéticos clásicos han descrito una compleja red de genes mayores que controlan el color (complejo *C* y genes *P*, *C*, *V*, *R*, *Prp*, *G* y *B*, entre otros) y su distribución (complejo *C*, *Z*, *T*, *Bip*, *Fib*). Para los genes *P*, *V*, *Z*, *T* y el complejo *C* se han propuesto genes candidatos en el genoma de la especie. En este trabajo se investiga la herencia del color de la semilla en tres poblaciones de líneas recombinantes con el objeto de verificar si en su control participa alguno de estos genes descritos.

La población XC deriva del cruzamiento 'Xana' (semilla blanca) x 'Cornell49242' (negra). Esta población dispone de un mapa genético constituido por 761 marcadores. La población mostró una segregación 53 (blancos): 71 (color) (Figura 1) que se ajusta a lo esperado para un gen (1:1) en una población de líneas recombinantes ($\chi^2 = 2.61$, $p = 0.10$). Este gen se localizó en la posición genética del gen *P* (Cr Pv07), estrechamente ligado con marcadores localizados en la posición física 40-43 Mbp. El gen *P* determina la presencia de color en la cubierta de la semilla de tal modo que el alelo recesivo da lugar al fenotipo de semilla sin color (blanca). En la subpoblación de color se observó una segregación 55 (no negro): 15 (negro) que se ajusta a lo esperado en el caso de dos genes independientes (3:1) ($\chi^2 = 0.23$, $p = 0.063$). A partir de un análisis de contingencia se pudo deducir una asociación significativa entre este carácter y marcadores posicionados en las regiones donde se localiza el complejo *C* (Cr Pv08) y el gen *V* (violeta factor; Cr Pv06). Dentro de la subpoblación 'color no negro' se encontró una segregación 34 (con patrón): 21 (sin patrón), que también se ajusta a lo esperado en el caso de un gen ($\chi^2 = 3.09$, $p = 0.08$). Este locus fue mapeado en la posición del complejo *C*, un grupo de genes estrechamente ligados que participan en la determinación del color y su distribución en la cubierta de la semilla (Cr Pv08).

La población XB deriva del cruzamiento 'Xana' (semilla blanca) x BAT93 (amarilla). Esta población dispone de un mapa genético constituido por 497 marcadores. La población mostro una segregación 61 (blancos): 80 (color), que se ajusta a lo esperado para un gen ($\chi^2 = 2.56$, $p = 0.11$). Este gen se localiza en la posición del gen *P* (Cr Pv07). En la subpoblación de color se observó una segregación 43 (con patrón): 37 (sin patrón). Esta segregación se ajusta a lo esperado para un locus ($\chi^2 = 0.45$, $p = 0.50$) que fue localizado en el Pv08 en la posición del complejo *C*.

La población ABM deriva del cruzamiento AB136 (rojo) x MDRK (rojo). La población mostro una segregación de líneas 50 (rojo): 27 (rosado): 29 (púrpura oscuros) (Figura 1). La segregación total se ajustó a una 2:1:1 esperada en el caso de dos genes independientes

de tal modo que, la presencia de genotipo parental en ambos *loci* da lugar a color púrpura oscuro mientras que la ausencia de genotipo parental para ambos loci da lugar a un color rosado. Para confirmar esta hipótesis se está desarrollando un mapa genético de ligamiento a partir de un genotipado por secuenciación. La hipótesis planteada es que el gen *R* (red color) localizado dentro del complejo *C* más un segundo gen independiente de posición desconocida estén controlado este carácter, color rojo.

En conclusión, los resultados obtenidos revelan la implicación de, al menos, tres *loci* conocidos en las dos poblaciones XC y XB (gen *P*, gen *V* y complejo *C*) y la implicación de dos genes en la población ABM, cuya posición está pendiente de determinar. Este trabajo también revela que dos rutas para la producción de compuestos fenólicos pueden conducir a un mismo fenotipo de color de cubierta de semilla rojo.

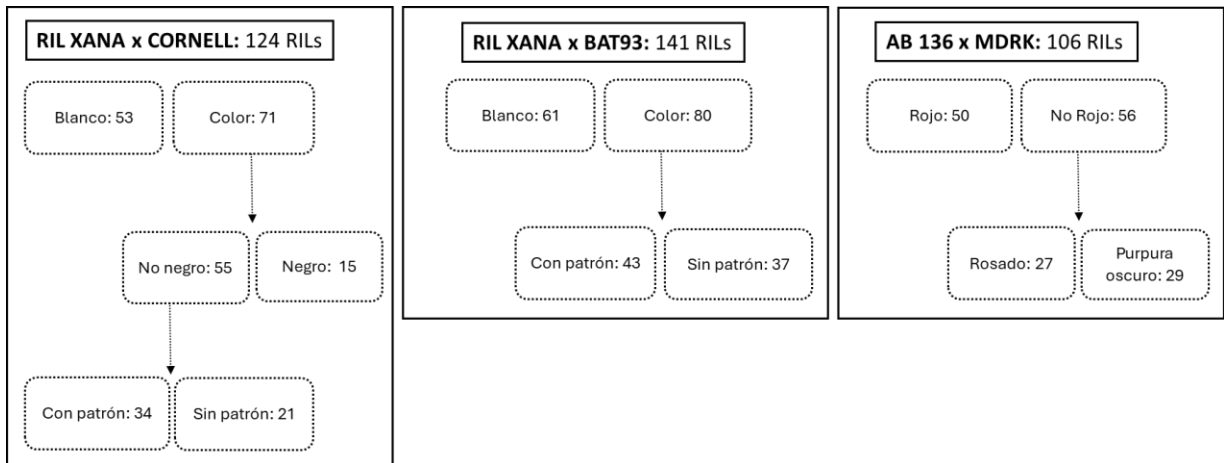


Figura 1. Disección realizada para el análisis del control genético del color y distribución de colores en tres poblaciones de líneas recombinantes de judía común.

Palabras clave: color de la semilla, control genético, mapeo genético, *Phaseolus vulgaris*

Utilización de las colecciones de leguminosas del Centro de Recursos Fitogenéticos (INIA-CSIC) en el periodo 1998-2024

T. Marcos¹, L. De la Rosa², I. Martín²

¹ Centro de Recursos Fitogenéticos, (CRF) Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria, Consejo Superior de Investigaciones Científicas (INIA/CSIC). Finca La Canaleja, A2 km 36 28805 Alcalá de Henares, Madrid

² Departamento de Medio Ambiente y Agronomía (INIA/CSIC). Finca La Canaleja, A2 km 36 28805 Alcalá de Henares, Madrid

*Autor para correspondencia: tmarcosp@inia.csic.es

Resumen

El cambio climático está originando condiciones adversas para el desarrollo de variedades cultivadas y de poblaciones de especies silvestres que, en muchos casos, verán comprometida su viabilidad futura. Uno de los grupos de cultivos que, sin duda, se verá afectado, es el de las leguminosas grano, muy importantes en la agricultura de la cuenca mediterránea pero que han experimentado una notable regresión desde la segunda mitad del siglo XX. Una agricultura resiliente debe contar con estas especies, de las que afortunadamente se conservan importantes colecciones en instituciones como el Centro de Recursos Fitogenéticos (CRF) del INIA-CSIC. Las colecciones del CRF proceden tanto de expediciones de recolección propias que se iniciaron en la década de los años 70 del siglo XX, como de intercambio con otros bancos. El hecho de que la mayoría de las especies cultivadas de leguminosas posean semillas ortodoxas facilita su conservación a largo plazo en condiciones de baja humedad y temperatura.

Las colecciones conservadas en el CRF denominadas activas o de intercambio posibilitan a los usuarios de los bancos de germoplasma (investigadores, mejoradores, agricultores y otros) disponer de una gran diversidad genética de forma rápida y sencilla. La cesión de materiales por parte de los bancos está regulada por el Tratado Internacional de Recursos Fitogenéticos para la Agricultura y la Alimentación y el Convenio sobre la Diversidad Biológica. La normativa para el intercambio está desarrollada en nuestro país en el RD 429/2020, por el que se aprueba el Reglamento sobre acceso a los recursos fitogenéticos para la agricultura y la alimentación. Para la distribución de las muestras que van a ser utilizadas para estos fines se requiere la firma de un Acuerdo Normalizado de Transferencia de Material.

Actualmente se conservan en el CRF 12.573 accesiones (acc.) de leguminosas grano, incluyendo las de las especies más utilizadas en agricultura como la judía (3.619 acc.), haba (1.499 acc.), veza (1.050 acc) o garbanzo (880 acc.); también se mantienen especies infrautilizadas como almorta (239 acc.), titarro (196 acc.) o algarroba (113 acc.), además de un número importante de especies silvestres emparentadas con las cultivadas. (*Lens nigricans*, *Lathyrus ochrus*, *Vicia pannonica*...).

En este trabajo se ha analizado la distribución a los usuarios de muestras de leguminosas, basándonos en la información de los envíos de semillas del CRF en el periodo 1998-2024 (hasta finales de mayo), sin incluir aquellos cuyo objetivo era estrictamente el de la multiplicación para su conservación en el banco. La información de partida ha sido la contenida en la base de datos de intercambio del CRF, mantenida en MS-Access, donde se recogen de forma

estandarizada datos sobre el material enviado, objetivo de la petición y tipo de solicitante, entre otros. En el periodo considerado se han enviado 17.628 muestras en 759 salidas.

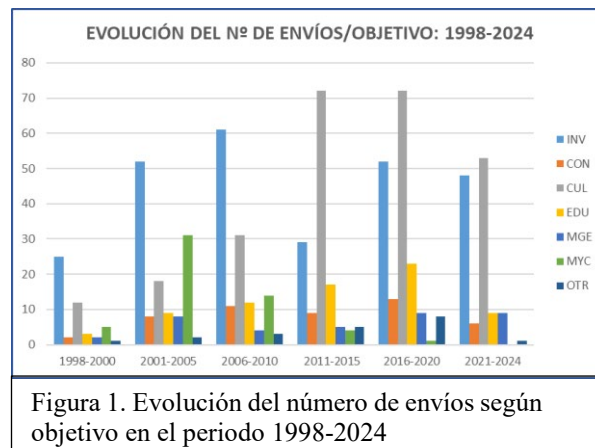
En cuanto a la distribución de entradas enviadas por género botánico, son *Vicia* (5.196 acc.) y *Phaseolus* (4.351 acc.) los más demandados por los usuarios, seguidos por *Lathyrus* (1.793 acc.), *Pisum* (1.729 acc), *Lupinus* (1.412 acc.), *Cicer* (1.266 acc.) o *Lens* (1.113 acc.).

Respecto de los países receptores, España se erige como la principal destinataria, con 15.500 acc., seguida a gran distancia por Noruega, donde se localiza la Bóveda Global de Svalbard, a la cual se han enviado 470 muestras, Francia (355 acc.), Portugal (339 acc.) y, en menor número, Reino Unido (157 acc.), Rumanía (119 acc.), Bulgaria (108 acc.), Yugoslavia (92 acc.) o Argentina (67 acc.), habiéndose enviado las 421 muestras restantes a países como India, Italia, Canadá, Ucrania, Mozambique, Israel, Etiopía, Polonia, Irán, Alemania o China, entre otros.

El empleo en investigación (INV) constituye el principal objetivo de uso de las muestras (8.785 acc.), seguido de trabajos conjuntos de multiplicación y caracterización (MYC-3.031 acc.), conservación (CON-2.137 acc.), que incluye la transferencia de las colecciones activas de *Lupinus* desde el CRF al CICYTEX (Finca La Orden, de Badajoz), o la de lenteja al Centro del Albaladejito (Cuenca), el cultivo directo (CUL-1.315 acc.) y la mejora genética (MGE-1.193 acc.). Es reseñable también el hecho de haberse enviado 897 accesiones con fines educativos.

Si bien el número de muestras enviadas en este periodo ha sufrido oscilaciones, el de envíos se ha ido incrementando, siendo destacable el experimentado por las solicitudes de cultivo directo (Figura 1) para, en muchos casos, recuperar variedades locales ya desaparecidas de las zonas en las que las muestras fueron recolectadas. Esta evolución es similar a la ya detectada en el análisis del envío del conjunto de muestras del CRF (Martín y De la Cuadra, 2012).

Toda la información generada subraya el importante papel que juegan los bancos de semillas para facilitar la investigación y mejora de las especies cultivadas de leguminosas, ampliando así la diversidad genética de los cultivos y mejorando su productividad y resiliencia.



Palabras clave: bancos de germoplasma, semillas, conservación, uso, colecciones activas

Agradecimientos

RGP2021-002. Actividades del CRF de conservación y documentación de colecciones de germoplasma vegetal.

Referencias:

Martín I. and De la Cuadra C (2012). Utilización del banco de germoplasma del CRF-INIA en los últimos 15 años (1997-2011). *Actas de Horticultura* 62:67-68.

Avances en la caracterización de la población de RILs derivada del cruce entre *L. culinaris* cv. Alpo x *L. odemensis* ILWL235

A. Fernández-Gutiérrez¹, P. García García¹, L. Sáenz de Miera¹, C. Polanco¹,
A.I. González Cordero¹, M. Muñoz-Amatriaín¹ y J. J. Gutiérrez-González^{1*}

¹Área de Genética, Departamento de Biología Molecular, Universidad de León, Campus de Vegazana s/n 24071, León, España

*Autor para correspondencia: jgutg@unileon.es

Resumen

La lenteja (*Lens culinaris* Medik.) es una de las principales fuentes de proteína, especialmente en países en vías de desarrollo. Asimismo, la tendencia actual en los hábitos alimenticios de los países desarrollados apunta a un aumento del consumo de proteína vegetal en detrimento de la animal. En este contexto, se espera que la demanda de lenteja y otras leguminosas aumente en los próximos años. Sin embargo, el cambio climático pone en peligro no solo su producción sino también la seguridad alimentaria global.

Por todo, es necesario el desarrollo e implementación de programas que permitan mejorar las variedades de lentejas actuales, así como la obtención de nuevas variedades. Será conveniente disponer de variedades que presenten tolerancia a estreses abióticos como son la sequía, la alta salinidad o las elevadas temperaturas. También deberían presentar resistencia a diversos patógenos, que se están extendiendo a nuevos territorios donde es menos probable que haya cultivares resistentes.

Para poder llevar a cabo la mejora de manera rápida y dirigida es necesario conocer previamente los mecanismos y marcadores asociados que otorgan dichas resistencias. Para ello, el estudio de variedades resistentes es de gran utilidad para discernir la base genética que pueda ser luego transferida a otras variedades. De especial relevancia es el estudio de las variedades silvestres de lenteja, ya que estas son comúnmente las poseedoras de la mayor parte de la variabilidad genética y en particular de los alelos de resistencias.

En este trabajo llevamos a cabo la caracterización mediante GBS de la octava generación de las líneas RILs obtenidas del cruce entre una variedad de lenteja cultivada *L. culinaris* cv. Alpo y la especie silvestre *L. odemensis* ILWL235. Con los marcadores de tipo SNP obtenidos, se procederá a realizar el mapeo genómico de características de interés como las relacionados con tolerancia a la sequía y se tratará de identificar los genes subyacentes.

Este estudio es parte del proyecto de I+D+i PID2021-128598OB-I00, financiado por MICIU/AEI/10.13039/501100011033/ y “FEDER/UE”.

Palabras clave: lenteja, mapa genético, QTLs, sequía, SNPs.

Análisis transcriptómico de la respuesta al estrés debido a la sequía en lenteja (*Lens culinaris* y *Lens odemensis*)

A. Fernández-Gutiérrez, L.E. Sáenz de Miera, A.I. González, C. Polanco,
J.J. Gutiérrez-González, P. García-García*

Área de Genética, Dpto. Biología Molecular, Universidad de León, 24007 León

*Autor para correspondencia: pgarg@unileon.es

Resumen

La sequía representa uno de los mayores estreses abióticos que pueden sufrir las plantas, y es de especial relevancia en cultivos ya que afecta negativamente a su crecimiento y producción. Aunque la lenteja se considera un cultivo moderadamente resistente a dicho estrés, presenta unas pérdidas de producción en torno al 21-22 % en condiciones de sequía, aunque hay diferencias significativas entre los estadios de la vida de la planta, siendo las fases más críticas, la del estado de plántula y la del desarrollo de las vainas, en las que puede llegar a pérdidas del 70 %. Esta diferencia se debe a que en la fase vegetativa puede aclimatarse modificando su metabolismo y morfología mediante la alteración de la expresión génica, mientras que en la fase reproductiva la formación de la semilla se ve comprometida por la falta de agua.

El objetivo de este trabajo ha sido el análisis de los cambios en el transcriptoma que se producen en respuesta al estrés por sequía, centrándonos en el estado de plántula, para obtener datos relevantes que identifiquen un conjunto de genes candidatos que estén asociados con la tolerancia a este estrés.

Se utilizaron dos genotipos diferentes, *Lens culinaris* cv. Alpo y *Lens odemensis* ILWL235, ya que se dispone de una población RIL del cruzamiento entre los mismos, y en trabajos previos de nuestro laboratorio se han detectado dos QTLs relacionados con la respuesta a la deshidratación.

La inducción del estrés se realizó utilizando la metodología de Morgil *et al.* (2019), consistente en simular las condiciones de sequía mediante inmersión de las raíces en una solución al 15 % de polietilén-glicol 6000 durante 5 días. Posteriormente, la extracción del RNA, su secuenciación y análisis se llevó a cabo siguiendo la metodología descrita en el artículo de Polanco *et al.* (2019).

Para el cultivar Alpo se obtuvieron 46141 contigs, de los que 2568 presentaron cambios de expresión significativos ($p < 0.01$, $\log(\text{foldchange}) > |2|$) y se identificaron con genes anotados en el genoma de referencia “CDC Redberry Genome Assembly v2.0” (<https://www.biorxiv.org/content/10.1101/2021.07.23.453237v1>). En el caso de *Lens odemensis*, los valores fueron 46141 contigs y 2545 con cambios de expresión significativos.

Los análisis funcionales de los genes con cambios de expresión significativos mostraron que las respuestas de los dos genotipos diferían en sus características generales. Así, utilizando las anotaciones GO se puede observar que mientras que en el cultivar Alpo responde con la sobreexpresión de muchos genes relacionados con la biosíntesis y remodelación de la pared celular y la fotosíntesis, en *L. odemensis* la sobreexpresión se

produce principalmente en genes incluidos en las categorías de fosforilaciones y respuestas de defensa (Figura 1).

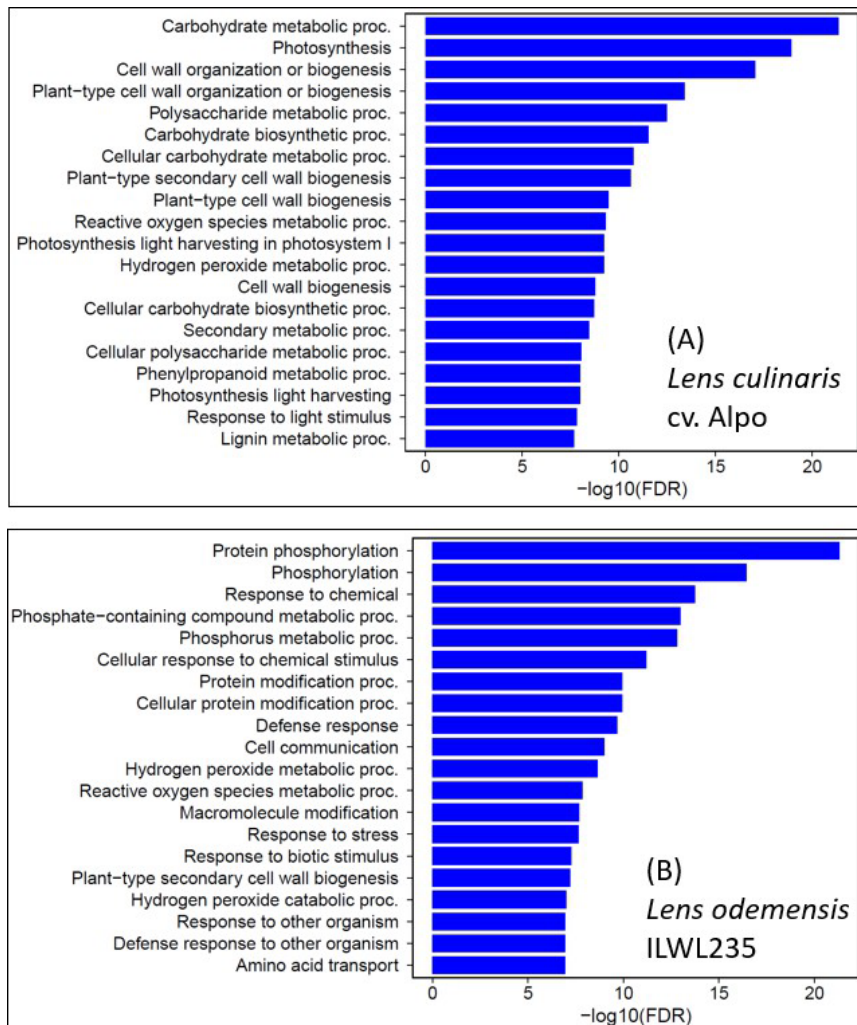


Figura 1.- Términos GO relacionados con los procesos biológicos significativamente sobrerrepresentados entre los genes que incrementan su expresión al inducirse el estrés con PEG 6000. (A) *Lens culinaris* cv. Alpo, (B) *Lens odemensis* ILWL235.

Varios genes incluidos en las regiones cromosómicas detectadas mediante el mapeo de QTLs, también han mostrado cambios de expresión significativos, por lo que se procederá a un análisis más detallado, incluyendo nuevos genotipos caracterizados por su respuesta y resistencia a deshidratación.

Este estudio es parte del proyecto de I+D+i PID2021-128598OB-I00, financiado por MICIU/AEI/10.13039/501100011033/ y “FEDER/UE”

Morgil, H., Tardu, M., Cevahir, G. *et al.* (2019) Comparative RNA-seq analysis of the drought-sensitive lentil (*Lens culinaris*) root and leaf under short- and long-term water deficits. *Funct Integr Genomics* 19: 715–727. <https://doi.org/10.1007/s10142-019-00675-2>

Polanco C, Sáenz de Miera LE, González AI, García P, Fratini R, Vaquero F, et al. (2019) Construction of a high-density interspecific (*Lens culinaris* x *L. odemensis*) genetic map based on functional markers for mapping morphological and agronomical traits, and QTLs affecting resistance to *Ascochyta* in lentil. *PLoS ONE* 14(3): e0214409. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0214409>

Palabras clave: lenteja, *Lens culinaris*, *Lens odemensis*, sequía, RNA-seq

Identificación de accesiones de *Vigna unguiculata* portadoras de alelos beneficiosos para la adaptación a altas temperaturas

L. Getino¹, R. Akakpo², H. Akinmade³, K. Volz⁴, T. Marimagne⁵, O. Oyatomi⁵, M. Abberton⁵, K. Boote³, O. Boukar⁵, E. Ríos³, P.L. Morrell² y M. Muñoz-Amatriaín^{1*}

¹ Departamento de Biología Molecular (Área Genética), Universidad de León, 24071 León

² Department of Agronomy and Plant Genetics, University of Minnesota, St. Paul, MN 55108, USA

³ Department of Agronomy, University of Florida, Gainesville, FL 32611, USA

⁴ David Volz Design Landscape Architects, Inc., Costa Mesa, CA 92626 USA

⁵ International Institute of Tropical Agriculture (IITA), Ibadan 200001, Oyo State, Nigeria

*Autor para correspondencia: mmuna@unileon.es

Resumen

El caupí (*Vigna unguiculata* [L.] Walp.) es una leguminosa originaria de África y uno de los cultivos más importantes para la seguridad alimentaria en el mundo. Cultivado principalmente por pequeños agricultores en África subsahariana, el caupí constituye la principal fuente de proteína para millones de personas en estas regiones, así como forraje para el ganado. A pesar de su buena adaptación a climas cálidos y secos, temperaturas mínimas demasiado elevadas pueden afectar notablemente al rendimiento del cultivo. Temperaturas nocturnas muy por encima de los 20 °C son cada vez más frecuentes en la temporada de cultivo del caupí tanto en Nigeria, el principal productor mundial, como en otros países de África Occidental.

El caupí es una especie genéticamente diversa que ha sido cultivada por pequeños agricultores en regiones del mundo con condiciones ambientales muy distintas, incluidas zonas expuestas a estreses abióticos como las altas temperaturas. Cientos de estas variedades locales se conservan en bancos de germoplasma de todo el mundo, incluido el banco de germoplasma de IITA (International Institute of Tropical Agriculture), en Nigeria. Datos climáticos históricos asociados a las regiones donde se recolectó este material, combinados con información de variantes genéticas de todo el genoma, pueden ser usados en estudios de asociación ambiental (envGWAS) para identificar loci implicados en la adaptación a altas temperaturas.

Este trabajo ha utilizado la colección nuclear de caupí de IITA, que incluye más de 2000 accesiones que han sido genotipadas con 51128 SNPs (Close et al. 2023). Solo aquellas accesiones Africanas con datos geográficos fiables, altamente homocigotas, no redundantes y clasificadas como *landrace* o *wild* han sido utilizadas en este estudio. Variables climáticas relacionadas con temperatura y precipitación fueron extraídas de WorldClim v2 (Fick y Hijmans, 2017) y usadas como fenotipos en los envGWAS. Además, datos climáticos como temperatura máxima y mínima del periodo de floración del caupí en las distintas regiones de África fueron también obtenidos para la mayoría de las accesiones y utilizados en los análisis de asociación. Se emplearon distintos modelos implementados en GAPIT v3 (MLM, MLMM, BLINK y FarmCPU; Wang y Zhang 2021). Solo aquellos SNPs que fueron identificados por más de un modelo fueron analizados en detalle. En un total de 7 SNPs localizados en los cromosomas Vu03, Vu05, Vu07, Vu08 y Vu09, las frecuencias del alelo favorable son bajas en la colección y, además, este alelo no está fijado en el material de programas de mejora de África occidental. Se han identificado 11 accesiones provenientes de Benín, Chad, Mali, Níger,

Nigeria, Senegal, Somalia y Sudán que poseen alelos favorables para muchos de estos SNPs. Otros loci y accesiones han sido identificados mediante análisis de diferenciación genética (F_{ST}). Estas accesiones serán re-secuenciadas y validadas experimentalmente.

Este estudio está financiado por la *Foundation for Food & Agriculture Research* (FFAR), dentro del programa *Increasing Climate Resilience in Crops* (subvención nº ICRC20-0000000032).

Close T, Oyatomi O, Guo Y-N, Paliwal R, Muñoz-Amatriaín M, Roberts P, Abberton M, Marimagne T, Boukar O, Fatokun C, et al. (2023) SNP genotypes of the International Institute of Tropical Agriculture Cowpea Core. *Dryad*. <https://doi.org/10.6086/D19Q37>

Fick, S.E. and Hijmans, R.J. (2017) WorldClim 2: new 1-km spatial resolution climate surfaces for global land areas. *International Journal of Climatology*, 37: 4302-4315. <https://doi.org/10.1002/joc.5086>

Wang J, Zhang Z. (2021) GAPIT Version 3: Boosting Power and Accuracy for Genomic Association and Prediction. *Genomics, Proteomics & Bioinformatics*, 19: 629-640. <https://doi.org/10.1016/j.gpb.2021.08.005>

Palabras clave: adaptación a altas temperaturas, bancos de germoplasma, envGWAS, variables climáticas, *Vigna unguiculata*.



SESIÓN DE SISTEMAS DE CULTIVO INNOVADORES Y MEDIO AMBIENTE

Exploring the role of intercropping in enhancing soil structure and organic carbon and nitrogen in the Mediterranean

Marie Reichmann^{1,2*}, Louise Blanc¹, Jorge Lampurlanés¹, Christoph Rosinger³, Katharina M Keiblinger², Daniel Plaza-Bonilla¹

¹ Department of Agricultural and Forest Sciences and Engineering – Agrotecnio-CERCA Center, Universitat de Lleida, Av. Rovira Roure 191, 25198 Lleida, Spain

² Department of Forest and Soil Sciences, Institute of Soil Research, University of Natural Resources and Life Sciences Vienna (BOKU), Peter-Jordan-Straße 82, 1190 Wien, Austria

³ Department of Crop Sciences, Institute of Agronomy, University of Natural Resources and Life Sciences Vienna (BOKU), Konrad-Lorenz-Straße 24, 3430 Tulln an der Donau, Austria

* Corresponding author: marie.reichmann@udl.cat

Abstract

Both to mitigate climate change and to improve soil fertility, there is an interest in finding practices to improve the soil structure and to increase the organic carbon (C) levels in agricultural soils. Intercropping with legumes can increase soil aggregation and C accumulation due to greater C input through root residues, root architecture and an altered rhizosphere environment which promotes the activity of microorganisms. Aggregates are complexes in the soil in which mineral particles and organic matter are bound together while aggregation is a proxy of a stable soil structure. It has been shown to enhance soil porosity, aeration, water permeability and nutrient cycling. It is also expected to improve the synchrony between crop nitrogen (N) demand and supply. Storage of N in soil aggregates could mitigate N-losses and thus environmental pollution and save fertiliser costs.

This study aimed to assess the effect of intercropping on soil aggregation and C/N storage in aggregates. An irrigated on-farm field experiment was established in NE Spain to evaluate the effect of seven cropping systems (faba bean (*Vicia faba* L.)-durum wheat (*Triticum durum* Desf.), pea (*Pisum sativum* L.)-durum wheat, rapeseed (*Brassica napus* L.)-pea and the respective sole crops). This layout was used in the first and third season (2020-2021, 2022-2023), while soft wheat (*Triticum aestivum* L.) was cultivated as a sole crop in 2021-2022. The second factor was synthetic N-fertiliser with two levels: 0 (0N) vs 75 kg UAN-N ha⁻¹ (75N). The latter also received 104 and 165 kg N ha⁻¹ in form of pig slurry in the second and third season, respectively. Mean air temperature and annual precipitation were 14.0°C and 369 mm, respectively. The soil was classified as a *Typic Calcixerept* with a clayey texture (USDA) and a pH of 8.3. A randomised complete block design with three replications was used. Topsoil (0-5 cm) and subsoil (5-30 cm) were sampled at the flowering stage in late April 2023 and water-

stable macro- and microaggregates ($>250 \mu\text{m}$ and $50\text{-}250 \mu\text{m}$, respectively) were fractionated manually. Both aggregate fractions (only topsoil) and bulk soil (topsoil and subsoil) were analysed for soil organic carbon (SOC), reduced permanganate (Per_{red}), particulate organic matter (POM) and carbon (POC), mineral-associated organic matter (MAOM) and carbon (MAOC) and soil total nitrogen (STN). Moreover, microbial C (MBC) and N (MBN) were measured in bulk topsoil. The different C fractions studied here correspond to different degrees of stability of the organic matter in the soil, from its total content (SOC) to its most labile fraction: the C contained in microbial biomass (MBC/MBN). For the statistical analysis, the effects of cropping system, fertilisation, depth and their interactions on the mentioned variables were tested via ANOVAs. Moreover, Pearson correlation analyses were conducted to evaluate whether soil aggregates serve as an indicator for soil C and N contents and whether more labile C fractions predict more stable ones.

Results showed that intercropping increased the share of water-stable macroaggregates in comparison to the legume sole crops, however the highest values were observed under rapeseed ($42.9 \text{ g } 100 \text{ g}^{-1}$). There was no effect of cropping system on SOC, but SOC was higher in macro- than in microaggregates (2.34 vs $1.89 \text{ g } 100 \text{ g}^{-1}$). Intercropping did also not affect STN, but even the small amount of 75 kg of synthetic N-fertiliser ha^{-1} increased both SOC (2.24 vs $2.08 \text{ g } 100 \text{ g}^{-1}$) and STN (0.193 vs $0.177 \text{ g } 100 \text{ g}^{-1}$) in bulk soil. MAOM and Per_{red} were mostly higher in 75N and microbial abundance and POM vice versa in 0N . SOC, MAOC, POC and Per_{red} were greatest in the topsoil. None of the factors affected MBC while MBN was higher in 75N ($105 \mu\text{g N g}^{-1}$) than in 0N ($90.9 \mu\text{g N g}^{-1}$). This study showed that intercropping can enhance the soil structural stability through aggregates in a Mediterranean climate under irrigated conditions within a few years after establishment, but as a sole practice it does not improve soil C- and N-levels.

Keywords: cropping system, soil aggregation, carbon storage

Modelling grain legume-wheat and grain legume-rapeseed intercropping in Mediterranean conditions

Louise Blanc^{1,2}; Jorge Lampurlanés^{1,2}; Genís Simon-Miquel³; Daniel Plaza-Bonilla^{1,2}

¹Department of Agricultural and Forest Sciences and Engineering, University of Lleida, Av. Alcalde Rovira Roure 191, E-25198 Lleida, Spain

²Joint Research Unit CTFC – AGROTECNIO - CERCA, Av. Alcalde Rovira Roure 191, E-25198 Lleida, Spain

³Leibniz Centre for Agricultural Landscape Research (ZALF), Müncheberg 15374, Germany

* Corresponding author: louise.blanc@udl.cat

The increasing need for sustainable agriculture is driving interest in intercropping due to its multiple potential benefits, such as enhanced nitrogen and land use efficiency compared to sole crops (e.g. Jensen et al., 2020). However, predicting the benefits of intercropping remains a significant challenge because of the complex interactions between different plant species, their environment, and agricultural practices. Understanding these dynamic interactions throughout the growing season is essential, and soil-crop models play a critical role in this task. Despite their importance in conducting *ex-ante* evaluations of cropping systems, few models are currently capable of simulating intercropping. The STICS soil-crop model is one such tool. Its development has mostly been based on data from experiments in temperate climates (Vezy et al., 2022), however, few studies have evaluated its performance in modelling intercropping in Mediterranean regions (Kherif et al., 2022). Modelling intercropping systems in these areas can help pre-screen sustainable, manageable intercrop systems adapted to local conditions. This study aims to calibrate the latest version (10.1.1) of STICS soil-crop model and assess its ability to simulate intercropping systems in a Mediterranean irrigated context.

The Ebro valley in Spain was used as a case study. Durum wheat/winter pea (*Triticum durum* Desf./*Pisum sativum* L.), durum wheat/winter faba bean (*Vicia Faba* L.) and rape-seed (*Brassica napus* L.)/winter pea intercrops were assessed. The four species were calibrated as sole crops using data on grain yield, above-ground biomass and its N concentration, N derived from biological fixation (Ndfa), phenology, and soil water and nitrogen content, gathered from four field experiments. Two experiments were conducted under rainfed conditions from 2019 to 2022. The first experiment assessed pea, faba bean, and rapeseed under two nitrogen (N) fertilisation rates (0 and 120 kg N ha⁻¹ of ammonium sulfate as top-dressing applied to rapeseed and to the barley preceding the pea and faba bean) (Selvanera, Lleida; 41°49'52''N, 1°17'40''E) (Simon-Miquel et al., 2024), while the second focused on winter faba bean cultivars (Óriz, Navarra; 42°43'33"N, 1°36'7"E). The other two experiments were conducted under surface irrigated conditions. The first assessed winter faba bean cultivars from 2019 to 2022 (Bell-lloc d'Urgell, Lleida; 41°38'59"N, 0°46'10"E). The second included the three intercropping systems studied, sown in a replacement design at 50/50, and their respective sole crops.

In this last experiment, all cropping systems were assessed under two N fertilisation treatments: 0N (no mineral N fertilisation) and +N (75 kg mineral N ha⁻¹ applied each year), from 2020 to 2023 (Sucs, Lleida; 41°42'01"N 0°26'53"E). Additionally, variables such as LAI and crop height were measured as key indicators to understand interspecies interactions in intercropping. The data gathered from this experiment was then used to evaluate the model's performance in simulating these species in intercropping.

Results of the performance of STICS soil-crop model in simulating intercropped species under Mediterranean irrigated conditions will be presented.

Keywords: diversification, faba bean, pea, simulation, STICS model.

References:

- Jensen, E.S., Carlsson, G., Hauggaard-Nielsen, H., 2020. Intercropping of grain legumes and cereals improves the use of soil N resources and reduces the requirement for synthetic fertilizer N: A global-scale analysis. *Agron. Sustain. Dev.* 40, 5. <https://doi.org/10.1007/s13593-020-0607-x>/Published
- Kherif, O., Seghouani, M., Justes, E., Plaza-Bonilla, D., Bouhenache, A., Zemmouri, B., Dokukin, P., Latati, M., 2022. The first calibration and evaluation of the STICS soil-crop model on chickpea-based intercropping system under Mediterranean conditions. *Eur. J. Agron.* 133, 126449. <https://doi.org/10.1016/j.eja.2021.126449>
- Simon-Miquel, G., Reckling, M., Plaza-Bonilla, D., 2024. Faba bean introduction makes protein production less dependent on nitrogen fertilization in Mediterranean no-till systems. *F. Crop. Res.* 308, 109307. <https://doi.org/10.1016/j.fcr.2024.109307>
- Vezy, R., Munz, S., Launay, M., Agroclim, U.S., Ripoche, D., Agroclim, U.S., Justes, E., 2022. Modelling intercrops functioning to advance the design of innovative agroecological systems 0–31.

Impacto de la proporción de leguminosas en las propiedades de las cubiertas vegetales

Raúl San-Juan-Heras^{1,2*}, Miguel A. Porcel¹, Raúl Allende-Montalbán^{1,4}, María del Mar Delgado¹, Christian Tegha Kum¹, José Antonio Rodríguez-Martín¹, Alberto Lázaro-López¹, Rui Zhao¹, Miguel Quemada^{2,3}, José Luis Gabriel^{1,3}

¹ Departamento Medio Ambiente y Agronomía, Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria (INIA-CSIC), Ctra. de La Coruña, km 7.5, 28040 Madrid, España.

² Escuela Técnica Superior de Ingeniería Agronómica, Alimentaria y de Biosistemas (ETSIAAB), Universidad Politécnica de Madrid, Av. Puerta de Hierro 2, 28040, Madrid, España.

³ Centro de Estudios e Investigación para la Gestión de Riesgos Agrarios y Medioambientales (CEIGRAM-UPM), P.º de la Senda del Rey, 13, 28040 Madrid, España.

⁴ Universidad Autónoma de Madrid, Ciudad Universitaria de Cantoblanco, 28049, Madrid, España.

* Autor para correspondencia: Raúl San Juan Heras: raul.sanjuan@inia.csic.es

Resumen

Por un lado, la FAO ha identificado la alta tasa de degradación de los suelos mundiales como uno de los mayores retos a los que se enfrenta la humanidad. Por otro lado, con una población mundial en crecimiento que cada vez demanda más alimentos, resulta fundamental avanzar hacia un sistema agroalimentario cada vez más productivo y sostenible tanto económica como ambientalmente.

En este sentido, la inclusión de leguminosas en los ciclos de rotación de cultivos resulta fundamental. Podemos introducir estas especies tanto como cultivo principal, dentro del ciclo de rotación, como en forma de cultivo de servicio. La utilización de cultivos de servicio consiste en la implantación de cubiertas vegetales que consisten en una capa de vegetación, que se puede encontrar viva o muerta cubriendo la superficie del suelo. Si realizamos un manejo adecuado de estas cubiertas, podemos obtener numerosas ventajas entre las que podemos destacar la prevención de la erosión, la mejora de la fertilidad del suelo o el control de la flora arvense. Un manejo adecuado de estas cubiertas, así como una buena planificación respecto a las especies seleccionadas para conformar nuestra cubierta vegetal y la densidad de siembra resultan fundamentales si lo que buscamos es la sostenibilidad nuestros cultivos.

Con este trabajo, pretendemos por un lado estudiar el potencial de producción de forraje de la veza (*Vicia sativa* L.) sembrada sola o en distintas proporciones y densidades con cebada (*Hordeum vulgare* L.), tanto en sistemas de siembra directa como en laboreo tradicional. Pretendemos también evaluar el potencial de estos cultivos como mejoradores de las propiedades del suelo, de cara a su uso como cubierta vegetal en un sistema agrícola de secano en clima mediterráneo.

Para ello, se ha desarrollado un ensayo de campo durante 3 campañas agrícolas consecutivas (2021-2022, 2022-2023 y 2023-2024). El lugar elegido para el estudio ha sido la finca experimental “La Canaleja”, situada en el municipio madrileño de Alcalá de Henares (40°30'N, 3°18'W) y perteneciente al INIA-CSIC. La parcela de trabajo, que cuenta con una superficie de una hectárea se dividió en 6 bloques, 3 de los cuales venían precedidos por 10 años de manejo de siembra directa y otros 3 por 10 años de laboreo tradicional. Cada uno de estos 6 bloques (de 30 x 40 m) se subdividió a su vez en 8 parcelas de 30 x 5 m, para un total de 48 parcelas. Cada una de estas 8 parcelas se sembró durante 3 años consecutivos con una misma dosis de veza vs cebada, haciendo un seguimiento continuo del desarrollo de la mezcla y del impacto en

las propiedades del suelo, tratando de identificar así su idoneidad como cultivo principal forrajero o como cultivo cubierta o de servicio.

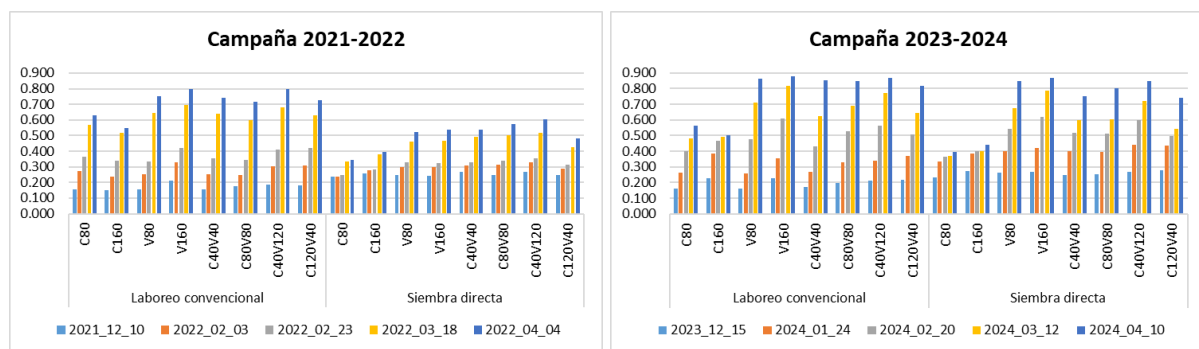
Además, se pretende evaluar, durante la próxima campaña (2024-2025), su impacto real en la calidad del suelo y el rendimiento de un trigo blando (*Triticum aestivum* L.) sembrado después de estos 3 años de cultivo de cubierta.

De esta forma, se definieron 8 tipos de parcelas diferentes:

- Cubierta vegetal de cebada (80 kg/ha)
- Cubierta vegetal de cebada (160 kg/ha)
- Cubierta vegetal de veza (80 kg/ha)
- Cubierta vegetal de veza (160 kg/ha)
- Cubierta vegetal de veza (40kg/ha) con cebada (40kg/ha)
- Cubierta vegetal de veza (80kg/ha) con cebada (80kg/ha)
- Cubierta vegetal de veza (120kg/ha) con cebada (40kg/ha)
- Cubierta vegetal de veza (40kg/ha) con cebada (120kg/ha)

Las parcelas se distribuyeron de forma aleatoria dentro de cada uno de los 6 bloques obteniéndose un total de 3 repeticiones para cada uno de los 16 tratamientos, combinando cada uno de los 2 tipos de manejo del suelo (siembra directa y laboreo convencional) y las 8 densidades de siembra.

Para hacer la caracterización de las cubiertas, se hizo un seguimiento continuo de 432 puntos (9 puntos por parcela) cuantificándola evolución de la cobertura vegetal, los índices de vegetación (NDVI y NDRE) o la producción final de biomasa en el momento de su terminación a finales de abril/primeros de mayo. También se está estudiando la calidad de la biomasa producida de cara a su uso en alimentación animal, así como la evaluación de su posible impacto en la recuperación de la calidad de los suelos de cara al cultivo siguiente, estudiando parámetros fisicoquímicos como el contenido de nutrientes presente en el suelo, la cantidad de carbono o el impacto en la compactación después de 3 años desde la implantación de estas cubiertas.



Evolución promedio del NDVI para las diferentes cubiertas vegetales bajo dos manejos agrícolas diferentes (Laboreo convencional y siembra directa) durante la primera y la última campaña estudiada (2021-2022 y 2023-2024).

Palabras clave: Agricultura sostenible, veza, roller crimper, agricultura regenerativa.

Diversificar el cultivo de garbanzo mediante mezclas de variedades como estrategia de adaptación en condiciones mediterráneas

M.R. Alarcón-Víllora^{1*}, A.M. Sánchez Álvarez², N. Bona Rosales¹, I. Hernando Pradies², A. Bermejo Cuadrado¹ y E. Hernández Plaza³

¹ Departamento de Investigación Agroambiental, IMIDRA, finca El Encín, Alcalá de Henares, Madrid, España

² Departamento de Biología y Geología, Física y Química Inorgánica. URJC, Madrid, España

³ Instituto de Investigación en Cambio Global (ICG-URJC). URJC, Madrid, España

⁴ Departamento de Protección Vegetal, CSIC-INIA. Madrid, España

*Autor para correspondencia: remedios.alarcon@madrid.org

Resumen

La situación de cambio global repercute en la disponibilidad de recursos naturales y en su aprovechamiento, lo que evidencia la necesidad de adaptar el funcionamiento del sistema agroalimentario a los retos que se plantean ante escenarios de cambio climático y de escasez de recursos. Una de las propuestas más relevantes, orientada a conseguir dicha adaptación, señala distintas acciones cuyo objetivo común es el incremento en el consumo de proteína vegetal. Se abre una oportunidad para el cultivo de leguminosas y se evidencia la necesidad de investigación en aquellos aspectos agroecológicos que permitan superar el declive de estos cultivos, como es el manejo de las arvenses. Urge abordar nuevas estrategias de cultivo, especialmente en el contexto mediterráneo en secano. Recientemente se han realizado estudios que evalúan el efecto beneficioso de la diversificación del cultivo, por ejemplo, las mezclas de especies. Incluso, se han presentado resultados de experiencias de diversificación basadas en la mezcla de variedades. Sin embargo, desde una perspectiva agroecológica, no hay trabajos que evalúen el efecto de la diversificación del cultivo sobre las arvenses y sobre el rendimiento del cultivo. En este trabajo presentamos resultados procedentes de un ensayo de diversificación mediante el cultivo de mezclas de variedades de garbanzo. Consideramos que un incremento en el número de variedades podría facilitar procesos de complementariedad en el uso de los recursos disponibles bajo condiciones de escasez, lo que puede proporcionar una ventaja al garbanzo sobre las arvenses en términos competitivos, con beneficios sobre su rendimiento.

En otoño de 2021, en la finca El Encín (Alcalá de Henares, Madrid) se dispuso una rotación de trigo-garbanzo en un ensayo de 100 parcelas, de 80 m², distribuidas en 4 bloques al azar. En los dos cultivos se establecieron mezclas de 2, 4 y 8 variedades frente a monocultivo, contando con 12 parcelas para cada nivel de diversificación y cultivo. El objetivo era evaluar si el aumento del número de variedades (VAR) supone un incremento en la diversidad funcional del cultivo y si este cambio funcional redundaba en una menor abundancia de las arvenses y en un mayor rendimiento del cultivo. Aquí presentamos los resultados del garbanzo de la campaña 2023 en la que preparamos las mezclas a partir de una colección de 10 variedades de garbanzo tipo *desi* y *kabuli*. Contamos con variedades certificadas y ecotipos locales. En cada una de las parcelas se muestreó la abundancia de las arvenses y el rendimiento del cultivo en 2 marcos de 1 m². Además, en cada parcela se cogieron 12 plantas de garbanzo, a las que se les midió su altura (PH), el contenido en materia seca (LDCM) y el área foliar específica (SLA). Estas dos últimas medidas se realizaron en 2 hojas de cada planta. Con los datos obtenidos se calculó el valor

promedio de cada rasgo y la desviación estándar (SD). Evaluamos el efecto del número de variedades (variable explicativa) sobre la estructura funcional del cultivo, incluyendo como variable respuesta el valor promedio de cada rasgo y su SD. Para analizar la respuesta del garbanzo y de las arvenses al incremento de la diversidad del cultivo, consideramos como variables explicativas, el número de variedades (VAR) y a la diversidad funcional del garbanzo (SD y valor promedio del rasgo). Todos los análisis se realizaron en el entorno de R mediante modelos generalizados lineales mixtos, con el bloque como factor aleatorio.

Nuestros modelos no detectaron efectos sobre la diversidad funcional del cultivo asociados al incremento de variedades. Es decir, no encontramos diferencias significativas en ninguno de los rasgos estudiados (altura de la planta, LDMC y SLA). Sin embargo, detectamos que algunos aspectos de los rasgos (SD o el valor promedio del rasgo) afectaron al rendimiento y a la abundancia de las arvenses (Tabla 1). En concreto, sobre el rendimiento se detectó que una mayor altura de las plantas afectó positivamente al rendimiento, mientras que la relación fue negativa entre el rendimiento y la diversidad de SLA (SD_SLA). Además, se observó que mayor SD_SLA se relacionó con una mayor abundancia de arvenses. Por otra parte, detectamos un efecto de la diversidad funcional del cultivo sobre las arvenses condicionado al número de variedades en la mezcla (interacciones entre el número de variedades y SLA y LDMC). En resumen, no se observó ninguna relación entre el incremento del número de variedades y la diversidad funcional del garbanzo. Sin embargo, dicha diversidad funcional afectó al rendimiento del cultivo y a la abundancia de arvenses. Si tenemos en cuenta que la relación entre el rendimiento del garbanzo y la abundancia de arvenses es dependiente del número de variedades (Alarcón et al., 2024), estos resultados muestran la necesidad de profundizar en el conocimiento sobre aquellos aspectos de la estructura funcional del cultivo que permiten asegurar el rendimiento y manejar las arvenses. Además, sería preciso evaluar la calidad de las cosechas procedentes de cultivos diversificados mediante mezclas de variedades.

Modelo A			Modelo B		
Variable explicativa	Rendimiento (g m ⁻²)	Abundancia arvenses (individuos m ⁻²)	Variable explicativa	Rendimiento (g m ⁻²)	Abundancia arvenses (individuos m ⁻²)
VAR	ns	ns	VAR	ns	ns
SLA	ns	*	SD_SLA	*	*
PH	***	ns	SD_PH	ns	ns
LCDM	ns	*	SD_LCDM	ns	ns
VAR*SLA	ns	*	VAR*SD_SLA	ns	ns
VAR*PH	ns	ns	VAR*SD_PH	ns	ns
VAR*LDMC	ns	*	VAR*SD_LDMC	ns	ns
R ² _m	0.35	0.27	R ² _m	0.23	0.21
R ² _c	0.59	0.62	R ² _c	0.61	0.59

Tabla 1. Efectos del número de variedades y de los aspectos funcionales del cultivo sobre su rendimiento y sobre la abundancia de arvenses. **Modelo A:** resultado del test Anova cuyas variables explicativas son los efectos del número de variedades y del valor promedio de los rasgos medidos en 12 plantas de garbanzo. **Modelo B:** resultado del test Anova cuyas variables explicativas son el número de variedades y la desviación estándar (SD) de los rasgos medidos en 12 plantas de garbanzo. VAR: Número de variedades. SLA: área foliar específica (mm mg⁻¹), PH: Altura de la planta (cm); LCDM: contenido en materia seca de la hoja (g). Resultado del test Anova de los factores fijos de los modelos generalizados mixtos. Los coeficientes de determinación marginal (R_{2m}) y condicional (R_{2c}) representan la varianza explicada por los factores fijos y el modelo completo respectivamente. ns= no significativo. (* p<0.05, ***p < 0,001).

Palabras clave: Diversidad funcional, garbanzos *desi*, garbanzo *kabuli*, manejo de arvenses, rendimiento del cultivo.

Screening and identification of aerobic soil bacteria capable of deoxynivalenol detoxification

N. Martínez-Reyes^{1*}, R. Montes-Ruiz², S. P. McCormick³, R. H. Proctor³, R. E. Cardoza¹, D. Ramírez-Lozano², S. Mayo-Prieto², A. Rodríguez-González², G. Carro-Huerta², L. Zanfaño², P. A. Casquero², S. Gutiérrez¹

1 University Research Group on Engineering and Sustainable Agriculture (GUIIAS), Area of Microbiology, Ponferrada Campus, Universidad de León, Avenida de Astorga, 24401 Ponferrada, Spain

2 University Research Group on Engineering and Sustainable Agriculture (GUIIAS), Institute of Environment, Natural Resources, and Biodiversity, School of Agricultural and Forestry Engineering, University of León, Avenida de Portugal nº41, 24009 León, Spain

3 Mycotoxin Prevention and Applied Microbiology Research Unit, National Center for Agricultural Utilization Research, U.S. Department of Agriculture, Peoria, USA

*Correspondence author: nmarr@unileon.es

Abstract

Pulses, dry grains of the Fabaceae family used for food and feed, are particularly important agricultural products with increasing commercial and nutritional relevance. Pulses can be affected by fungi in the field and during postharvest. Some of these fungi produce mycotoxins, which can seriously threaten human and animal health by causing acute poisoning and chronic effects.

Trichothecene mycotoxins comprise a large family of toxic fungal metabolites characterized by a shared tetracyclic 12,13-epoxytrichothecene structure. Among these, deoxynivalenol (DON) is particularly prevalent in food products, such as cereals, legumes, and their processed products. While fungicides are commonly used to combat pathogenic fungi and reduce mycotoxin levels, alternative methods have been investigated, including the development of fungus-resistant crop varieties and post-contamination treatments such as heat processing, activated carbon application, and probiotics use. Despite these preventive measures, evidence suggests ongoing low-level dietary exposure to DON, raising health concerns for both humans and animals¹.

Considering this, enzymatic detoxification presents a promising solution for the remediation of contaminated grains. It has been shown that DON and other mycotoxin levels are higher in plants than in the soil, and that soil bacteria are able to transform DON in their natural ecological niche conditions². This research focuses on the search of aerobic soil bacteria capable of metabolizing trichothecenes, with a focus on DON, from soil samples of our region.

Soil samples were obtained from various locations, including fields known to harbor trichothecene-producing *Trichoderma*, *Fusarium*-infected crop areas, deliberately *Trichoderma*-inoculated soils, and diverse cultivar sites. The screening process revealed that the bacterial populations of some soil samples were able to almost completely reduce DON content in the media, which was assessed by HPLC-UV analysis. After soil sample screening, bacterial populations were cryogenically stored for subsequent analyses. These bacteria were isolated using solid media cultures and their genetic identities were determined, revealing a notable variety of species within the populations. Ongoing studies are centered on assessing the DON degradation capabilities of these isolated bacterial strains. Future research plans involve evaluating the toxicity on cell cultures of the

resulting DON degradation products, and conducting RNA-seq analysis on bacterial strains capable of degrading DON to identify potential enzymes responsible for this activity. The discovery of eco-friendly solutions like enzymatic detoxification of DON shows potential for protecting food and feed quality, tackling crucial issues in agricultural and public health sectors.

Keywords: deoxynivalenol, trichothecenes, detoxification, biotransformation, soil bacteria.

References

¹ Knutsen, H. K.; Alexander, J.; Barregård, L.; Bignami, M.; Brüschweiler, B.; Ceccatelli, S.; Cottrill, B.; Dinovi, M.; Grasl-Kraupp, B.; Hogstrand, C.; Hoogenboom, L.; Nebbia, C. S.; Oswald, I. P.; Petersen, A.; Rose, M.; Roudot, A. C.; Schwerdtle, T.; Vleminckx, C.; Vollmer, G., ... Edler, L., Risks to human and animal health related to the presence of deoxynivalenol and its acetylated and modified forms in food and feed, 2017, EFSA Journal, 15(9) doi.org/10.2903/J.EFSA.2017.4718

² Kenngott, K.G.J., Muñoz, K. The potential of soil microbial communities to transform deoxynivalenol in agricultural soils—a soil microcosm study. *Mycotoxin Res* **40**, 295–307 (2024). <https://doi.org/10.1007/s12550-024-00526-5>

Eficacia de la microencapsulación de cepas autóctonas de *Trichoderma*

L. Zanfaño^{1*}, A. Grenha³, J. Pinto-da-Silva³, J.F. Pontes³, C. Viegas³, D. Ramírez-Lozano¹, G. Carro-Huerga¹, A. Rodríguez-González¹, S. Mayo-Prieto¹, R. Montes-Ruiz¹, R.E. Cardoza², N. Martínez-Reyes², S. Gutiérrez² y P.A. Casquero¹

¹ Grupo de Investigación de Ingeniería y Agricultura Sostenible (GUIIAS). Instituto de Medio Ambiente, Recursos Naturales y Biodiversidad, Universidad de León Av. Portugal 41, 24071 León, España.

² Grupo Universitario de Investigación en Ingeniería y Agricultura Sostenible (GUIIAS). Área de Microbiología. Escuela de Ingeniería Agraria y Forestal. Campus de Ponferrada. Universidad de León. León. España.

³ Centre for Marine Sciences (CCMAR), Universidade do Algarve, 8005-139 Faro, Portugal

*Autor para correspondencia: lzang@unileon.es

Resumen

La judía común (*Phaseolus vulgaris* L.) es uno de los cultivos de leguminosas más importante a nivel mundial. Solo en España se cultivan más de 5.000 ha de las cuales un 43% de esta superficie se encuentra ubicada en la provincia de León. En los últimos años este cultivo se está enfrentado a diversas dificultades debido al aumento de la incidencia de enfermedades causadas por hongos del suelo, los cuales producen podredumbres radiculares. Este hecho combinado con la falta de productos fitosanitarios autorizados para combatir estas enfermedades ha llevado a la búsqueda de alternativas más respetuosas con el medio ambiente. Este es el caso de *Trichoderma*, un hongo con capacidad de biocontrol y con múltiples beneficios para el cultivo de la judía como se ha demostrado en diferentes estudios (Mayo-Prieto *et al.*, 2020).

Con el fin de obtener un producto formulado a base de *Trichoderma* de alta eficacia para su aplicación en suelos de cultivo de judía, se ha llevado a cabo la técnica de microencapsulación de la cepa de *Trichoderma* T059, aislada de suelo dedicado al cultivo de la judía en la zona del Páramo de León.

La microencapsulación es el proceso mediante el cual uno o varios compuestos de interés, en este caso *Trichoderma*, se rodean de un recubrimiento o son incrustados en una matriz, dando lugar a partículas que pueden variar de submicras a varios milímetros de tamaño. El objetivo de este proceso es la protección del compuesto de interés, localizándose este en el núcleo de las partículas, rodeados por otras sustancias utilizadas como recubrimiento, o bien embebido en una matriz compuesta por otro material. El material presente en la cubierta o en la matriz actúa como barrera física, protegiendo a los compuestos encapsulados de agentes externos, posibilitando una liberación controlada y evitando pérdidas.

La técnica de microencapsulación empleada ha sido el secado por atomización (Grenha *et al.*, 2023). Con esta técnica se lleva a cabo la mezcla de los compuestos de interés con el material encapsulante (*Trichoderma*). La dispersión resultante se introduce en la boquilla del secador por pulverización, donde se atomiza en forma de spray en presencia de aire caliente que permite la evaporación del disolvente utilizado. Conduciendo esto a la formación de micropartículas.

En este ensayo se prepararon micropartículas de tres composiciones diferentes, correspondientes a una matriz de manitol, otra de alginato y otra de quitosano. Los

disolventes utilizados fueron agua para el caso del manitol y el alginato y ácido acético al 1% para el quitosano.



Fig. 1. Aspecto final de los microencapsulados de *Trichoderma*.

La matriz de manitol fue la que mostró mayor eficiencia con un porcentaje del 85 %, seguida por el empleo de alginato con un 75 % y con quitosano que registró un 64%. Si bien, los resultados son preliminares se puede concluir que el trabajo establece un punto de partida en el microencapsulado de aislamientos de *Trichoderma* autóctono para seguir investigando formulaciones que favorezcan la supervivencia de organismos beneficiosos para desarrollo de las leguminosas.

Palabras clave: *Trichoderma*, formulado, microencapsulado y judía.

Agradecimientos: Becas concedidas a Laura Zanfaño González (FPU 20/03040) por el Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades; Natalia Martínez Reyes con una ayuda a la contratación de personal investigador de reciente titulación universitaria concedida al amparo de la Orden EDU/875/2021, de 13 de julio; Rocío Montes Ruiz (645695) por la Consejería de Educación de la Junta de Castilla y León en la convocatoria PR-2022 publicada en la Orden de 26 de agosto de 2022; Daniela Ramírez Lozano por la Universidad de León y Fundación Carolina Rodríguez 2022. Esta investigación ha sido financiada por el proyecto nacional (PID2021-123874OB-I00) (Ministerio de Ciencia e Innovación).

Bibliografía

Grenha, A., Guerreiro, F., Lourenço, J. P., Lopes, J. A., & Cámara-Martos, F. (2023). Microencapsulation of selenium by spray-drying as a tool to improve bioaccessibility in food matrix. *Food Chemistry*, 402. <https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2022.134463>

Mayo-Prieto, S., Campelo, M.P., Lorenzana, A. *et al.* Antifungal activity and bean growth promotion of *Trichoderma* strains isolated from seed vs soil. *Eur J Plant Pathol* **158**, 817–828 (2020). <https://doi.org/10.1007/s10658-020-02069-8>

Impact of increased CO₂ on growth, yield, and nutritional content of four local genotypes of legumes

Mohammad Abdullah^{1*}, Nieves Goicoechea¹, Johann Martínez-Lüscher¹, Cristina Mallor², Idoia Garmendia³

¹ Universidad de Navarra-Instituto de Biodiversidad y Medioambiente (BIOMA), Plant Stress Physiology Group (Associated Unit to CSIC, EEAD, Zaragoza), Irunlarrea 1, E-31008, Pamplona, Navarra, Spain.

² Centro de Investigación y Tecnología Agroalimentaria de Aragón (CITA), Av. De Montañana 930, 50059 Zaragoza, Aragón, Spain. Instituto Agroalimentario de Aragón-IA2 (CITA-Universidad de Zaragoza)

³ Universidad de Alicante. Departamento de Ciencias de la Tierra y del Medio Ambiente

*Autor para correspondencia: mabdullah@alumni.unav.es

Resumen

Even though climate change may negatively impact agriculture production, surges in atmospheric CO₂ levels may increase crop yield. Since nitrogen is not as much of a growth-limiting factor for legumes, a more robust response is expected from them. However, there are still concerns about reducing the nutritional value of crops under elevated CO₂. This study aimed to evaluate the effects of CO₂ at ambient (415 ppm) and elevated (700 ppm) levels, in a greenhouse, on four local Fabaceae genotypes: *Lens culinaris* (lentil, LE), *Vicia faba* (faba bean, FB), *Lathyrus sativus* (chickling vetch, CV), and *Cicer arietinum* (chickpea, CP). Plants were separated into roots, leaves, stems, pods, and seeds at harvest. A spectrophotometer analyzed homogenized dried seeds for total soluble proteins, starch, and total soluble phenolics with a spectrophotometer. Monosaccharides and amino acid profiles were determined using HPLC-FLD. Mineral analysis was done using an inductively coupled plasma optical emission spectroscopy (ICP-OES).

The vegetative dry mass of all varieties showed a pattern of accretion under elevated CO₂, with CP being significant. There was a decline in seed yield in CP, while it increased in all other varieties, the increase was substantial in CV. While there were no significant changes in protein content, FB and CP did exhibit a downward trend. Elevated CO₂ increased the production of local legumes while their composition was barely affected. The total free amino acid content of the varieties increased except for LE which showed a slight decrease; CV was significant. Starch increased in all the types, except in CV, which showed a reduction. Total soluble monosaccharide content varied little, except for FB, which had a significantly elevated CO₂. Boron and Phosphorus content was reduced under elevated CO₂.

In conclusion, elevated CO₂ does affect productivity and composition. The variety of CV and FB responded strongly to the elevated CO₂. While further research is necessary to understand the mechanisms underlying legumes' elevated CO₂ responses fully, it is clear that incorporating this knowledge into legume breeding programs will be crucial to future yield increases by optimizing the positive effects of CO₂ and mitigating its negative effects.

Keywords: climate change; elevated CO₂; local varieties; food security; nutritional composition.

Acknowledgments: The authors thank Julen Muguiro, Amadeo Urdiain, Mónica Oyarzun, and Héctor Santesteban for their excellent technical support. This study was funded by the "ANDIA Talento Senior 2021" (Gobierno de Navarra) and MRR Investigo (Gobierno de Navarra) (J Muguiro's contract).

Cambio climático y resiliencia de la agricultura catalana: impulso interdisciplinar y multi-escala de la diversificación con leguminosas como estrategia de mitigación y adaptación

D. Plaza-Bonilla^{1*}, J. Casals^{2,3}, J. Doltra⁴ y A. Solé-Llussà⁵

¹ Departamento de Ciencia e Ingeniería Forestal y Agrícola - Agrotecnio-CERCA Center, Universidad de Lleida, Av. Alcalde Rovira Roure, 191, 25198, Lleida.

² HorPTA, Departamento de Ingeniería Agroalimentaria y Biotecnología, Universidad Politécnica de Cataluña (UPC)-BarcelonaTech, Castelldefels, Barcelona.

³ Fundació Miquel Agustí, Castelldefels, Barcelona.

⁴ Programa de Cultivos Extensivos Sostenibles, IRTA Mas Badia, La Tallada d'Empordà, Girona.

⁵ Departamento de Ciencias de la Educación, Universidad de Lleida, Campus de Cappont, Av. de l'Estudi General, 4, 25001, Lleida.

*Autor para correspondencia: daniel.plaza@udl.cat

Resumen

La agricultura representa alrededor del 14% de las emisiones mundiales de gases de efecto invernadero (GEI). Los cultivos extensivos, principalmente cereales, cubren alrededor de 520.000 ha, de un total de 828.000 ha agrícolas en Cataluña. Su productividad se basa en prácticas de manejo que implican una baja diversidad de cultivos, largos períodos de suelo desnudo expuesto a la degradación y el uso de cantidades significativas de fertilizantes nitrogenados, lo que genera emisiones de GEI a la atmósfera y una importante huella de carbono. En esta comunicación presentaremos las actividades en curso del proyecto Legitimada y sus primeros resultados. El principal objetivo de Legitimada es crear conocimiento e impacto socioeconómico en la mitigación y adaptación al cambio climático en la producción agrícola catalana a través de una estrategia interdisciplinar y multi-escala basada en la diversificación de los sistemas agrícolas con leguminosas. Legitimada se basa en la fijación biológica de nitrógeno mediante la simbiosis de leguminosas y bacterias y en la capacidad de las leguminosas de aportar proteínas a la dieta humana con una baja huella ambiental, como estrategia de mitigación y adaptación al cambio climático.

Se dedicarán experimentos de campo, tanto en estaciones experimentales como en explotaciones comerciales con la participación de productores, a evaluar el papel de la introducción de leguminosas (como cultivos en solitario, intercaladas con cereales u oleaginosas y/o como cultivos cubierta) en el secuestro de C orgánico del suelo y la mitigación de las emisiones de GEI en sistemas agrícolas representativos de Cataluña: ambientes semiáridos y frescos del interior, zonas subhúmedas del litoral y zonas de regadío de la Plana de Lleida (Figura 1). Al mismo tiempo, se analizará el potencial de la diversidad genética local de la judía (*Phaseolus vulgaris* L.) para su adaptación al estrés hídrico y las altas temperaturas en sistemas de cultivos hortícolas y herbáceos. Finalmente, se escalarán las estrategias de mitigación y adaptación a la superficie global de cultivos herbáceos en Cataluña, teniendo en cuenta las diferentes características edáficas, climáticas y de gestión mediante la modelización basada en procesos con STICS. La modelización se utilizará como herramienta tecnológica educativa o laboratorio virtual para la enseñanza y difusión del conocimiento a estudiantes universitarios y de formación profesional del ámbito agroalimentario y pedagógico (por ejemplo, futuros técnicos agrícolas, agricultores y profesores de ciencias experimentales).

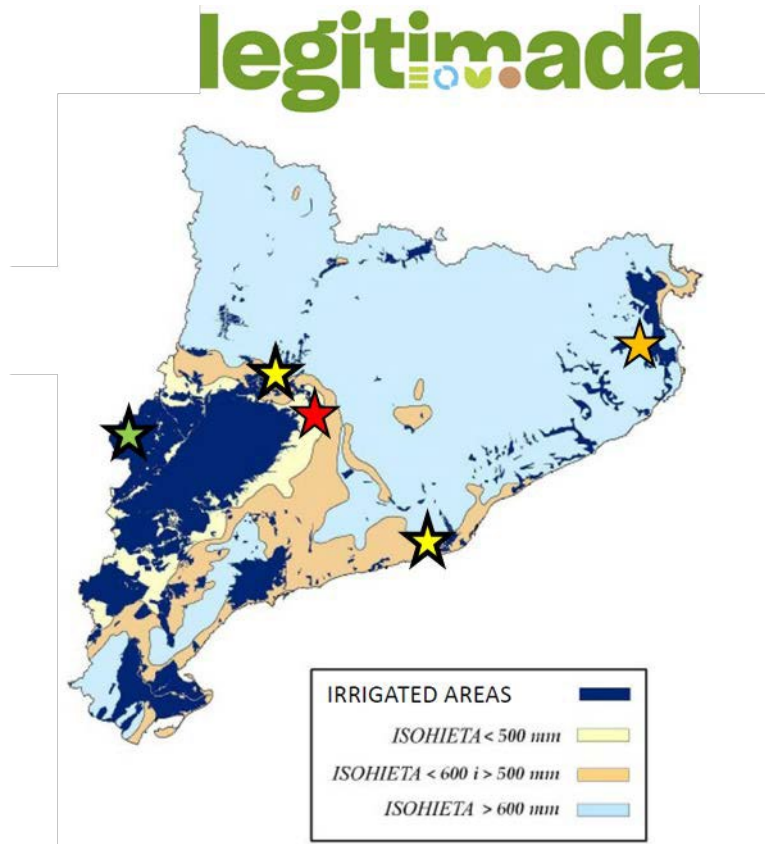


Figura 1. Localización de ensayos de campo del proyecto Legitimada en Cataluña: rojo, secano semiárido (rotaciones con guisante, *Pisum sativum* L., y habines, *Vicia faba* L.); naranja, secano subhúmedo (cultivo asociado de trigo y habines); verde, regadío (asociación de trigo duro con guisante o habines y de colza con guisante; habines como cultivo cubierta antes de maíz); amarillo, ensayos de material vegetal de judía en extensivo en el interior semifrescal y hortícola en el litoral.

Palabras clave: adaptación; cambio climático; leguminosas; Mediterráneo; mitigación.

Oportunidad de cultivo de *Vigna unguiculata* en las condiciones agroclimáticas de A Limia (Ourense)

S. Álvarez*, N. López, K. Anta, M. Muínelo.

Centro Agrogandeiro, INORDE, Explanada Pabellón de deportes S/N, Xinzo de Limia 32630, Ourense.

*Autor para correspondencia: Servando Álvarez Pousa: direccion.centroagrogandeiro@inorde.com

Resumen

La comarca de A Limia es una de las principales zonas agrícolas de Galicia, sin embargo, en esta amplia zona productiva con sus más de 25.000 ha se sigue abusando de un modelo basado en el binomio trigo-patata. Esta situación, pese a iniciativas encaminadas a la introducción de nuevos cultivos, se ha agravado en los últimos años debido a los efectos de un cambio climático que desdibuja los patrones meteorológicos de las cuatro estaciones clásicas. Esta realidad prácticamente elimina la posibilidad de introducir nuevos cultivos en los ciclos de rotación de otoño-invierno debido a la acumulación de precipitaciones en dicho periodo y una gran facilidad para episodios de inundación en la comarca. Por el contrario, el periodo primavera-verano evoluciona hacia temporadas de temperaturas inusualmente altas y la práctica totalidad de precipitaciones.

En el presente estudio se evalúa la capacidad de *Vigna unguiculata* como leguminosa capaz de soportar altas temperaturas y baja pluviometría, como cultivo tardío de primavera en comparación con la respuesta de la veza en condiciones ecológicas.

Palabras clave: Caupí, Veza, rotación de cultivos, suelo, Biodiversidad.

Respuesta frente a la competencia de la flora arvense de tres cultivos alternativos en las condiciones agroclimáticas de la comarca de A Limia

N. López*, S. Álvarez, K. Anta, M. Muinelo.

Centro Agrogandeiro, INORDE, Explanada Pabellón de deportes S/N, Xinzo de Limia 32630, Ourense.

*Autor para correspondencia: Nuria López Araujo nurialopezaraujo@gmail.com

Resumen

La estrategia de la granja a la mesa impulsada por la Comisión Europea y su implicación en la elaboración de la política agraria común y por tanto sus consecuencias en referencia a las líneas de ayuda que desde ella se generan, obligan a los productores a la introducción de un mayor número de cultivos a la hora de velar por la sostenibilidad y un correcto mantenimiento de la calidad de los suelos agrícolas.

Por otro lado, aunque con especial relación con el párrafo anterior, el mercado y por tanto los consumidores exigen un mayor número de productos de corte ecológico por lo que sería deseable que además de incorporar nuevos cultivos a los ciclos de rotación, éstos se produzcan bajo la filosofía de la agricultura ecológica.

Uno de las principales amenazas de los cultivos plantados en A Limia (Ourense) es la competencia de las “malas hierbas” con los mismos, de tal forma que el empleo de herbicidas se convierte en práctica más que habitual.

En el presente trabajo se evalúa la resistencia de tres cultivos, trigo sarraceno, pasto de sudan y caupí frente a la proliferación de flora arvense en condiciones de cultivo ecológico.

Palabras clave: Caupí, trigo sarraceno, pasto de sudan, biodiversidad, flora arvense.

Buenas prácticas para la producción de semilla de calidad en las IGP de legumbres de Castilla y León

M.C. Asensio-S.-Manzanera^{*1}, J. Garita-Cambronero¹, Y. Santiago¹, N. Armenteros², A. Villacé³, E. del Río⁴

¹ ITACyL, Finca Zamadueñas, Ctra Burgos km 119, 47071 Valladolid (España)

² Legumbres de Calidad, Plaza Catalina Armenteros s/n, 37428 Pajares de la Laguna (Salamanca)

³ Consejo Regulador de la IGP de la Lenteja de Tierra de Campos, C/ Venecia 6, 47680 Mayorga (Valladolid)

⁴ Consejo Regulador de la IGP de la Alubia de La Bañeza-León, Avda. de Portugal s/n, 24750 La Bañeza (León)

*Autor para correspondencia: asesamr@itacyl.es

Resumen

Dentro del escenario actual, con consumidores cada vez más sensibilizados con la sostenibilidad de la agricultura y la despoblación de las zonas rurales, así como con la alimentación saludable al utilizar recursos ricos en proteína vegetal, los alimentos tradicionales como las legumbres, producidos en sistemas agrarios tradicionales juegan un papel importante y son cada vez más valoradas.

Castilla y León es la Comunidad Autónoma con más figuras de calidad de legumbres de España: I.G.P. Judías del Barco de Ávila, I.G.P. Alubia de la Bañeza-León, I.G.P. Lenteja de la Armuña, I.G.P. Lenteja de Tierra de Campos, I.G.P. Garbanzo de Fuentesauco; M.G. Garbanzo de Pedrosillo, M.G. Judión de la Granja y M.G. Garbanzo de Valseca. Según el Servicio de Estudios, Estadística y Planificación Agraria – JCyL, en el 2023, alrededor del 20% (7.186 ha) de la superficie sembrada de legumbres en la Comunidad están amparadas por alguna de estas figuras de calidad, notándose un descenso con respecto a campañas anteriores debido a la desaparición de la ayuda específica a las legumbres de calidad. De esta superficie total, el 70% corresponde a la IGP Lenteja de Tierra de Campos (5.042 ha).

La trazabilidad de cualquier sistema de calidad empieza por el origen de la cadena productiva: la semilla. Sin embargo, las variedades amparadas por las figuras de calidad son variedades locales, que están fuera del circuito de comercialización de semillas convencional. El objetivo del proyecto es poner en marcha, junto a los Consejos Reguladores de las principales IGPs, un sistema de conservación y multiplicación de semillas de calidad de legumbres de Castilla y León, que garantice la trazabilidad y calidad de estos productos.

Para aquellos productos para los que se cuenta con variedades registradas, en la campaña 2023-2024 se han multiplicado las generaciones G0, G1 y G2, con el fin adecuar su producción al Reglamento de Control y Certificación de Semillas de Hortícolas. En el caso de las cuatro variedades de judías de la IGP Alubias de La Bañeza-León, que aún no están registradas, se ha iniciado un proceso de selección basado en plantas individuales que en las próximas campañas dé como resultado la generación G0 necesaria para regularizar el proceso de Control y Certificación de Semillas. Al mismo tiempo, se han multiplicado diferentes lotes de semilla disponibles en las mejores condiciones sanitarias posibles, para abastecer las necesidades de la IGP.

En cuanto al estado sanitario de las judías en relación a bacteriosis transmitidas por semilla (*Pseudomonas savastanoi* pv. *phaseolicola*, Psp, y *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli*, Xap), se ha analizado la semilla de los lotes sembrados mediante PCR a tiempo real, arrojando los siguientes resultados: de los 14 lotes analizados, 3 lotes han resultado positivos a Psp y 6 lotes han sido positivos a Xap. Se está intentando poner a punto una técnica de detección de Psp y Xap en suelo, para identificar aquellas parcelas libres de patógenos que sean aptas para la multiplicación de semilla.

Finalmente, otro de los objetivos del proyecto consiste en recopilar datos sobre la dinámica poblacional de los gorgojos de la lenteja (*Bruchus lentis*) durante el ciclo de cultivo para determinar el momento óptimo de aplicación de los tratamientos insecticidas que actualmente se realizan de forma rutinaria en campo. Para ello, se han instalado trampas pegajosas amarillas y se han realizado capturas con manga entomológica cada 10 días, en campos de lenteja, desde del momento de la floración a la cosecha. También se están llevando a cabo ensayos para determinar la duración de la fase de huevo a adulto en grano según la temperatura con el fin de reducir los daños en los almacenes.

Este trabajo ha sido realizado en el marco del proyecto: “Buenas prácticas para la producción de semilla de calidad en las IGP de legumbres de Castilla y León” financiado con cargo a la medida 16.2 del PDR de Castilla y León (2014-2020) y co-financiado con Fondos FEADER.

Palabras clave: garbanzo, lenteja, judía, *Pseudomonas*, *Xanthomonas*, *Bruchus*

Impacto de diferentes estrategias de control de malas hierbas en cultivos de leguminosas en Agricultura de Conservación

A. Martínez-Santamaría*, M. Alonso-Ayuso, A. Sombrero, M. Dachraoui, A. Santiago Pajón, R. Barragán, M.C. Asensio-S.-Manzanera.

Área de Investigación Agrícola, Instituto Tecnológico Agrario de Castilla y León (ITACYL), Ctra. Burgos Km. 119, 47071 Finca Zamadueñas, Valladolid, España

*Autor para correspondencia: marsanan@itacyl.es

Resumen

La Agricultura de Conservación es un sistema de producción agrícola que busca preservar y mejorar la salud del suelo y los recursos naturales mediante la adopción de prácticas sostenibles, que incluyen la reducción del laboreo y el mantenimiento del suelo cubierto. Entre sus principales beneficios se encuentra la mejora de la salud del suelo a través de la reducción de la erosión, la conservación del agua o la mejora de la fertilidad; el ahorro energético y la reducción de costes; o la mitigación del cambio climático. Sin embargo, estas prácticas llevan asociado un problema con las comunidades arvenses, que hace que la Agricultura de Conservación sea más dependiente del uso de herbicidas, lo que plantea preocupaciones sobre la resistencia a estos productos y su impacto ambiental a largo plazo. Por ello, es fundamental identificar e implementar estrategias de control mecánico de malas hierbas - como el uso de roller-crimper o el pase de grada de púas - que permitan asegurar la sostenibilidad y productividad de este tipo de sistemas.

El objetivo de este estudio fue evaluar el impacto de la combinación de diferentes métodos de laboreo (mínimo laboreo vs. siembra directa) con diferentes estrategias de control de malas hierbas (químico vs. mecánico) en la productividad de cultivos de leguminosas, y en la densidad, biomasa y diversidad de la flora arvense. Para ello, durante dos campañas consecutivas (2020 y 2021) se realizó un estudio en un ensayo de larga duración de Agricultura de Conservación (iniciado en 2004) en secano ubicado en la finca experimental del Instituto Tecnológico Agrario de Castilla y León (Valladolid).

Para el desarrollo de este experimento se contó con 36 parcelas de un tamaño de 9 x 20m², con un diseño split-plot, donde el factor principal es el sistema de laboreo (mínimo laboreo, ML; y siembra directa, SD) y el factor secundario es la estrategia de control de malas hierbas (química o mecánica). La rotación fue trigo-cebada-leguminosa (veza y garbanzo, en la primera y segunda campaña respectivamente), viéndose representado cada cultivo de forma uniforme (12 parcelas cada uno) y asegurando la presencia de todos los cultivos cada año de estudio. En las parcelas de ML (chísel a 20 cm + pase de cultivador en pre-siembra) el control químico consistió en la aplicación de un herbicida de post-emergencia y para el control mecánico un pase de grada de púas. En cambio, en SD, el control químico consistió en dos tratamientos de herbicida (en pre-siembra y en post-emergencia), y para el control mecánico, se realizó en pre-siembra un pase de roller-crimper. La fertilización, en el caso de los cereales, fue similar para todos los tratamientos.

En cada una de las campañas, en el momento de espigado de los cereales y floración de las leguminosas, se tomaron dos cuadrantes de 0.25m² por parcela, y en cada uno de ellos, se identificaron y contaron las especies de malas hierbas para determinar la densidad (nº de plantas m⁻²), la riqueza y diversidad (índice de Shannon) de especies de malas hierbas; y se

determinó la biomasa (kg ha^{-1}). Más adelante, se determinó el rendimiento del cultivo en cada una de las parcelas con datos recogidos de cosecha ($\text{kg de grano M.S. ha}^{-1}$). Los resultados fueron procesados y analizados estadísticamente para cada uno de los cultivos; aunque se exponen aquí únicamente los resultados obtenidos para el cultivo de leguminosas.

La biomasa de malas hierbas fue significativamente más alta en el año 2020 que en el año 2021. Asimismo, tanto la biomasa como la densidad de malas hierbas bajo control químico fueron menores a los obtenidos bajo control mecánico, lo que podría indicar una mayor eficacia del control de las malas hierbas. No se observaron diferencias significativas en riqueza y diversidad de especies; aunque, durante el año 2020 se observó una mayor presencia de las especies *Anthemis* sp. y en 2021 de *Salsola* sp., la cual estuvo ausente el año anterior.

En cuanto a los resultados de rendimiento, en 2020 el ML obtuvo un rendimiento significativamente superior al de la SD, pero el tipo de control de malas hierbas no tuvo un impacto significativo (que sí se había reflejado en las variables de malas hierbas medidas en primavera). En cambio, en 2021, se observó una interacción significativa entre los dos factores: la interacción de ambos factores dio como resultado un rendimiento significativamente superior tanto en el ML bajo control químico, como en la SD con control mecánico, aunque este último no presentaba diferencias con los resultados obtenidos en el control mecánico de ML.

En este estudio, el control químico condujo a una menor biomasa y densidad de malas hierbas en comparación con el control mecánico; pero su impacto en la productividad del cultivo no fue consistente. Esto puede ser debido a la variabilidad entre ambas campañas, y a que se evaluaron dos cultivos de leguminosas distintos. Por tanto, la evaluación de estas prácticas a medio plazo y sobre el mismo cultivo permitiría obtener conclusiones más robustas, y así identificar prácticas que conduzcan a una mayor sostenibilidad en este tipo de sistemas.

Palabras clave: Agricultura de Conservación, malas hierbas, herbicida, control mecánico, leguminosa.

Weed Out the Weeds: phenotypic trait prediction through environmental data

C. Celdrán Fernández^{1*}, F.J. Jiménez-López^{1,2}, M.L. Rubio Teso^{1,2}, N. González^{1,2}, M.C. Molina Cobos^{1,2}, J.M. Irujo Alegría¹, C. Lara-Romero^{1,2} y A. García-Fernández^{1,2},

¹ Dpto. Biología y Geología, Física y Química Inorgánica, Universidad Rey Juan Carlos, Móstoles.

² Instituto de Investigación en Cambio Global (IICG-URJC), Universidad Rey Juan Carlos, Móstoles.

* Autor para correspondencia: carlos.fceldran@urjc.es; carlos.lara@urjc.es

Ecological and climatic data offer an accessible means of selecting populations when targeting specific traits or trait variation. Ecogeographic land characterization (ELC) maps provide a promising tool for various applications, especially compared to more labor-intensive traditional techniques like phenotypic and genotypic characterization. However, further validation is required to ensure the broader applicability of this tool. This study examines the relationship between ecological variables and the phenotypic characteristics of *Lupinus angustifolius* populations across the Iberian Peninsula. The distribution of *L. angustifolius* was modeled using ecological and climatic data via a Random Forest algorithm. June's Climate Moisture Index was identified as the variable that best explained this distribution and was subsequently used to generate an ELC map. Based on the map, 20 distinct populations were selected, cultivated in a common garden, and analyzed for various phenotypic traits. A strong correlation was found between the Climate Moisture Index and growth rate, shoot height, root length, root morphology, and root and shoot biomass. Additionally, significant correlations were observed with flowering time, relative water content, and leaflet biomass. These results suggest that the selected climatic variable strongly influences these traits. Our findings highlight the potential of using environmental data to predict adaptive traits without prior population characterization, underscoring the importance of climate-driven selection in shaping phenotypic diversity in *L. angustifolius*. This approach holds value for future studies aimed at enhancing conservation and adaptive management strategies for plant species across diverse environments.

Palabras clave: Adaptive trait prediction, ecogeographic land characterization maps, intraspecific trait variation, blue lupin.

Diversidad de las comunidades microbianas del suelo asociadas al cultivo de judía común en sistemas de manejo convencional y ecológico

M. Suárez-Fernández^{1*}, J.J. Ferreira¹ y A. Campa¹

¹ Genética Vegetal, Servicio Regional de Investigación y Desarrollo Agroalimentario (SERIDA).

Principado de Asturias, 33300 Villaviciosa, España

*Autor para correspondencia: martasf@serida.org

Resumen

La agricultura orgánica (sin. ecológica) es un sistema de producción que emplea métodos naturales y sostenibles para cultivar alimentos, evitando el uso de productos químicos sintéticos como pesticidas y fertilizantes artificiales. Este enfoque promueve la biodiversidad y mejora la fertilidad de los suelos, entre otros beneficios.

El objetivo de este estudio es evaluar el efecto de las prácticas de manejo agrícola convencional vs. orgánico sobre la diversidad de las comunidades bacterianas y fúngicas del suelo asociadas al cultivo de judía común (*Phaseolus vulgaris* L.). Se utilizó la técnica de *metabarcoding* para analizar dos suelos cercanos dedicados al cultivo de judía. Un suelo estaba manejado con prácticas intensivas convencionales durante los últimos 20 años (dos cultivos por año) y el otro bajo manejo orgánico durante los últimos 6 años (rotación de cultivos cereal-judía). Se analizaron 5 muestras de cada suelo en dos anualidades, 2022 y 2023, y durante la floración del cultivo. La composición de las comunidades bacterianas y fúngicas se evaluó mediante la amplificación y secuenciación (Miseq) de los genes diana 16S (procariotas) e ITS (hongos). Posteriormente, se realizó un análisis funcional para determinar la diversidad y composición de estas comunidades microbianas teniendo en cuenta las especies que se identificaron consistentemente en ambas anualidades. En la fracción 16S se observaron un total de 1139 unidades taxonómicas (OTUs), 588 comunes a ambos años. De éstas, 221 mostraron diferencias de abundancia significativas entre manejo orgánico y manejo convencional. Los filos bacterianos Chloroflexi, Firmicutes, Gemmatimonadota, Patescibacteria y Thermoplasmata se encontraron en mayor proporción en el suelo convencional. Por el contrario, los filos Bacteroidota, Crenarchaeota, Myxococcota y Nitrospirota fueron más abundantes en el suelo orgánico. En la fracción fúngica se observaron un total de 427 OTUs, 194 comunes a ambos años, de las que 65 mostraron diferencias significativas entre manejos. El 95% de las OTUs fúngicas observadas en el suelo convencional se agruparon solamente en 4 filos, destacando Ascomycota (44.4%) y Mortierellomycota (36.6%). Por el contrario, el suelo orgánico mostró mayor diversidad de filos fúngicos, con un 95% de especies representadas en seis filos con proporciones similares: Ascomycota (24.6%), Mortierellomycota (24%), Basidiomycota (19.9%), Glomeromycota (12.1%), Chytridiomycota (10.5%) y Rozellomycota (6.6%). La ratio hongo/bacteria en el manejo orgánico (0.6) fue el doble que en manejo convencional (0.3). Los análisis funcionales de las comunidades bacterianas del suelo orgánico mostraron diversidad de funciones, incluyendo la fijación del nitrógeno. En cuanto a los hongos del suelo orgánico destacaron los entomopatógenos, los endófitos y las micorrizas, rara vez detectados en los suelos de manejo convencional.

Las diferencias encontradas entre los dos tipos de manejo pueden deberse al empleo de pesticidas y fertilizantes sintéticos en la agricultura convencional, que afectan la microbiota y reducen la diversidad de éstos suelos. Los resultados ponen de manifiesto el impacto que tienen los sistemas de cultivo en la biodiversidad microbiana del suelo y el

positivo efecto de un manejo orgánico sobre ella ofreciendo la posibilidad de su uso para restaurar suelos degradados o mantenimiento de la biodiversidad.

Palabras clave: diversidad microbiana, judía común, *metabarcoding* de suelos, manejo orgánico, manejo convencional.

Diversidad de especies de *Fusarium* en suelos de alubia en la provincia de León

R. Montes-Ruiz^{*1}, R.E. Cardoza², N. Martínez-Reyes²,
S. Mayo-Prieto¹, G. Carro-Huerga¹, A.J. Porteous-Álvarez¹, L. Zañaño-González¹,
D. Ramirez-Lozano¹, A. Rodríguez-González¹, P.A. Casquero¹, S. Gutiérrez²;

¹Grupo Universitario de Investigación en Ingeniería y Agricultura Sostenible (GUIIAS), Instituto de Medio Ambiente, Recursos Naturales y Biodiversidad (IRENA), Universidad de León. Avenida de Portugal, 41, 24071, León, España.

² Grupo Universitario de Investigación en Ingeniería y Agricultura Sostenible (GUIIAS), Área de Microbiología, Escuela de Ingeniería Agraria y Forestal, Universidad de León, Campus de León, Campus de Vegazana s/n, 24007 León, España

*Autor para correspondencia: rmonr@unileon.es

Resumen: Los miembros del género *Fusarium* están ampliamente distribuidos en todas las regiones geográficas del mundo. Normalmente viven en el suelo o en restos vegetales, pudiendo persistir durante un largo periodo mediante diferentes estructuras (clamidosporas, esclerocitos o conidios) (Nikitin et al., 2023). Las enfermedades vegetales causadas por *Fusarium* spp. generan principalmente marchitez y podredumbre de raíces y semillas, y enfermedades de almacenamiento. En conjunto, las especies de *Fusarium* poseen la capacidad de producir cientos de metabolitos secundarios estructuralmente diversos, entre los cuales se incluyen varias toxinas que actúan como factores de virulencia en el desarrollo de enfermedades vegetales y tienen efectos sobre la salud de las personas y el ganado que consumen productos contaminados. Las pérdidas para la economía agrícola atribuibles a especies micotoxigénicas de *Fusarium* alcanzan costes de miles de millones de dólares al año a escala mundial (Bakker et al., 2018).

Debido a su importancia económica y agroambiental, en el presente trabajo se han aislado e identificado diferentes especies de *Fusarium*, como paso preliminar en el estudio de su perfil de producción de micotoxinas, con el fin de caracterizar mejor los riesgos que este patógeno supone y encontrar soluciones más sostenibles para combatirlo. Se tomaron muestras de suelo (compuestas de 10 submuestras aleatorias) de 8 parcelas diferentes que estaban o habían estado sembradas con alubia. La mayoría de las muestras pertenecen a la zona del Páramo y a la ribera del río Órbigo en la provincia de León. Las muestras se secaron, tamizaron, y cultivaron en medio Rosa de Bengala-Cloranfenicol (RBC). Se aislaron 20 posibles colonias de *Fusarium* en medio Patata-Dextrosa-Agar (PDA) de cada suelo, seleccionadas por identificación visual. Se sembraron en medio Spezieller Nährstoffarmer Agar (SNA) 10 de los aislados con apariencia de *Fusarium*. A los 12 días se evaluó la presencia de macro y microconidias características de este género al microscopio óptico. Se eligieron 5 colonias de cada suelo para la realización de cultivos monospóricos, de las cuales un máximo de 3, visualmente diferentes, se enviaron a identificar preliminarmente mediante el análisis de las secuencias ITS1 e ITS2.

De las 8 muestras de suelo se identificaron un total de 23 aislados. Estos aislamientos se corresponden con 7 especies diferentes de *Fusarium*: *F. brachygibbosum*, *F. equiseti*, *F. nirenbergiae*, *F. oxysporum*, *F. solani*, *F. temperatum*, *F. verticillioides*. La más abundante fue *F. oxysporum*, representando un 52,17% del total, seguida de *F. solani* (17,39%), *F. equiseti* (13,04%) y el resto de especies (aproximadamente 4%) (**Figura 1**).

Destacó la presencia de *F. oxysporum* como productor de beauvericina, eniantina, ácido fusárico, y posible productor de fumonisina y moniliformina; *F. equiseti* como productor de

beauvericina, moniliformina, tricotecenos y zearalenona; *F. verticillioides* como productor de fumonisina, ácido fusárico y fusarinas, y posible productor de beauvericina. Dentro del mismo complejo de especies (*F. fujikuroi complex*) se encuentra *F. temperatum*, que está asociado a enfermedades de pudrición de mazorca en maíz y posee genes para la producción de beauvericina, aunque la producción no ha sido confirmada (Munkvold et al., 2021). Las demás especies no han sido aún relacionadas con la producción de micotoxinas, aunque ello pueda deberse a la falta de estudio o la continua evolución en las clasificaciones filogenéticas del género *Fusarium*.

Se continuarán estudiando las cepas de *Fusarium* aisladas en relación a su perfil de producción de micotoxinas y a los genes requeridos para su producción, con el fin de conocer si las mismas pudieran afectar negativamente a los cultivos de alubia en nuestra región, y comprobar el efecto del biocontrol sobre las mismas, como alternativa ecológica a la aparición de enfermedades fúngicas en los cultivos y contaminación por micotoxinas.

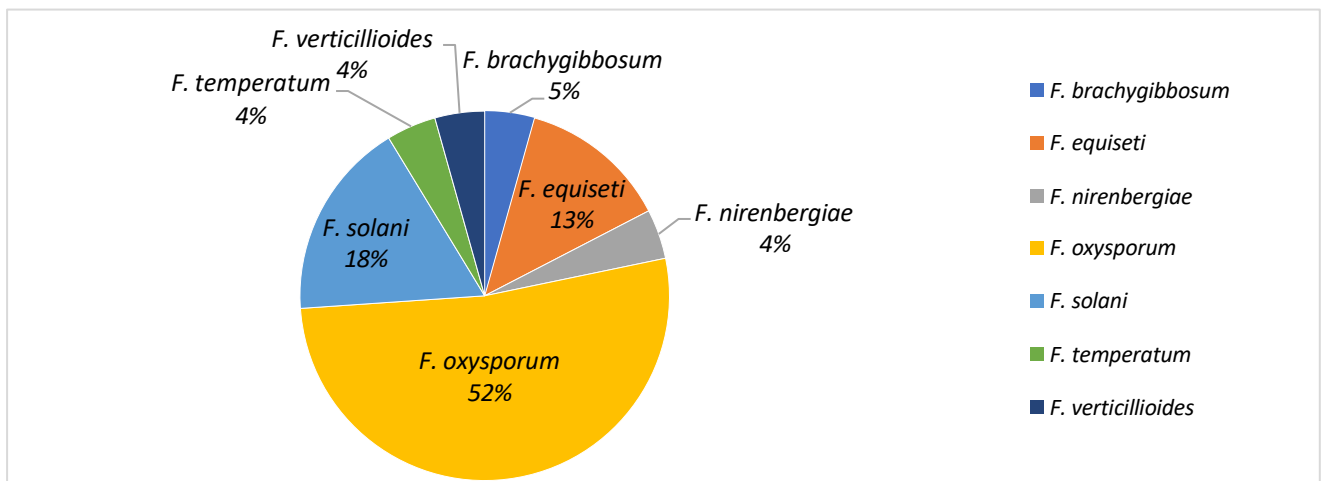


Figura 1: Representación en gráfico circular de los porcentajes de las especies de *Fusarium* encontradas en el muestreo realizado en suelos de alubia.

Agradecimientos: A la Consejería de Educación y del Fondo Social Europeo Plus (FSE+) por la beca concedida a Rocío Montes Ruiz (645695) por la Consejería de Educación de la Junta de Castilla y León en la convocatoria PR-2022 publicada en la Orden de 26 de agosto de 2022; y las becas concedidas a Laura Zanfaño González (FPU 20/03040) por el Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades; Natalia Martínez Reyes con una ayuda a la contratación de personal investigador de reciente titulación universitaria concedida al amparo de la Orden EDU/875/2021, de 13 de julio; y Daniela Ramírez Lozano por la Universidad de León y Fundación Carolina Rodríguez 2022. Esta investigación ha sido financiada por el proyecto nacional (PID2021-123874OB-I00) (Ministerio de Ciencia e Innovación). También a los agricultores que proporcionaron muestras de suelo.

Palabras clave: *Fusarium*; judía; *Phaseolus vulgaris*; micotoxinas.

- Bakker, M. G., Brown, D. W., Kelly, A. C., Kim, H. S., Kurtzman, C. P., McCormick, S. P., O'Donnell, K. L., Proctor, R. H., Vaughan, M. M., & Ward, T. J. (2018). *Fusarium* mycotoxins: a trans-disciplinary overview. In *Canadian Journal of Plant Pathology* (Vol. 40, Issue 2, pp. 161–171). Taylor and Francis Inc. <https://doi.org/10.1080/07060661.2018.1433720>
- Munkvold, G. P., Proctor, R. H., & Moretti, A. (2021). *Annual Review of Phytopathology Mycotoxin Production in Fusarium According to Contemporary Species Concepts*. <https://doi.org/10.1146/annurev-phyto-020620>
- Nikitin, D. A., Ivanova, E. A., Semenov, M. V., Zhelezova, A. D., Ksenofontova, N. A., Tkhakakhova, A. K., & Kholodov, V. A. (2023). Diversity, Ecological Characteristics and Identification of Some Problematic Phytopathogenic *Fusarium* in Soil: A Review. In *Diversity* (Vol. 15, Issue 1). MDPI. <https://doi.org/10.3390/d15010049>

Esporas de *Trichoderma* sobre semillas de *Phaseolus vulgaris* L. atacadas por *Acanthoscelides obtectus*: efecto sobre los parámetros agronómicos de las plantas

Á. Rodríguez-González^{1*}, G. Carro-Huerga¹, M. Guerra², S. Mayo-Prieto¹, A.J. Porteous-Álvarez¹, A. Lorenzana¹, M.P. Campelo¹, A. Fernández-Marcos¹, P.A. Casquero¹ y S. Gutiérrez¹

¹ Grupo Universitario de Investigación en Ingeniería y Agricultura Sostenible (GUIIAS), Instituto de Medio, Ambiente Recursos Naturales y Biodiversidad (INMARENBO), Escuela de Ingeniería Agraria y Forestal (EIAF), Universidad de León, Avenida de Portugal 41, 24071, León

² Grupo Universitario de Investigación en Ingeniería y Agricultura Sostenible (GUIIAS), Escuela de Ingeniería Agraria y Forestal (EIAF), Campus de Ponferrada, Universidad de León, Avenida de Astorga s/n, 24400, Ponferrada

*Autor para correspondencia: alrog@unileon.es

Resumen

Acanthoscelides obtectus es un insecto plaga que ataca a las semillas de la judía (*Phaseolus vulgaris* L.) silvestre y cultivada. Cuatro cepas de *Trichoderma*, la cepa de tipo salvaje *T. arundinaceum* IBT 40837 (=Ta37), un productor de tricoteceno harzianum A (HA), dos transformantes de la cepa *T. arundinaceum*, Ta37-17.139 (=Δ*tri*17) y Ta37-23.74 (=Δ*tri*23), y la cepa de tipo silvestre *T. brevicompactum* IBT 40841 (=Tb41), que produce el tricoteceno tricodermina, se evaluaron para establecer su efecto indirecto sobre las plantas cultivadas de *P. vulgaris* a partir de las semillas tratadas con esas cepas fúngicas y expuestas a los ataques de *A. obtectus*.

Las semillas no dañadas tratadas con Ta37 y Δ*tri*23 mostraron una elevada capacidad de germinación (80,00% y 75,00%, respectivamente), mientras que los tratamientos con Δ*tri*17 y Tb41 aumentaron la capacidad de germinación en las semillas dañadas (66,67%). Las semillas no dañadas y tratadas con Δ*tri*23 presentaron los mayores pesos secos de la parte aérea (4,22 g) y del sistema radicular de las plantas (0,62 g) obtenidas a los 45 días.

Nuestros resultados nos indican que deberían realizarse más estudios con estas cuatro cepas de *Trichoderma* sobre los mecanismos de control de estos insectos, promoción del crecimiento de las plantas y producción de tricodermol y tricodermina por Δ*tri*23 y Tb41, respectivamente, con el fin de poder comercializar estas especies fúngicas a gran escala.

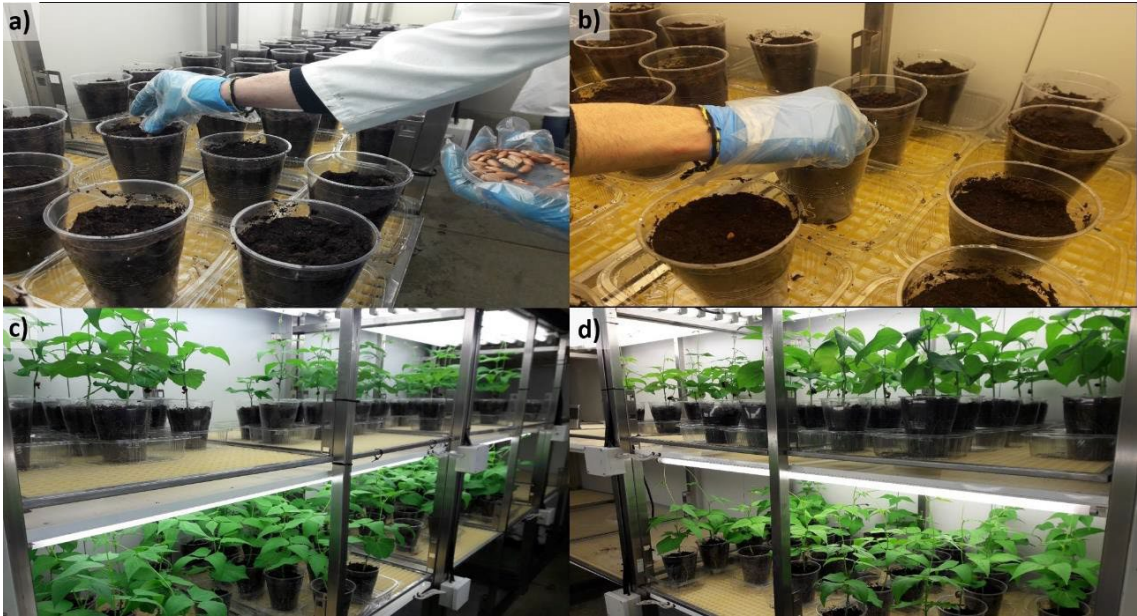


Figura 1: Siembra de semillas de *P. vulgaris* y crecimiento de plantas en cámara de cultivo durante 45 días: a) semillas atacadas por *A. obtectus*; b) semillas no atacadas por *A. obtectus*; c) plantas obtenidas de semillas atacadas por *A. obtectus*; d) plantas obtenidas de semillas no atacadas por *A. obtectus*.

Palabras clave: *Acanthoscelides obtectus*; *Phaseolus vulgaris*; *Trichoderma*; parámetros agronómicos

Evaluación de la incidencia de la “grasa de la judía” (*Pseudomonas syringae* pv. *phaseolicola*) en dos variedades de judía grano en la provincia de León

M. Franco¹, S. Mayo-Prieto¹, M. P. Campelo¹, G. Carro-Huerga, A. Rodríguez-González, P. A. Casquero¹ y A. Lorenzana^{1*}

¹ Grupo Universitario de Investigación en Ingeniería y Agricultura Sostenible (GUIIAS), Instituto de Medio Ambiente, Recursos Naturales y Biodiversidad, Universidad de León, Avenida Portugal 41, 24071 León, España.

*Autor para correspondencia: alorv@unileon.es

Resumen

La judía (*Phaseolus vulgaris* L.) es un cultivo tradicional en León, provincia española que registra la mayor producción de esta leguminosa de grano. Su calidad está reconocida con el sello de calidad Indicación Geográfica Protegida “Alubia de La Bañeza – León”, figura que abarca cuatro variedades (Canela, Pinta, Riñón Menudo y Plancheta). La bacteria *Pseudomonas syringae* pv. *phaseolicola* (*Psp*) es uno de los patógenos más relevantes para este cultivo, causando pérdidas de calidad en todas las regiones productoras. Conocer la incidencia de la enfermedad en las variedades locales de judía puede proporcionar información útil para su control.

El objetivo general de este trabajo ha sido evaluar la presencia y distribución de esta bacteria en las variedades de judía Riñón Menudo y Pinta en la provincia de León.

De este modo se han muestreado dichas variedades en 10 parcelas de 7 localidades diferentes en la comarca de El Páramo, principal zona productora de judía grano en la provincia. Se han tomado 100 muestras por variedad, en 5 parcelas diferentes. De cada parcela se han seleccionado de manera aleatoria 5 muestras de hojas y 5 de vainas que presentaban los síntomas característicos de la enfermedad, y lo mismo para muestras asintomáticas en inspección visual. En total se han recolectado 200 muestras para el análisis. Se han evaluado cuatro variables diferentes, teniendo en cuenta la variedad (Riñón Menudo y Pinta), el órgano afectado (vaina y hoja), los síntomas visibles (presencia y ausencia de síntomas visibles) y el sistema de riego utilizado (pívot y aspersión).

Los resultados del análisis estadístico han revelado una mayor incidencia de *Psp* en la variedad Riñón Menudo en comparación con la variedad Pinta, y estas diferencias fueron estadísticamente significativas. En relación a la incidencia de la bacteria en los diferentes órganos de estudio, en este trabajo no se han encontrado diferencias significativas entre la presencia de bacteria en hojas o en vainas. Además, las muestras que presentaron síntomas visibles en el momento de su recogida han mostrado de forma significativa una mayor presencia de *Psp* en comparación con aquellas que no mostraron síntomas. Con respecto al sistema de riego y su efecto sobre la presencia de *Psp*, no se han obtenido resultados diferentes significativamente. Asimismo, en el análisis de la interacción de las variables entre sí han mostrado significancia estadística las diferentes variedades con el sistema de riego, así como la sintomatología con el sistema de riego utilizado.

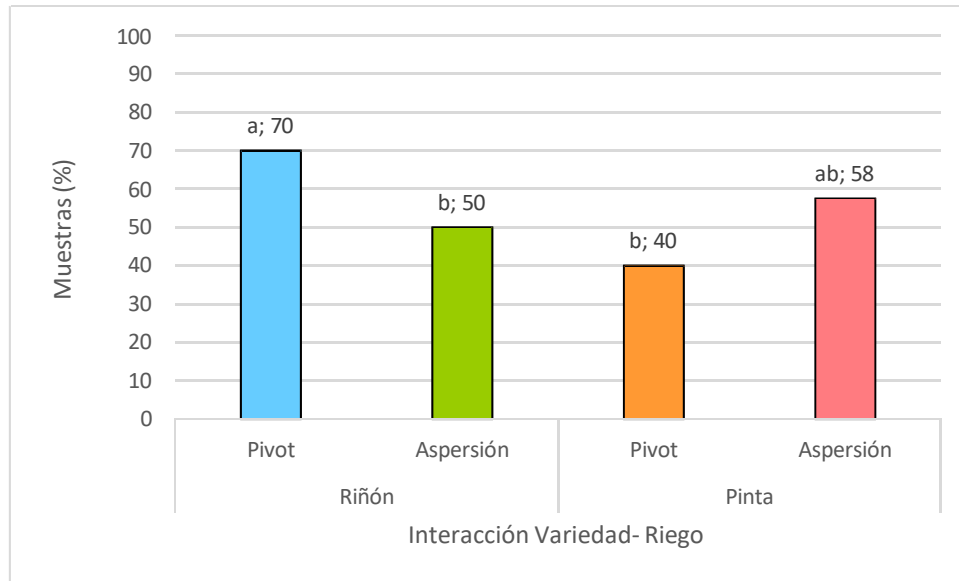


Figura 1: Porcentaje de muestras que dieron positivo a la presencia de *Psp* según el tipo de riego que había en la parcela en el momento del muestreo: pívot (color azul) y aspersión (color verde) en función de las variedades de judía (Riñón y Pinta). Los valores con letras diferentes presentan diferencias significativas (test Duncan, $p < 0,05$).

Palabras clave: bacteriosis, *Phaseolus vulgaris*, Pinta, Riñón Menudo, sistema de riego

Evaluación del efecto de agentes de biocontrol sobre *Pseudomonas syringae* pv. *phaseolicola* (“grasa de la judía”) en vainas de *Phaseolus vulgaris*

L. Arancio¹, A. Lorenzana¹, M. P. Campelo¹, P. A. Casquero¹ y S. Mayo-Prieto^{1*}

¹ Grupo Universitario de Investigación en Ingeniería y Agricultura Sostenible (GUIIAS), Instituto de Medio Ambiente, Recursos Naturales y Biodiversidad, Universidad de León, Avenida Portugal 41, 24071 León, España.

*Autor para correspondencia: smayp@unileon.es

Resumen

El cultivo de judía grano (*Phaseolus vulgaris* L.) tiene una arraigada tradición en la provincia de León, contando con el sello de calidad de la Indicación Geográfica Protegida “Alubia de La Bañeza – León”. Una de las enfermedades más importantes que afecta a este cultivo es la “grasa de la judía”, causada por la bacteria *Pseudomonas syringae* pv. *phaseolicola* (Burkholder) Young et al. (*Psp*). Debido a las resistencias desarrolladas a ciertos productos y a la falta de materias activas autorizadas para el control de este patógeno, es necesaria la búsqueda de nuevas estrategias de control, como el uso de agentes de control biológicos.

El objetivo general de este trabajo ha sido determinar los efectos de diversos agentes de control biológico (BCAs) y sus metabolitos secundarios frente a *Psp* en vainas de judía.

De este modo, se han probado siete BCAs (tres aislamientos de bacterias y cuatro de hongos) midiendo los halos provocados por el patógeno en torno al punto de inoculación. Cada uno de ellos se ha aplicado de forma directa o por esporas, y por metabolitos, realizándose el análisis estadístico en función del tipo de microorganismo utilizado (bacteria u hongo), del tipo de tratamiento (directo o metabolitos) y del aislamiento empleado (*Pantoea agglomerans* Pan03, *Bacillus subtilis* Bac02, *Pseudomonas koreensis* Ps06, *Trichoderma virens* T014, *T. harziamun* T019, *T. harzianum* T059), considerando igualmente las interacciones entre estos factores.

En relación a los resultados, cabe destacar que los dos tipos de microorganismos utilizados han generado halos con un diámetro significativamente menor respecto al control, pero no entre ellos. Según el tipo de tratamiento, sí ha habido diferencias significativas entre los tres tratamientos, metabolitos, directo y control, siendo ambos efectivos, si bien aquel realizado por metabolitos ha sido más efectivo que el directo. Los aislamientos que han reducido significativamente el diámetro del halo alrededor del orificio de inoculación han sido *B. subtilis* Bac02, *P. koreensis* Ps06, *T. virens* T014 y *T. harzianum* T019. Finalmente, teniendo en cuenta las interacciones entre los factores, se han obtenido resultados favorables en 7 de los 14 tratamientos realizados: por aplicación de metabolitos de *P. koreensis* Ps06, *T. virens* T014, *T. harzianum* T019 y T059; y por aplicación directa o de esporas de *B. subtilis* Bac02, *P. koreensis* Ps06, *T. virens* T014.

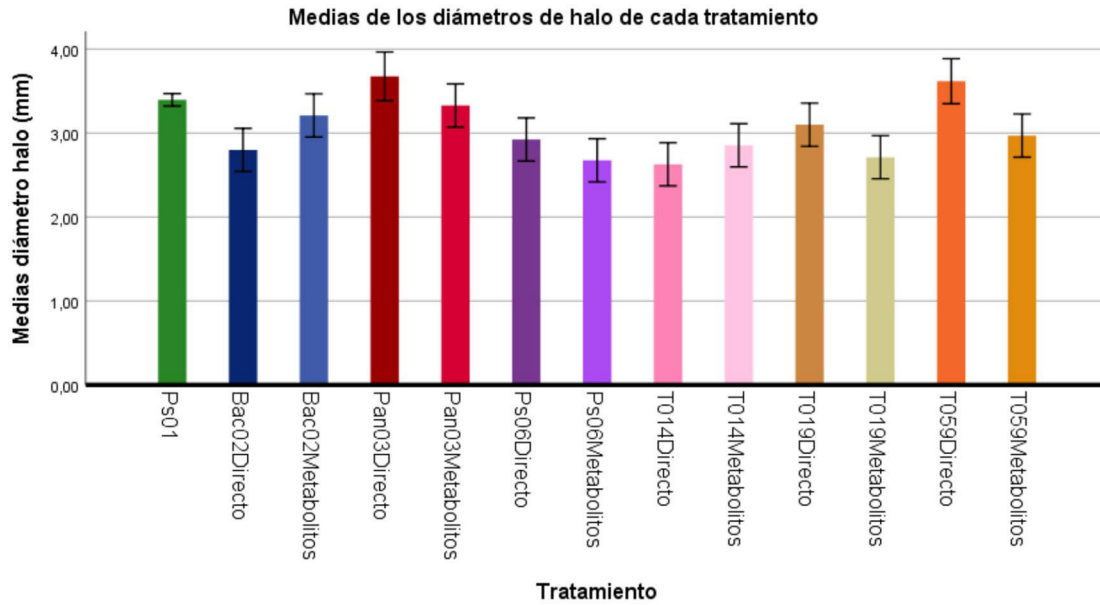


Figura 1: Diámetro de los halos (mm) alrededor del orificio de inoculación según el aislamiento y el tipo de tratamiento utilizado. Color verde, *P. syringae* pv. *phaseolicola* Ps01 (C+). Color azul, *B. subtilis* Bac02. Color rojo, *P. agglomerans* Pan03. Color morado, *P. koreensis* Ps06. Color rosa, *T. virens* T014. Color marrón, *T. harzianum* T019. Color naranja, *T. harzianum* T059. Para cada aislamiento, la tonalidad de color más oscura corresponde con el tratamiento directo y la más clara con el de metabolitos. Los valores con letras diferentes presentan diferencias significativas (test Duncan, $p < 0,05$).

Palabras clave: *Bacillus*, metabolitos, *Pantoea*, *Pseudomonas*, *Trichoderma*

Inoculación de plantas de judía con nuevos endosimbiontes

A. P. Rodiño^{1*}, M. J. Delgado², S. Pérez-González², G. Tortosa², A. M. De Ron¹

¹ Misión Biológica de Galicia (MBG), Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), El Palacio-Salcedo, Carballeira 8, 36143 Pontevedra

² Estación Experimental del Zaidín (EEZ), Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), Profesor Albareda 1, 18008 Granada

* Autor para correspondencia: aprodino@mbg.csic.es

Resumen

La judía común (*Phaseolus vulgaris* L.) es la tercera leguminosa más relevante para consumo humano, después de la soja (*Glycine max* (L.) Merr.) y el cacahuete (*Arachis hypogaea* L.). Como otras leguminosas, la judía es capaz de establecer simbiosis con bacterias del suelo con capacidad para llevar a cabo la fijación biológica de Nitrógeno (FBN) y también de promover el crecimiento vegetal.

En 2024 se llevó a cabo un experimento en invernadero, en la MBG-CSIC (Pontevedra), para analizar el comportamiento de la judía común inoculada con diferentes bacterias microsimbiontes. El ensayo no se ha finalizado, por lo cual no se dispone todavía de datos de crecimiento y productividad. El material genético empleado ha sido:

- Genotipo de judía: Matterhorn (PI604228), que pertenece a la clase comercial internacional ‘Great Northern’ (Kelly et al. 1999).
- Microsimbiontes: *Rhizobium etli* (Re) (Segovia et al. 1993), *Rhizobium leucaenae* (Rl) (Ribeiro et al. 2012) y *Burkholderia alba* (Ba) (Lee et al. 2018).

El ensayo incluye dos repeticiones y seis tratamientos: 1) control (0), 2) fertilización con nitrógeno, 3) inoculación con Re), 4) inoculación con Rl, 5) inoculación con Ba y 6) inoculación con el consorcio Rl + Ba.

Entre las variables analizadas, pueden destacarse las referidas al proceso de nodulación: número de nódulos por planta y peso fresco de nódulos por planta, que se muestran en la tabla 1.

Tabla 1. Valores indicadores de la nodulación de los microsimbiontes en judía

TRATAMIENTO	NÚMERO DE NÓDULOS POR PLANTA	MASA FRESCA DE NÓDULOS POR PLANTA (mg)
Control (0)	0,9	6,1
Fertilización con nitrógeno	3,3	35,2
Inoculación con Re	3,4	23,9
Inoculación con Rl	3,1	13,2
Inoculación con Ba	10,0	145,2
Inoculación con Rl+Ba	27,4	730,4

El efecto de la fertilización con nitrógeno, en número de nódulos es semejante al resultado de la inoculación tanto con Re como con Rl, e incluso la masa de los nódulos es superior en las plantas fertilizadas con nitrógeno, contra lo que cabría esperarse.

El simbiote Ba destaca por su capacidad de nodulación y por la masa fresca nodular, especialmente cuando la inoculación se ha realizado con el consorcio Rl+Ba. Ba se describió por primera vez en suelos de la isla Jeju (Corea del Sur) (Lee et al. 2018). También se ha identificado en suelos de la MBG-CSIC y hay evidencias de su presencia en otros suelos de cultivo de España. Por esta razón es interesante profundizar en sus efectos en el cultivo de la judía, orientados a posibles biofertilizantes que limiten el uso de fertilizantes nitrogenados. Además, en experimentos realizados en la EEZ-CSIC, se ha demostrado que Rl y Ba no emiten el gas de efecto invernadero óxido nitroso, información que aporta un valor añadido al uso de estos endosimbiontes en cultivos de judía, contribuyendo a mitigar el cambio climático.

Referencias

- Kelly JD, Hosfield GL, Varneer GV, Uebersax MA, Taylor J. 1999. Registration of 'Matterhorn' Gran Northern bean. *Crop Science* 39: 588-589.
- Lee JW, Kim YE, Park SJ. 2018. *Burkholderia alba* sp. nov., isolated from a soil sample on Halla mountain in Jeju island. *Journal of Microbiology* 56(5): 312-316.
- Ribeiro RA, Rogel MA, Lopez-Lopez A, Ormeno-Orrillo E, Barcellos FG, Martinez J, Thompson FL, Martinez-Romero E, Hungria M. 2012. Reclassification of *Rhizobium tropici* type A strains as *Rhizobium leucaenae* sp. nov. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* 62: 1179-1184.
- Segovia L, Young JP, Martínez-Romero E. 1993. Reclassification of American *Rhizobium leguminosarum* biovar *phaseoli* type I strains as *Rhizobium etli* sp. nov. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* 43(2): 374-377.

Palabras clave: biofertilizantes, *Burkholderia alba*, fijación de nitrógeno, *Phaseolus vulgaris*, *Rhizobium*.

Agradecimientos

Los autores agradecen el soporte del proyecto PID2021-124007OB-100, del Plan Estatal, Proyectos de Generación de Conocimiento y, asimismo, a la Diputación de Pontevedra, por el uso de la finca experimental de la MBG-CSIC.

Adaptación de leguminosas grano al litoral y prelitoral catalán

C. Roig¹, J. Doltra^{1*}

¹IRTA Mas Badia, 17134 La Tallada d'Empordà (Girona)

*Autor para correspondencia: jordi.doltra@irta.cat

Resumen

El incremento de la superficie de cultivo dedicado a las leguminosas es una de las estrategias que marca Europa en línea con los retos ambientales y productivos para un sistema alimentario sostenible. A pesar de las ventajas reconocidas de introducir estos cultivos en las rotaciones y de los servicios ecosistémicos que ofrecen, también presentan, frecuentemente, una elevada incertidumbre en la producción. Esto frena, en la práctica, la adopción del cultivo de leguminosas grano por los agricultores y la extensión de la superficie sembrada.

En esta línea, se están realizando estudios con el objetivo de evaluar la adaptación de las leguminosas grano, tanto en producción ecológica como convencional, en las zonas productoras del litoral y prelitoral de Cataluña. Para ello, se están llevando a cabo ensayos con las especies que pueden ofrecer un mayor potencial (guisantes, habas, garbanzos y lentejas) en los que se están evaluando diferentes estrategias de cultivo, como la elección del material vegetal, la densidad y fecha de siembra, el marco de siembra o la asociación con cereales. La elección del marco de siembra determinará, además, la forma de controlar las malas hierbas, especialmente en el cultivo ecológico. Por otro lado, también se estudian los aspectos que definen a las leguminosas como cultivos multiservicio, como la mejora de la fertilidad del suelo y el reciclado de nitrógeno a través de la fijación de nitrógeno atmosférico, la reducción de las necesidades de agroquímicos y la contribución a la sostenibilidad ambiental.

En cuanto a los experimentos de campo y sus resultados más preliminares, la principal barrera encontrada durante la experimentación en campo ha sido la alta sensibilidad de este tipo de cultivos a factores bióticos y abióticos. Por ejemplo, la baja capacidad de competencia cuando hay infestación de malas hierbas y plagas como ahora daños por pájaros, *helicoverpa*, jopo, enfermedades foliares o podreduras de raíz. Estas situaciones no se encontraron en todos los experimentos y especies por igual. En general, las producciones obtenidas han presentado una elevada variabilidad intra e interanual. Las especies que han estado mostrando mejores rendimientos en estos ensayos han sido los guisantes y las habas. Respecto a los servicios presentados por las leguminosas, se ha observado de forma consistente un mayor nivel de nitrógeno en el suelo tras la cosecha, en forma asimilable por la planta, en las parcelas en las que éstas han estado presentes en comparación con otras especies, y que contribuiría a reducir la necesidad de fertilizante nitrogenado del siguiente cultivo.

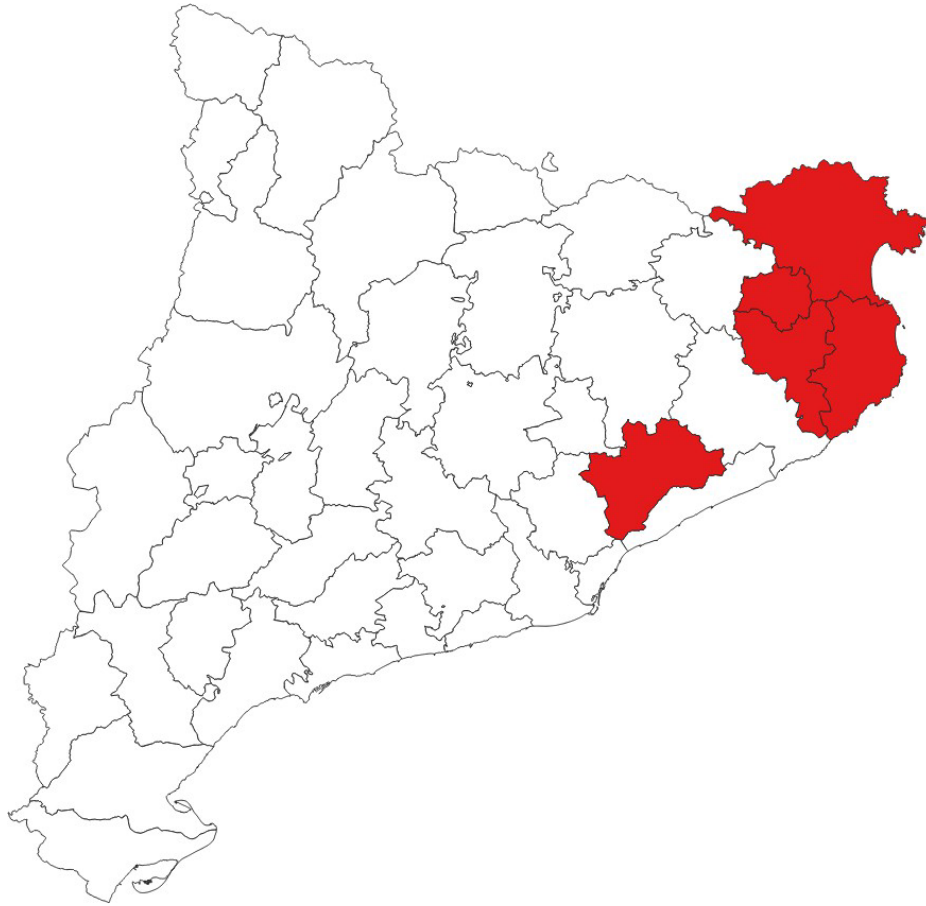


Figura 1. En rojo, zonas productoras del litoral y pre-litoral de Cataluña en que se están realizando los ensayos con leguminosas para grano.

Palabras clave: adaptación; leguminosas grano; servicios ecosistémicos; rendimiento

Fenotipo simbiótico de especies de *Lupinus* en condiciones de sequía y presencia de patógenos en el suelo

L. Camacho Rubio¹, F.J. Martín Peinado², M. López-Gómez¹*

¹Departamento de Fisiología Vegetal, Facultad de Ciencias, Universidad de Granada, Campus de Fuentenueva s/n, 18071, Granada, España.

²Departamento de Edafología y Química Agrícola, Facultad de Ciencias, Universidad de Granada, Campus de Fuentenueva s/n, 18071, Granada, España.

*Autor para correspondencia: mlgomez@ugr.es

El fomento del cultivo de leguminosas requiere de la adecuación de prácticas de cultivo y la selección de variedades adaptadas a nuestras condiciones agroecológicas para permitir producciones estables y de calidad. El género *Lupinus* (altramuz) cuenta con tres especies (*L. albus*, *L. angustifolius*, *L. luteus*) de gran interés agronómico, aunque con grandes diferencias en sus posibilidades de utilización y en sus exigencias de suelo y clima. Las ventajas del altramuz son su adaptabilidad a climas áridos, su alto potencial de fijación de nitrógeno, lo que lo convierte en un buen candidato para la agricultura de bajos insumos, además de ser muy valioso para la alimentación animal y para la producción de concentrados ricos en proteína (Domínguez et al. 2023), representando una alternativa a la soja. Por tanto, el objetivo de este trabajo es la identificación y selección de cultivares adaptados a las condiciones edáficas y climáticas de la Vega de Granada para la promoción del altramuz como fuente emergente de proteínas. Para ello, se considerará el rendimiento, la resistencia a la sequía y presencia de patógenos en el suelo, así como la capacidad de fijar nitrógeno.

En un estudio preliminar llevado a cabo con suelos de una finca experimental del IFAPA (Camino de Purchil s/n, Granada), se han observado diferencias significativas entre las tres especies de *Lupinus* en cuanto a su sensibilidad a la presencia de patógenos en el suelo, mostrando *L. albus* (cv. Celina) una mayor sensibilidad al presentar una reducción significativa en la biomasa de la raíz y síntomas claros de podredumbre en suelos no estériles (Fig 1A).

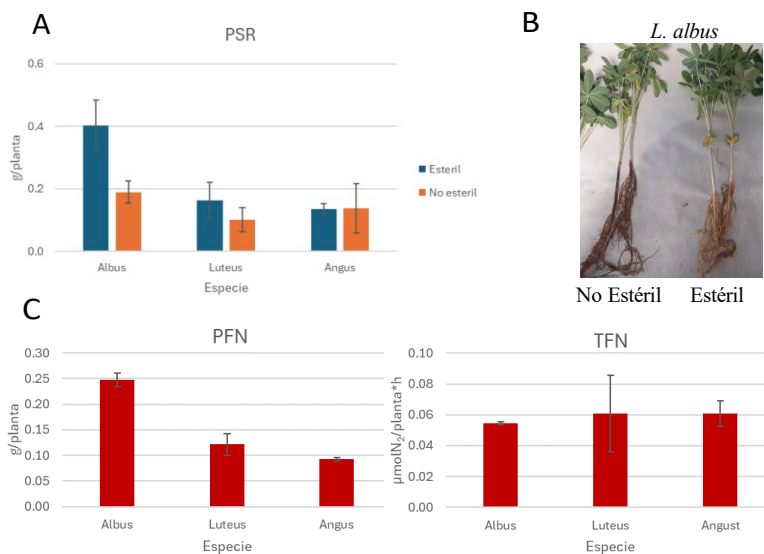


Figura 1A. Peso seco de raíz (PSR) **B.** Síntomas de podredumbre de raíz **C.** Peso fresco de nódulos (PFN) y Tasa de fijación de nitrógeno (TFN) en suelo estéril de *L. albus*, *luteus* y *angustifolius*.

En cuanto a la capacidad de fijación de nitrógeno, se evaluó tanto la biomasa nodular como la tasa de fijación de nitrógeno mediante un análisis “*in vivo*” consistente en la determinación de la producción de H₂ con un sensor acoplado a un sistema de flujo continuo (Witty y Minchin, 1998). La biomasa nodular fue prácticamente el doble en *L. albus* en comparación con *L. luteus* y *angustifolius*, sin embargo, la tasa de fijación de nitrógeno fue similar en las tres especies (Fig. 1C), lo que denota una menor eficiencia de nódulos de *L. albus*. En este trabajo se presentarán además datos relacionados con la respuesta a condiciones de sequía entre los diferentes cultivares y especies.

Bibliografía

Domínguez, R.; Bermúdez, R.; Pateiro, M.; Lucas-González, R.; Lorenzo, J.M. Optimization and Characterization of Lupin Protein Isolate Obtained Using Alkaline Solubilization-Isoelectric Precipitation. *Foods* 2023, 12, 3875. <https://doi.org/10.3390/foods12203875>

Witty JF, Minchin FR. Hydrogen measurements provide direct evidence for a variable physical barrier to gas diffusion in legume nodules *J Exp Bot.* 1998;49(323):1015-20. <https://doi.org/10.1093/jxb/49.323.1015>

Agradecimientos

Proyectos I+D+i del Programa Operativo FEDER 2020. Junta de Andalucía (C-EXP-011-UGR23)

Experiencias en cultivo de leguminosas en ecológico en las fincas experimentales de NEIKER

R. Ruiz de Arcaute ^{1*}, A. Ortiz ¹, C. Herrán¹, I. Elorza ¹, J.B. Relloso¹, A. Ortiz Barredo¹

¹ NEIKER – Campus Agroalimentario de Arkaute – N-104 km. 355 – 01192 Arkaute – Vitoria-Gasteiz (Álava-Araba)

*Autor para correspondencia: rruizdearcaute@neiker.eus

Resumen

Los cultivos de leguminosas son claves para el sector de la producción ecológica por sus características. Desde NEIKER y en el marco del Plan FOPE (Fomento de la Producción Ecológica en Euskadi), desde 2017 se están realizando distintas experiencias en relación con la producción de distintas especies de leguminosas, tanto forrajeras, como de granos destinados a piensos animales o a alimentación humana (legumbres), e incluso de utilización como cultivos de cobertera (cultivos intercalares). Entre los distintos cultivos ensayados están las siguientes especies:

- ✓ Forrajeras
 - ✓ Alfalfa, Esparceta, Titarro
- ✓ Leguminosas grano
 - ✓ Guisante, Titarro
- ✓ Legumbres
 - ✓ Alubia, Garbanzo, Soja, Caupí
- ✓ Otros usos (cultivos intercalares)
 - ✓ Almorta, Crotalaria

Las distintos resultados de rendimiento en nuestras condiciones, aspectos de calidad, y la influencia en la rotación de cultivos, son parte de los trabajos que se desarrollan en las fincas experimentales del centro, situadas en las localidades de Arkaute (9 ha) y Gauna (5 ha), que están certificadas en ecológico por el Consejo Vasco de la Producción y la Alimentación Ecológica EKOLURRA.

Los ensayos que se desarrollan con estos cultivos han sido de varios tipos:

- ✓ Evaluación de variedades cultivadas en condiciones de producción ecológica
- ✓ Evaluación del comportamiento del cultivo como parte de la rotación (aportación de N, adventicias como cultivo precedente, control de plagas y enfermedades en condiciones de cultivo ecológico, fatiga del suelo)

De igual manera, en función del cultivo realizado y sus objetivos de producción (siempre en condiciones de producción ecológica), se han estudiado – entre otros - los resultados siguientes:

- ✓ Potencial de rendimiento en ecológico de los cultivos en distintas condiciones (secano/regadío, siembras fuera de temporada...)
- ✓ Análisis de calidad de los productos obtenidos, tanto en los forrajes como en los granos, dependiendo de su utilización.

- ✓ Valoración del interés de las especies de leguminosas en la rotación ecológica, en función de sus capacidades:
 - ✓ Aportación de N al suelo
 - ✓ Control o no de adventicias de cara al propio cultivo y al siguiente en rotación
 - ✓ Otras características específicas

Estas experiencias y resultados se plasmarán en una comunicación formato póster.

Palabras clave: Cultivo Ecológico, Rotación, *Crotalaria juncea*, *Lathyrus cicera*, *Medicago sativa*

Soybean culture under heat stress: the effect of thermotolerant rhizobacteria inoculation

R. Pinto^{1*}, C. Bedia² y E. Figueira¹

¹ Department of Biology & CESAM-Centre for Environmental and Marine Studies, University of Aveiro, 3810-193, Aveiro, Portugal

² Department of Environmental Chemistry, Institute of Environmental Assessment and Water Research (IDAEA-CSIC), c/ Jordi Girona 18-24, 08034, Barcelona

*Corresponding author: rl.pinto@ua.pt

Resumen

Temperature increase is already impacting species, ecosystems functioning and agricultural production. The reported effects of heat stress on plants include decreased growth and yields, oxidative stress, cell damage, changes in cellular metabolism and cell membrane integrity (Waraich, et al. 2012). Globally, soybean is one of the most valuable, versatile, and nutritionally important legume. Heat stress adversely affects soybean growth, photosynthesis and productivity. Currently, there are few solutions to increase the tolerance of plants to temperature, being plant breeding one of the most used (Shahzad, et al. 2021), but new alternatives are coming into play. Plant growth promoting bacteria (PGPB) inoculation is emerging as a promising methodology to cope with temperature stress. However, there is a lack of knowledge on how bacteria can increase plant tolerance to high temperature. This study aims to bring novel information to enlarge this knowledge.

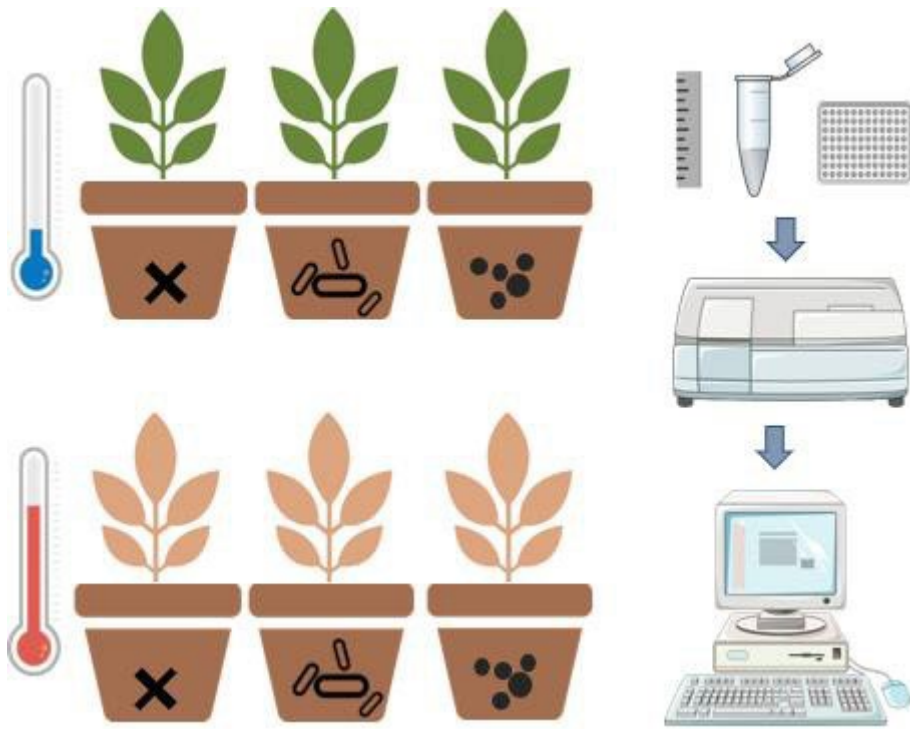
For that soybean plants were grown at two temperatures (26 and 36 °C) and different inoculation conditions. Temperature and inoculation effects were estimated through morphometric, physiological and biochemical parameters. Results showed that seed germination was negatively affected by temperature and was increased by bacterial inoculation. Bacteria increased shoot and root dry weight at 26 and 36 °C. High temperature induced osmolyte levels, antioxidant enzyme activity and membrane damage, yet bacteria were able to ameliorate these effects, especially *Pantoea* sp. These effects are important features showing the impact that inoculation with PGPB strains may have on soybean plants, conferring protection to high temperature and increasing plant tolerance.

Thus, our study underlines the effectiveness of PGPB inoculation as a strategy to increase crop establishment under unfavourable conditions, contributing to sustainable production and food security in climate change scenarios that include increases in temperature between 1.8 and 4.4 °C by 2100 (Mirón et al., 2023).

Waraich, E. A., et al. "Alleviation of temperature stress by nutrient management in crop plants: a review." *Journal of soil science and plant nutrition* 12.2 (2012): 221-244.

Shahzad, Aqeel, et al. "Nexus on climate change: Agriculture and possible solution to cope future climate change stresses." *Environmental Science and Pollution Research* 28 (2021): 14211-14232.

Mirón, Isidro Juan, et al. "The influence of climate change on food production and food safety." *Environmental Research* 216 (2023): 114674.



Graphical abstract

Keywords: Soybean; Temperature stress; PGPB; Sustainability



SESIÓN DE SISTEMAS DE NUTRICIÓN Y SALUD

PCR a tiempo real para detectar lupino (*Lupinus albus* L.) en matrices alimentarias

M. Trujillo¹, I. Ballesteros¹, B. Beroiz¹, C. Cuadrado² y R. Linacero^{1*}.

¹Departamento de Genética, Fisiología y Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Complutense de Madrid, 28040 Madrid

²Departamento Tecnología de Alimentos, SGIT-INIA, Ctra. La Coruña Km. 7.5, 28040 Madrid

*Autor para correspondencia: charolin@ucm.es

Resumen

La alergia alimentaria a lupino o altramuz (*Lupinus albus* L.) ha aumentado en las últimas décadas, debido a la promoción de su consumo en los últimos años. El lupino contiene proteínas alergénicas que pueden causar reacciones inmunitarias graves a las personas sensibilizadas. Por ello, resulta imprescindible el desarrollo de métodos de detección fiables y reproducibles que permitan un correcto etiquetado de productos alimenticios que contengan lupino como ingrediente. En este trabajo hemos usado la PCR a tiempo real para detectar lupino en matrices alimentarias. El objetivo del trabajo es comparar la especificidad, sensibilidad y eficiencia del método usando distintas secuencias diana. Se han diseñado combinaciones de cebadores y sondas TaqMan® para la amplificación de dos secuencias nucleares (Lup a 1 y Lup a alpha_Conglutin) y dos secuencias de cloroplasto (rpS16 y rpL16). Una vez establecidas las mejores condiciones para conseguir una amplificación eficiente, se analizó la sensibilidad y especificidad de cada combinación cebadores/sonda. Los resultados mostraron diferencias entre los tipos de secuencias usadas como diana, obteniéndose un mayor límite de detección (LOD: 1 mg/kg de lupino en harina de espelta) con las dianas multicopia (secuencias de cloroplasto). Cuando se usan las secuencias del genoma nuclear, Lup a 1 y Lup a alpha_Conglutin, el límite de detección fue de 10 mg/Kg y 100 mg/Kg respectivamente. Se ha analizado el efecto de los tratamientos en la detección de trazas de lupino en matrices alimentarias simples y complejas

Palabras clave: alergia alimentaria, procesado, Real time PCR, altramuz.

Proteínas β -conglutinas de altramuz azul (*Lupinus angustifolius* L.): un nuevo enfoque nutracéutico y radiosensibilizador en cáncer de mama

J. Escudero-Feliú^{1,2}, S. Moreno San-Juan^{2,4}, J.D. Puentes Pardo^{2,3}, P. Sánchez Uceta², E. Lima-Cabello¹, M.I. Nuñez^{2,5,6}, J. Leon^{2,7}, J.C. Jiménez-López^{1,8*}

¹Spanish National Research Council (CSIC). Estacion Experimental del Zaidin; Department of Stress, Development and Signaling in Plants. Granada, Spain.

²Biosanitary Research Institute of Granada (ibs.GRANADA). Granada, Spain.

³University of Granada; Department of Pharmacology, Faculty of Pharmacy. Granada, Spain.

⁴Cytometry and Microscopy Research Service, Biosanitary Research Institute of Granada, Spain.

⁵Department of Radiology and Physical Medicine, Faculty of Medicine, University of Granada, E-18016 Granada, Spain

⁶Biopathology and Regenerative Medicine Institute (IBIMER), Center for Biomedical Research (CIBM), University of Granada, E-18100 Granada, Spain

⁷Clinical Management Unit of Digestive Disease and UNAI, San Cecilio University Hospital, E-18006 Granada, Spain

⁸The UWA Institute of Agriculture; The University of Western Australia. Perth, WA Australia.

*Autor de correspondencia: josecarlos.jimenez@eez.csic.es

El cáncer de mama (CM) es el tumor más prevalente entre las mujeres a nivel mundial y uno de los más resistentes a los tratamientos convencionales. La radioterapia (RT) sigue siendo un tratamiento común, aunque su efectividad se ve limitada, en parte, por la presencia de células madre cancerígenas (CSCs), que son responsables de la recurrencia y la resistencia a la terapia. En este contexto, las proteínas conglutinas β de altramuz azul (*Lupinus angustifolius* L.) se presentan como agentes nutracéuticos prometedores, tanto como potenciales radiosensibilizadores como agentes citotóxicos para las líneas celulares de CM.

En este trabajo, se purificaron tres isoformas de conglutinas β ($\beta 1$, $\beta 3$ y $\beta 6$) utilizando cromatografía de afinidad, para evaluar sus efectos en líneas celulares de CM y su capacidad para mejorar la eficacia de la RT. A concentraciones muy bajas (2.5-10 ng/ μ l), las β -conglutinas mostraron una reducción significativa en la viabilidad y proliferación de células cancerígenas, indujeron mayores tasas de apoptosis, y regularon los niveles de estrés oxidativo y daño en el ADN. Además, estas proteínas demostraron propiedades anti-CSCs, preservando la viabilidad de las células sanas, sugiriendo un tratamiento natural y selectivo frente a esta subpoblación. Además, la combinación de β -conglutinas con dosis estándar de RT (4-6 Gy) sensibilizó a las células cancerígenas, mejorando los resultados de la radioterapia y afectando la expresión de genes relacionados con las CSCs, como SIRT1 y FoxO1, de manera dependiente del estado de p53.

En conclusión, este estudio es el primero en identificar a las proteínas conglutinas β de altramuz azul como agentes radiosensibilizadores naturales y terapéuticos contra el cáncer de mama, proponiendo una estrategia novedosa para el manejo y tratamiento del CM, con el potencial de mejorar la eficacia de la RT y reducir la recurrencia, minimizando al mismo tiempo los daños a las células sanas.

Agradecimientos y financiación

Jose C. Jimenez-Lopez agradece: 1) El Programa Europeo de Investigación MARIE CURIE (FP7-PEOPLE-2011-IOF), referencia de subvención: PEOF-GA-2011-301550; 2) El Ministerio de Economía y Competitividad de España (Programa Ramón y Cajal), referencia de subvención: RYC-2014-16536; 3) El programa intramural del CSIC, referencia de subvención: 202240I002; 4) El Ministerio de Ciencia e Innovación de España, referencia de subvención: CPP2021-008989.

Influencia de la germinación en la capacidad alergénicas de cacahuete y altramu

C. Arribas¹, S. Perez¹, M. Trujillo², M.M. Pedrosa¹, R. Linacero² y C. Cuadrado^{1*}

¹ Departamento de Tecnología de Alimentos, INIA-CSIC, Ctra. Coruña km 7.5, 28040 Madrid.

² Departamento de Genética, Microbiología y Fisiología, Facultad de Biología, Universidad Complutense de Madrid, 28040 Madrid

*Autor para correspondencia: cuadrado@inia.csic.es

Durante la germinación, algunas proteínas de reserva de las semillas son degradadas por proteasas endógenas en péptidos o aminoácidos para suministrar el nitrógeno necesario para el crecimiento de las semillas. Los brotes germinados de leguminosas son muy populares en los países orientales como hortalizas tradicionales y cada vez son más aceptados por los consumidores occidentales. Es importante destacar que después de la germinación a corto plazo, el contenido de vitaminas, minerales y polifenoles antioxidantes aumenta significativamente en las semillas de leguminosas y otras plantas, mejorando así el valor nutricional de los brotes de semillas. Varios estudios indican que la germinación produce una degradación significativa de las proteínas de reserva y disminución de la alergenicidad en cacahuete, arroz y soja. Por tanto, los productos germinados de legumbres y frutos secos tienen el potencial de ser una fórmula dietética segura para los individuos con riesgo de alergia a las legumbres y frutos secos. En este estudio se han llevado a cabo varios ensayos de germinación con semillas de cacahuete y altramu para determinar las condiciones óptimas de germinación de las semillas. Se analiza el porcentaje de germinación, variación en el contenido de proteína a lo largo de la germinación, modificación del perfil electroforético y de inmunodetección mediante Western blot con sueros de pacientes alérgicos. Se observan cambios importantes a lo largo de la germinación de cacahuete y altramu en su perfil electroforético y una disminución de la inmunoreactividad de los cacahuetes y altramuces germinados respecto a las muestras sin germinar.

Palabras clave: Germinación, alergia alimentaria, cacahuete, altramu

Control genético de la concentración de azúcares solubles en vaina fresca de judía común

C. García-Fernández¹, R. Rodríguez², A. Campa^{1*} y J.J. Ferreira¹

¹ Genética Vegetal. Área de Cultivos Hortofrutícolas y Forestales. Servicio Regional de Investigación y Desarrollo Agroalimentario (SERIDA), Ctra. AS-267, PK 19, 33300, Villaviciosa, Asturias

² Área de Tecnología de los Alimentos. Servicio Regional de Investigación y Desarrollo Agroalimentario (SERIDA), Ctra. AS-267, PK 19, 33300, Villaviciosa, Asturias.

*Autor para correspondencia: acampa@serida.org

Resumen

La judía común (*Phaseolus vulgaris* L.), constituye un recurso alimentario importante caracterizado por englobar una gran diversidad fenotípica, molecular y nutricional. Dentro de este contexto, el presente estudio centra su objetivo en la identificación de regiones genómicas asociadas al contenido de tres azúcares solubles (sacarosa, glucosa y fructosa) en vainas frescas de judía común.

El análisis genético se desarrolló en la población TUM, una población biparental compuesta por 175 líneas recombinantes consanguíneas (F_{6:7}) obtenidas a partir del cruzamiento entre la línea TU y ‘Música’, para la cual se dispone de un mapa de ligamiento compuesto por 842 marcadores SNP obtenidos por GBS (*‘genotyping by sequencing’*).

Los datos de fenotipado de la población TUM se obtuvieron a partir de su evaluación en tres campañas de cultivo independientes (otoño de 2018, primavera de 2020 y 2023) desarrolladas en las instalaciones del SERIDA (Villaviciosa, Asturias), utilizando un diseño de parcelas aleatorio (8-10 plantas por parcela/línea). Para cada línea se recolectaron 10 vainas frescas en estadio R8 (longitud máxima alcanzada y desarrollo de la semilla en fase temprana), se introdujeron en nitrógeno líquido y se almacenaron a -20 °C hasta su análisis. La extracción de los azúcares se realizó mediante la técnica HPLC. Como resultado se obtuvieron datos fenotípicos para las líneas parentales y un total de 165 líneas TUM.

Mediante un análisis ANOVA multifactorial se concluyó que el contenido de azúcares se encuentra significativamente influenciado por el ambiente en todos los casos. Sin embargo, la influencia del genotipo (línea) solo se detectó en el caso de la glucosa y la fructosa. Asimismo, no se detectó interacción alguna genotipo-ambiente, es decir, genotipos diferentes responden de manera similar a las variaciones ambientales. Todos los compuestos analizados, mostraron diferencias significativas entre las líneas parentales, presentando el parental TU concentraciones significativamente inferiores al parental ‘Música’. Para todos los compuestos excepto para sacarosa, se detectó la presencia de una herencia transgresiva hacia niveles de concentración más bajos. Ninguna de las líneas TUM analizadas presentó valores superiores a los registrados en el parental ‘Música’. Para el contenido en sacarosa se estimó una heredabilidad baja ($H^2 = 0.21$), mientras que para la glucosa y la fructosa se infirieron valores de H^2 moderados (~ 0.60). La distribución fenotípica de los tres azúcares evaluados se ajustó en todos los casos a una distribución normal.

El análisis de QTL realizado mediante el programa QGene usando el método ‘*Composite Interval Mapping*’, identificó tres regiones asociadas al contenido de glucosa y fructosa, localizándose una de ellas en el grupo de ligamiento Pv01 y dos en Pv06 (Figura 1). Dentro de las regiones cromosómicas detectadas se observó una co-localización de QTL de glucosa y fructosa, con la excepción de la segunda región identificada en Pv06, la cual resultó exclusivamente asociada al contenido de glucosa. Subyacentes a las regiones detectadas se identificó un total de 2.090 genes anotados de acuerdo a la versión 2.0 del genoma de referencia G19833 (<https://phytozome-next.jgi.doe.gov/>). A partir de este conjunto de genes, se seleccionaron un total de 41 posibles genes candidatos. Dicha selección se realizó de acuerdo a su implicación en el metabolismo del almidón y la sacarosa (N = 25), la glucólisis y la gluconeogénesis (N = 5), la fructosa y maltosa (N = 4), o bien a una anotación funcional asociada al transporte de los azúcares (N = 7).

Los resultados recogidos en el estudio corroboran que el contenido de azúcares solubles en vainas frescas de judía común constituye un carácter susceptible de mejora genética, lo que abre la puerta al desarrollo de variedades con perfiles nutricionales diferenciados, y por tanto, a la creación de alimentos funcionales adaptados a necesidades metabólicas específicas.

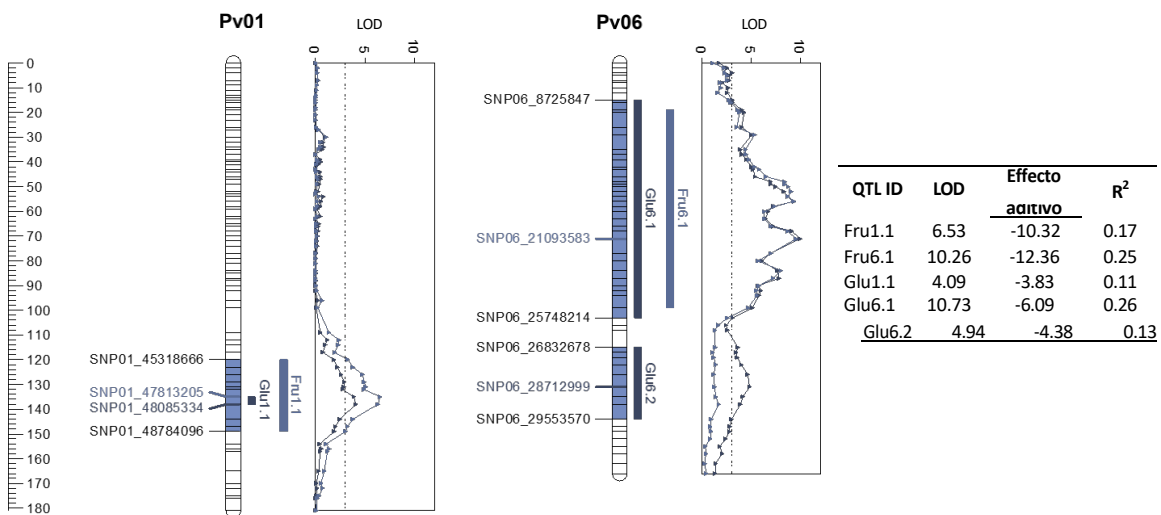


Figura 1. Representación gráfica de los QTL identificados en la población TUM asociados a la concentración de glucosa y fructosa en vaina fresca. Para cada región genómica identificada se indican los marcadores flanqueantes y el marcador más próximo al valor máximo del pico identificado para el QTL (en color). Cada marcador se nombra en referencia al grupo de ligamiento y a su posición física en pares de bases de acuerdo a la versión 2.0 del genoma de referencia G19833 (<https://phytozome-next.jgi.doe.gov/>). A la derecha de la figura se recoge la información más relevante de los QTL identificados. Efecto aditivo: el signo negativo representa un incremento del valor del carácter por parte del alelo parental ‘Música’.

Palabras clave: Sacarosa, Glucosa, Fructosa, QTL, *Phaseolus vulgaris*

Entre la toxicidad y la salud: las propiedades nutraceuticas de los alcaloides del altramuz

J. Escudero-Feliú^{1#}, E. Lima-Cabello^{1#}, J.C. Jiménez-López^{1,2 *}

¹Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC). Estación Experimental del Zaidín; Departamento de Estrés, Desarrollo y Señalización en Plantas. Granada, España

²Instituto de Agricultura de UWA; Universidad de Australia Occidental. Perth, WA, Australia.

[#]Ambos autores han contribuido de la misma forma en el trabajo

*Autor para correspondencia: josecarlos.jimenez@eez.csic.es

Los fitoquímicos son esenciales para el correcto funcionamiento de las plantas y su resistencia frente a plagas e infecciones. Entre estos compuestos, los alcaloides quinolizidínicos (AQs) son metabolitos secundarios que se encuentran principalmente en especies de la familia de las Leguminosas, y en particular en el género *Lupinus*. La domesticación reciente de especies de altramuz, como *Lupinus angustifolius*, ha permitido reducir la cantidad de alcaloides, pero estos siguen presentes en distintas concentraciones en las semillas de altramuz. Los AQs tienen múltiples beneficios a nivel agrícola, ya que protegen a las plantas contra plagas de insectos y nematodos parásitos. Sin embargo, ciertos niveles de AQs presentes en las semillas generan preocupación para el consumo humano debido a su sabor amargo y su potencial toxicidad.

Este trabajo tiene como objetivo destacar las propiedades nutraceuticas de los AQs y demostrar su potencial como agentes antioxidantes, antiinflamatorios e incluso anticancerígenos. A nivel molecular, nuestros estudios muestran que los AQs ejercen una serie de efectos funcionales: 1) mejoran el sistema de defensa antioxidante celular mediante la regulación de la capacidad redox de las células; 2) disminuyen los niveles de mediadores proinflamatorios; y 3) influyen en la expresión de genes implicados en procesos fisiológicos como el estrés oxidativo, el ciclo celular y la apoptosis, todos ellos relacionados con propiedades anticancerígenas.

Estos hallazgos cuestionan la percepción tradicional de los AQs como simplemente antinutrientes, destacando su papel ambivalente en la salud humana. Dependiendo del tipo y la concentración, los AQs pueden ofrecer múltiples beneficios para la salud a nivel nutraceutico, incluyendo efectos antiinflamatorios y anticancerígenos.

Agradecimientos y financiación

Jose C. Jimenez-Lopez agradece: 1) El Programa Europeo de Investigación MARIE CURIE (FP7-PEOPLE-2011-IOF), referencia de subvención: PEOF-GA-2011-301550; 2) El Ministerio de Economía y Competitividad de España (Programa Ramón y Cajal), referencia de subvención: RYC-2014-16536; 3) El programa intramural del CSIC, referencia de subvención: 202240I002; 4) El Ministerio de Ciencia e Innovación de España, referencia de subvención: CPP2021-008989.



SESIÓN DE SISTEMAS DE ALIMENTACIÓN ANIMAL

Evaluación del reemplazo de la soja por legumbres autóctonas en cerdos en crecimiento en condiciones de estrés por calor

María Rodríguez¹, Joaquín Morales¹, Rosa Nieto², Ignacio Fernández-Fígares^{2*}

¹ Animal Data Analytics, S.L., Dámaso Alonso 14, 40006, Segovia

² Estación Experimental del Zaidín, CSIC, Profesor Albareda 1, 18008, Granada

*Autor para correspondencia: ignacio.fernandez-figares@eez.csic.es

Resumen

El objeto de este estudio es evaluar el reemplazo de parte de la soja (el 50 o el 100% de la proteína aportada por la misma) en la ración de cerdos en crecimiento por legumbres locales, con objeto de disminuir la huella de carbono atribuible a las dietas de porcino y contribuir a la economía circular, ya que las legumbres utilizadas proceden del destrío de las cultivadas para consumo humano. Los cerdos se asignaron a uno de los siguientes tratamientos: Control (soja), guisante50, guisante100, lenteja50, lenteja100, garbanzo50, garbanzo100 (sustituyendo la mitad, 50, o el total, 100, de la proteína aportada por la soja). Se usaron 252 cerdos ($16,2 \pm 2,14$ kg) alojados en corrales de 6 animales, con seis corrales por tratamiento, alimentados *ad libitum* durante 28 días, tras los que fueron sacrificados. El ensayo se realizó durante el mes de junio de 2023. La temperatura media y la media de las máximas fue 22,7 y 29,1 °C, respectivamente. Las dietas se formularon para ser isocalóricas e isoproteicas (13,1 MJ/kg EM y 16,2% PB). Los cerdos se pesaron en los días 0 y 28 del ensayo. Se calculó la ganancia media diaria, la ingesta media diaria de alimento y la relación ganancia/ingesta de alimento. Además, se tomaron muestras fecales del recto en los días 24-28 para determinar las digestibilidades aparentes de la materia seca, la materia orgánica y la proteína. Además, los días 0, 14 y 28 de ensayo se obtuvieron muestras fecales para el análisis de los marcadores de inflamación intestinal mieloperoxidasa y calprotectina. El día 28 de ensayo, tras el sacrificio, se tomaron muestras de contenido cecal para el análisis de ácidos grasos volátiles y muestras de yeyuno e íleon para su análisis histológico. El análisis estadístico se realizó mediante ANOVA y se llevaron a cabo comparaciones múltiples usando el test de Duncan. En comparación con el Control, la ganancia media diaria fue mayor en los tratamientos de guisante100, garbanzo50, lenteja50 y guisante50 (22-33%; $P < 0,05$), sin existir diferencias en la ingesta de alimento ($P > 0,10$), lo que se tradujo en una mayor eficiencia bruta de uso del alimento (ganancia/ingesta de alimento) (17-24%; $P < 0,05$) respecto al control. Sin embargo, la digestibilidad de la materia seca, la materia orgánica y la proteína fue menor en todos los tratamientos respecto al Control (3-6%; $P < 0,05$). Además, los parámetros de histología intestinal arrojaron pocas diferencias entre tratamientos, excepto una menor longitud de las vellosidades (29%; $P < 0,05$) y grosor de la mucosa (20%; $P = 0,050$) a nivel del yeyuno en lenteja 100 de acuerdo con su menor digestibilidad de nutrientes. Por otro lado, no hubo diferencias en los marcadores de inflamación intestinal mieloperoxidasa y calprotectina entre tratamientos ($P > 0,10$). Aunque la cantidad total de ácidos grasos volátiles encontrados en contenido cecal fue similar en todos los tratamientos, la concentración de ácidos grasos ramificados tendió a disminuir (46-60%; $P < 0,010$) y su proporción respecto a los ácidos grasos de cadena lineal disminuyó (49-64%; $P < 0,05$) en los tratamientos garbanzo50 y lenteja50 respecto al Control, lo que puede indicar una menor fermentación de la proteína que alcanza el intestino grueso. Es difícil de explicar que animales con peor digestibilidad de nutrientes tengan mejores índices productivos, como ocurre en los animales que tomaron legumbres autóctonas en comparación con los alimentados con soja. Esto puede deberse a que la digestibilidad se determinó tras la recogida puntual de heces rectales lo que puede no ser

representativo de la digestibilidad de todo el periodo experimental. En conclusión, los índices productivos en el presente experimento indican que se puede sustituir total (guisante) o parcialmente (guisante, lenteja y garbanzo) la soja utilizada como fuente de proteína por leguminosas autóctonas en cerdos blancos durante la primera fase de engorde durante el periodo estival. Serán necesarios más estudios para corroborar los resultados obtenidos en este trabajo y dilucidar los posibles mecanismos de acción que expliquen el mayor crecimiento de los animales alimentados con legumbres autóctonas. Este trabajo ha sido realizado gracias al Horizon Europe Research and Innovation Program, European Union, Grant agreement No. 01059609 (Re-Livestock).

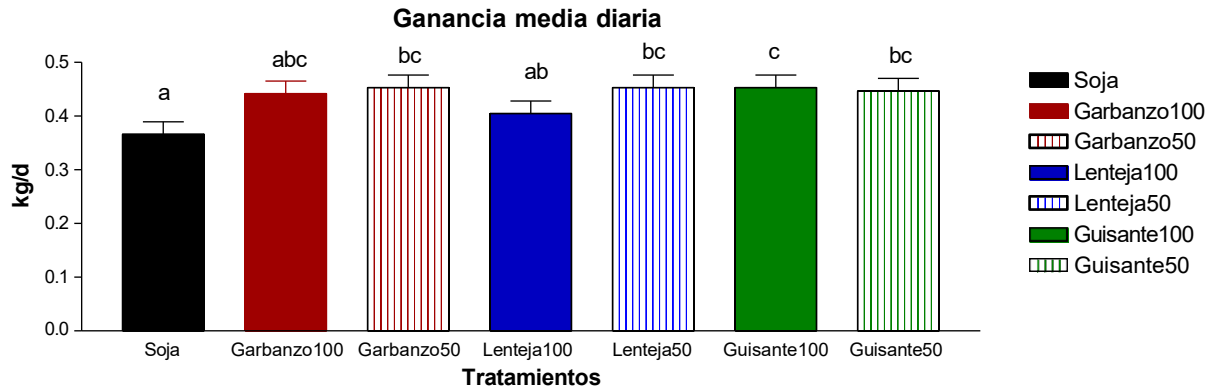


Figura 1. Ganancia media diaria en cerdos ($16,2 \pm 0,52$ kg) alimentados durante 28 días con dietas isoenergéticas e isoproteicas en que la principal fuente de proteína es la soja o bien la soja es sustituida con garbanzo, lenteja o guisante autóctonos. $n=6$ parques de 6 animales cada uno.

Palabras clave: estrés térmico, cerdos, soja, legumbres autóctonas

Cerdo ibérico y legumbre autóctona: una pareja de futuro

E. Gómez Izquierdo^{1*}, E. Guillamón², M. Martín Pedrosa², A.B. Martín Diana¹, W.M. Rauw², L. Gómez Raya², B. Martínez¹, M.A. Sanz¹, A. Barrios¹, A. García Vaquero¹, S. Astiz², P. López Nuez³, J. Gómez Fernández¹

¹Áreas de Ganadería, Agricultura e Innovación y Procesos, del Instituto Tecnológico Agrario de Castilla y León. Consejería de Agricultura y Ganadería. Ctra. Burgos-Portugal km 119. 47071, Valladolid.

²Departamentos de Calidad de los alimentos, Mejora Genética Animal y Reproducción Animal, INIA-CSIC, Ctra. de la Coruña km 7,5. 28040, Madrid.

³COPISO-ICPOR, Avenida de Valladolid 105. 42005, Soria.

*Autor para correspondencia: gomizqem@itacyl.es

Resumen

La relación del Centro de Pruebas de Porcino con las legumbres autóctonas aplicadas en alimentación de ganado porcino es larga y fructífera. Desde el año 2000 y hasta la actualidad se han realizado distintos proyectos: autonómicos, CDTI, RTA, SUSAN-ERANET, FEDER, FEADER, y contratos, con el protagonismo de alguna legumbre local. El interés de su incorporación a los piensos para cerdo blanco o ibérico, en sus distintas fases productivas, es incuestionable.

Todos los equipos participantes en los distintos trabajos somos conscientes de la importancia del cultivo de estas legumbres, y de su consideración como materias primas de valor en alimentación animal.

Como ejemplo de lo indicado podemos recordar el proyecto Legumpor (2010-2014), en el que intervinieron la mayor parte de los autores de esta comunicación. En su planteamiento se partía de la mejora genética de los cultivos (variedades de interés agronómico) y se finalizaba con distintos análisis sensoriales de lomos embuchados, procedentes de cerdos blancos alimentados con soja, alberjones, guisantes de invierno, garbanzo negro, etc.; en total ocho ensayos ganaderos en cuatro años (Gómez-Izquierdo *et al.*, 2019).

El proyecto se completaba con los procesos intermedios relativos a:

- análisis de nutrientes y bioactivos de legumbres, piensos y formulación de los mismos,
- rendimiento productivo y sanidad,
- estimación de variables de bienestar animal,
- matadero: rendimiento de canal y de piezas nobles,
- calidad de la carne,
- curación de lomos embuchados,
- análisis sensorial en COPISO SORIA, INIA-CSIC e ITACYL.

Todos los resultados se han publicado en numerosas revistas (divulgación, SCI) y congresos (nacionales e internacionales).

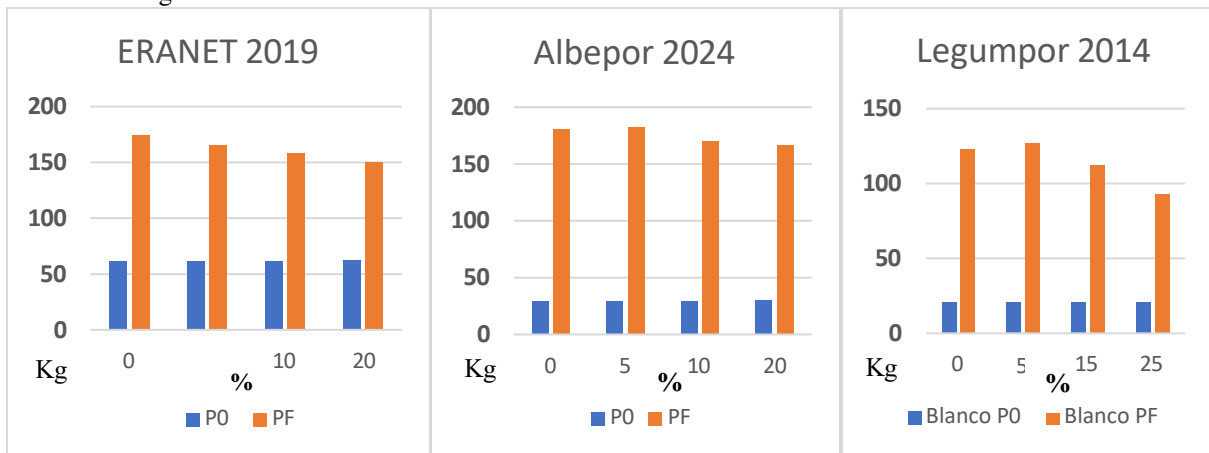
En este momento estamos finalizando otro proyecto con cerdos de cebo alimentados con alberjones en distintos porcentajes, titulado: Leguminosas autóctonas en la nutrición del cerdo ibérico: bienestar animal y norma de calidad (ALBEPOR).

Es un diseño similar al proyecto LEGUMPOR pero a menor escala y, en este caso con cerdo ibérico. Una característica que se observó con el proyecto LEGUMPOR relacionaba la cantidad de γ Glutamyl-S-Ethenyl-Cysteine (GEC), factor bioactivo exclusivo de los alberjones (Arias-Royo *et al.*, 2006), con el consumo de pienso: a pequeñas cantidades estimulaba el consumo y a partir del 7-8% de inclusión de grano en la dieta se empezaba a frenar. Esa pauta se pone de manifiesto también con cerdo ibérico, como estamos comprobando en el proyecto actual. De

ahí, la importancia de averiguar qué bioactivos se encuentran en las leguminosas (Muzquiz, 2012) y, sobre todo, el efecto que pueden provocar, en nuestro caso, en los cerdos.

Conseguir que los cerdos ibéricos (50%), alimentados con pienso, lleguen a la edad de sacrificio que exige la norma de calidad (RD 4/2014) para que se consideren ibéricos (10 meses), sin consumos y pesos excesivos, es muy complejo. Se han seguido diferentes estrategias: aumentar la energía y la fibra de la dieta para provocar saciedad, sin resultados prácticos, incluso restringir la cantidad de pienso diaria, lo que supone un estrés a los animales incompatible con las normas de bienestar animal. Llegar a los 10 meses de edad supone, en definitiva, mayores costes productivos, por el aumento del consumo y canales más engrasadas poco atractivas para la industria. Los alberjones favorecen la saciedad de los animales y frenan el consumo y crecimiento de los cerdos, como se observa en los **Gráficos**; hasta el momento, no hemos encontrado anomalías en los distintos parámetros de bienestar analizados, ni patologías asociadas a su ingesta.

Gráficos. Pesos iniciales (P0) y finales (PF) en tres ensayos de cerdos alimentados con alberjones en distinto porcentaje. ERANET: ibéricos sacrificados con 260 d/v; Albepor: ibéricos sacrificados con 300 d/v; Legumpor: cerdos blancos grasos.



La cantidad de GEC, que puede variar del 0,4 a 3,8 % del grano, es el factor determinante de esta propiedad. Los alberjones empleados en nuestros ensayos presentaron valores intermedios de GEC (1,5 a 2%) y, en todos los casos, se afectó la palatabilidad del pienso. En los ensayos con cerdo blanco graso (Legumpor: 21 a 125 kg) niveles de ingestión superiores a 5 g/d de GEC en el pienso provocaron una disminución del consumo, por debajo de esa cantidad lo estimularon (Gómez-Izquierdo *et al.*, 2019, 2023). En el proyecto ERANET, con cerdos ibéricos de cebo (cruzados 50%), el consumo de pienso fue inferior en los animales que comieron las dietas con alberjón en relación con los animales del pienso control; la edad de sacrificio no llegó a la que indica la norma, finalizando el ensayo con 261 dv, para evitar de esta manera pesos y consumos demasiado elevados y canales muy engrasadas.

Los datos previos, del ensayo que hemos finalizado en octubre (Albepor), muestran que adelantando la ingesta del alberjón a edades más tempranas se alcanza un peso de sacrificio razonable, con diferencias que pueden llegar al 10% en relación con los cerdos que han consumido una dieta estándar. A falta, de incorporar los análisis de bienestar, la calidad y el análisis sensorial de la carne, los resultados de rendimiento son ciertamente atractivos.

Palabras clave: cerdo ibérico, alberjones, control del consumo.

Agradecimientos: trabajo financiado con el proyecto FEADER – ALBEPOR-2023/529.

Referencias bibliográficas:

· Arias Royo, M. *et al.*, Grain Legumes. 47 – 3rd quarter 2006 (18, 19). · Gómez-Izquierdo, E. *et al.* XX Congreso AIDA. Zaragoza, junio 2023 · Gómez-Izquierdo, E. *et al.* XVIII Congreso AIDA. Zaragoza, mayo de 2019. · Muzquiz, M. IV Jornadas AEL Pontevedra, junio de 2012. · RD 4/2014, Norma de calidad del cerdo ibérico.

Effects of genetic variation, drought stress and symbiotic relationship on the nutritional profile of common vetch grain

E. Ramírez-Parra^{1*}, M.I. López-Román¹, C. Castaño¹,
L. De la Rosa², T. Marcos-Prado³

¹Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas, (CBGP, UPM-INIA/CSIC) Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria, Consejo Superior de Investigaciones Científicas, Universidad Politécnica de Madrid. Campus de Montegancedo, 28223 Pozuelo de Alarcón, Madrid

²Departamento de Medio Ambiente y Agronomía (INIA/CSIC), Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria, Consejo Superior de Investigaciones Científicas La Canaleja, A2 km 36 28805 Alcalá de Henares, Madrid

³Centro de Recursos Fitogenéticos, (CRF-INIA/CSIC) Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria, Consejo Superior de Investigaciones Científicas 28805 Alcalá de Henares, Madrid

*Autor para correspondencia: ramirez.elena@inia.csic.es

Abstract

In human and livestock diets, legumes constitute the main source of plant protein, playing an essential function in nutrition. Common vetch (*Vicia sativa* L.) is an annual grain legume frequently used for enriching animal feedstuffs due to its high protein content. Common vetch, like other legumes, has the ability to fix nitrogen, which is fundamental for sustainable agriculture by reducing the need for fertilizers and mitigating soil degradation (Ramírez-Parra and De la Rosa, 2023). One significant environmental issue limiting the yield of legume crops, including vetches, is drought. As a direct consequence of climate change, its effects will increase in the upcoming years.

The genetic diversity among different varieties and environmental conditions can significantly influence not only the productivity, but also the nutrient composition of legume grains. In previous works, our team has carried out the genotypic characterization and agronomic evaluation of the Spanish common vetch collection (De la Rosa et al., 2021). In this study, we have examined the influence of genetic diversity on the nutritional profile of grain in different common vetch genotypes. The quantity and quality of proteins, carbohydrates, minerals, metabolites and anti-nutritional factors have been analyzed. The effects of drought and rhizobial symbiosis on the dietary quality of vetch grain have also been studied. Our results show specific alterations in the levels and profiles of certain nutrients when comparing different common vetch accessions. Specific changes in grain composition under water deprivation or in plants that have established symbiosis were also observed. Interestingly, we have also seen that the levels of tannins, flavonoids, anthocyanins and total phenols also vary under different treatments and accessions. In summary, our findings suggest that the nutrient content of *V. sativa* grain is significantly influenced by genotype and environmental changes, including drought stress and symbiosis. We have integrated these data with agronomic data of production and phenology to select varieties suitable for different objectives. The impact of these results could be relevant for future breeding strategies in which different agronomic practices could be also integrated into the variety selection process.

References:

Ramírez-Parra, E.; De la Rosa, L. Designing Novel Strategies for Improving Old Legumes: An Overview from Common Vetch. *Plants* 2023, 12, 1275. <https://doi.org/10.3390/plants12061275>.

De la Rosa, L.; López-Román, M.I.; González, J.M.; Zambrana, E.; Marcos-Prado, T.; Ramírez-Parra, E. Common Vetch, Valuable Germplasm for Resilient Agriculture: Genetic Characterization and Spanish Core Collection Development. *Front. Plant Sci.* 2021, 12, 617873. <https://doi.org/10.3389/fpls.2021.617873>

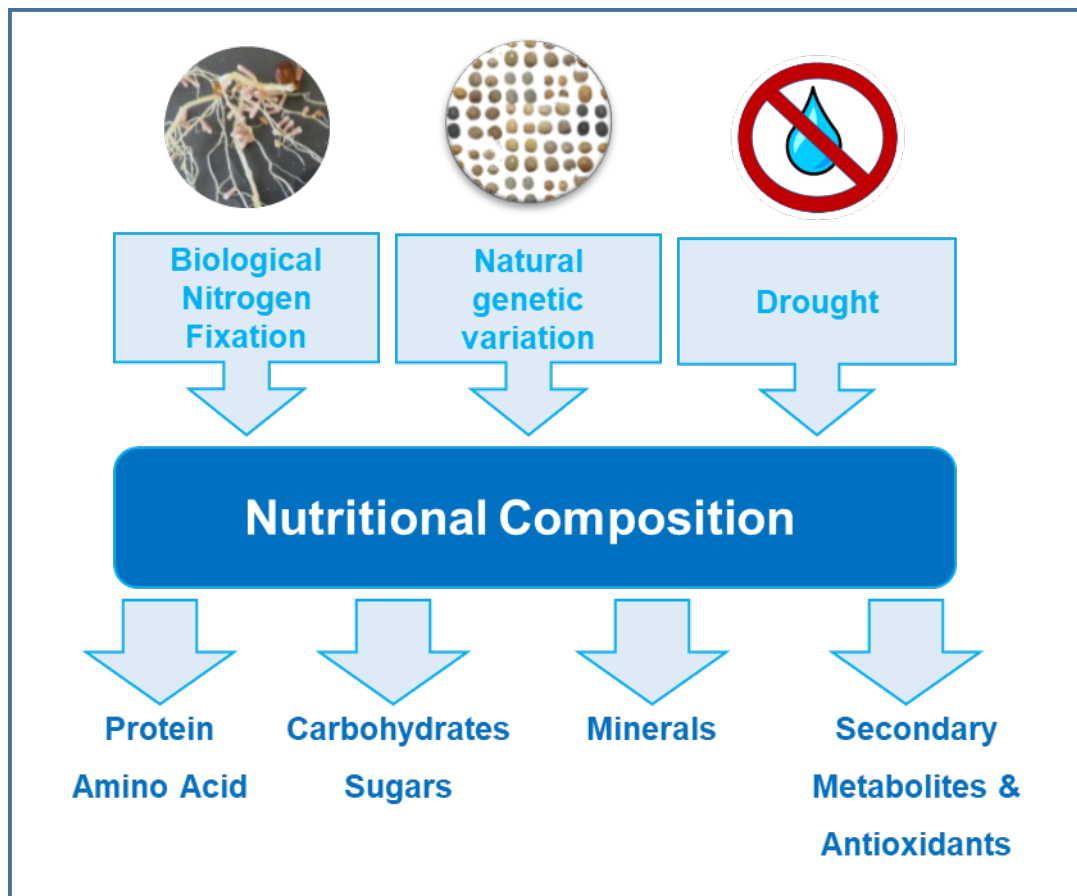


Figure1: Effect of genetic variation, drought and rizobacterial symbiosis on the nutritional composition of common vetch grain, analyzing protein and carbohydrate composition, amino acid and sugar profiles, minerals, antioxidants and other primary and secondary metabolites.

Funding:

This work has been funded by grants PDI2021-122138OR-I00 (MCIN/AEI/10.13039/501100011033/ FEDER, UE).

Keywords: common vetch; nutrition; drought; symbiosis; genetic resources;

Recursos genéticos de leguminosas para pastos permanentes del Mediterráneo – Pre-breeding

T. Carita^{1*} y G. Pereira^{1,2}

¹ Instituto Nacional de Investigação Agrária e Veterinária, I.P., Estrada de Gil Vaz, Ap. 6, 7351-901 Elvas, Portugal

² GeoBiotec, NOVA School of Science and Technology, Caparica, Portugal

*Autor para correspondencia: teresa.carita@iniav.pt

Resumen

Los recursos fitogenéticos (diversidad biológica de los cultivos y sus parientes silvestres, que abarca la variación fenotípica y genotípica) o germoplasma vegetal son el componente más directamente útil de la diversidad biológica vegetal. La biodiversidad incluye variedades autóctonas, variedades de cultivos agrícolas y sus parientes silvestres, abarcando la variación fenotípica y genotípica. El ritmo actual de extinción de la biodiversidad es alarmante; desde 1900, se han perdido tres especies de plantas de semilla cada año, 500 veces más rápido de lo que ocurriría de forma natural. Varios autores creen que nos encontramos en una nueva era histórica, el Antropoceno. Esta nueva era se caracteriza por el gran impacto del hombre en nuestros ecosistemas (degradación profunda, pérdida progresiva de la capacidad de producción, etc.). Los pastos permanentes son ecosistemas antropogénicos que ofrecen recursos alimentarios de bajo coste, principalmente para la alimentación de rumiantes, y constituyen la base de la producción y los medios de vida en muchas zonas rurales de todo el mundo; ocupan una superficie muy significativa de las tierras cultivables del planeta y, asociados al pastoreo extensivo, son fundamentales para la subsistencia de cientos de millones de personas. El éxito de los sistemas de pastizales depende en gran medida de la persistencia a lo largo de los años de una diversidad fitogenética adecuada, es decir, la composición florística es un elemento clave del funcionamiento ecológico y agronómico. Las leguminosas anuales de resiembra natural, utilizadas normalmente en mezclas más o menos biodiversas, constituyen una parte vital de la alimentación de los rumiantes. Además, son especies que se adaptan especialmente bien a los pastos de secano porque, además de las ventajas propias de la familia *Leguminosae*, sus semillas se caracterizan por su elevada dureza, que impide que pierdan fácilmente su poder germinativo. Suelen ser muy palatables, de gran calidad y su digestibilidad disminuye menos rápidamente a medida que la planta madura que la de muchas gramíneas. También suelen tener niveles de proteínas más elevados que las gramíneas. La mayoría de estas leguminosas desarrollan un hábito de crecimiento indeterminado, lo que les permite rendir mejor en las difíciles condiciones del clima mediterráneo. El objetivo de este trabajo es contribuir a minimizar la pérdida de biodiversidad genética de algunas especies con aptitud pascícola que aún existen en la flora espontánea de Portugal e identificar características de interés en varios ecotipos de diferentes especies de leguminosas pratenses pertenecientes a la colección de trabajo del Instituto Nacional de Investigación Agraria y Veterinaria, I. P. - Polo de Innovación de Elvas - Portugal, creada a partir de diversas misiones de recolección de germoplasma en Portugal continental. Estos objetivos se consiguen, por ejemplo, aumentando el conocimiento sobre la diversidad presente en los ecosistemas, transmitiendo y difundiendo este conocimiento para que una sociedad más informada pueda desempeñar un papel más proactivo en la defensa de los valores naturales, protegiendo, conservando y restaurando la diversidad genética y escuchando a la comunidad científica antes de tomar decisiones políticas. Para ello, el INIAV - Centro de Innovación de Elvas desarrolla desde hace años programas de conservación y mejora de varias especies de gramíneas, en el marco de los cuales, entre 2019 y 2022, se caracterizaron un total

de 68 ecotipos: 12 *Ornithopus compressus* (Ocom), 7 *Ornithopus pinnatus* (Opin), 12 *Trifolium cherleri* (Tche), 28 *Trifolium glomeratum* (Tglo) y 9 *Trifolium lappaceum* (Tlap). Todo el material vegetal procedía de misiones de prospección y recogida de germoplasma realizadas en Portugal continental. Cada ecotipo se caracterizó durante 2 años consecutivos. Para caracterizar este material vegetal se utilizaron varios descriptores desarrollados por el INIAV-Elvas basados en los desarrollados por *Bioversity International* y la UPOV (*International Union for the Protection of New Varieties of Plants*) para especies del mismo grupo. El objetivo es identificar ecotipos con un elevado vigor/crecimiento invernal y una floración precoz. El análisis de los descriptores aplicados a las colecciones de germoplasma de las cinco especies de leguminosas pratenses anuales reveló cierta variabilidad entre ellas, especialmente en lo que respecta a la precocidad y la duración de la floración. Por término medio, *Trifolium cherleri* es la especie más precoz (una media de 156 días desde el trasplante hasta el inicio de la floración) y *Trifolium lappaceum* la más tardía (167 días). En cuanto al tiempo de floración, la especie con el periodo medio más largo es *Ornithopus compressus* (39 días), que presenta un mayor vigor vegetativo. Los resultados revelaron material genético prometedor (Tche 15711; Tglo 15667; Tglo 15675; Tlap 35/16B; Ocom 15682; Ocom 15684; Ocom15699) para diferentes tipos de utilización (mezclas de gramíneas y/o recubrimientos). Algunas de las accesiones estudiadas en este trabajo se integrarán en los respectivos programas de mejora genética que se están llevando a cabo en el INIAV-Elvas.

Palabras clave: Biodiversidad; Especies pratenses; Mejora vegetal; Pastos



SESIÓN DE NUEVAS UTILIZACIONES DE LAS LEGUMINOSAS

Incorporación de subproductos de jabuticaba (*Myrciaria cauliflora* (Mart.) O.Berg, Fl. Bras. (Martius)) en harinas a base de lenteja y arroz: efecto de la extrusión

M. Ciudad-Mulero^{1,2}, M.M. Pedrosa^{2*}, C. Arribas², J.D.J. Berrios³, M. Cámara¹ V. Fernández-Ruiz¹ J. y P. Morales¹

¹ Dpto. Nutrición y Ciencia de los Alimentos. Facultad de Farmacia. Universidad Complutense de Madrid (UCM). Pza Ramón y Cajal, s/n. E-28040, Madrid

² Dpto. Tecnología de Alimentos, INIA-CSIC, Ctra de La Coruña km 7.5, 28040 Madrid

³ USDA-ARS-WRRC, 800 Buchanan Street, Albany, CA 94710-1105, USA

*Autor para correspondencia: mmartin@inia.csic.es

Resumen

El aprovechamiento de subproductos agroalimentarios representa una interesante estrategia que permite su revalorización, al tiempo que ofrece a la industria alimentaria la posibilidad de desarrollar productos innovadores que satisfagan las demandas de los consumidores, tanto desde el punto de vista nutricional como desde el punto de vista de la sostenibilidad.

En los últimos años se han desarrollado distintas formulaciones sin gluten, destinadas a la elaboración de productos extruidos tipo snack, aptos para la población celiaca. Estas matrices alimentarias combinan harinas de legumbres junto con cereales como el arroz o el maíz, presentando un interesante perfil nutricional, que destaca principalmente por el contenido de fibra. Además, estas formulaciones pueden enriquecerse con la incorporación de subproductos agroalimentarios como ingredientes funcionales, de tal forma que aumenta el contenido de compuestos bioactivos.

La tecnología de extrusión modifica el contenido de distintos compuestos que presentan actividad biológica, entre los que se encuentran los inhibidores de tripsina y los inositoles fosfatos, entre otros. Estos compuestos, dependiendo de su concentración, del tiempo de exposición y de la interacción con otros constituyentes de la dieta pueden exhibir un efecto beneficioso para la salud (compuestos bioactivos) o negativo (antinutrientes). El objetivo de este estudio ha consistido en evaluar el efecto de la extrusión sobre la actividad inhibidora de tripsina y el contenido de inositoles fosfato en un total de 18 muestras, correspondientes a 9 formulaciones diferentes (crudas y extruidas) elaboradas a base de harinas de lenteja/arroz (30/70) enriquecidas con diferentes porcentajes (0-20%) de subproducto de jabuticaba (*Myrciaria cauliflora* (Mart.) O.Berg, Fl. Bras. (Martius)), fermentada o sin fermentar. La actividad inhibidora de tripsina se analizó por espectrofotometría, según ensayo cuantitativo, mientras que los inositoles fosfato individuales (IP4, IP5 e IP6) se cuantificaron por HPLC mediante intercambio iónico en fase reversa.

La actividad inhibidora de tripsina de las muestras crudas varió entre 0,91 – 1,23 TIU/mg. La muestra control, elaborada únicamente a base de harinas de lenteja y arroz, presentó una concentración de inhibidores de tripsina significativamente ($p < 0,05$) superior, en comparación con el resto de muestras crudas. Los resultados muestran que la incorporación de subproducto de jabuticaba favorece una disminución de los niveles de inhibidores de tripsina, sin embargo, este descenso no se relaciona con el porcentaje de subproducto que se incorpora en cada caso, lo cual puede deberse a que los compuestos fenólicos presentes en la jabuticaba también tienen cierta capacidad de inhibición de enzimas digestivas, como la pepsina o la tripsina. Sin embargo, en las muestras extruidas se aprecia la tendencia opuesta, ya que se observa un

aumento de los inhibidores de tripsina a medida que aumenta el porcentaje de subproducto jabuticaba presente en las formulaciones. Esta circunstancia podría explicarse entendiendo que los compuestos fenólicos presentes en el fruto pueden ejercer un efecto protector frente a la degradación térmica de las enzimas. En el caso de las muestras sometidas a extrusión, los valores de actividad inhibidora de tripsina se encontraron entre 0,10 – 0,48 TIU/mg y se observó que la extrusión redujo el contenido de estos compuestos en un 47,3 – 91,9 %.

Los resultados del análisis de inositoles fosfatos mostraron que el IP6 fue la isoforma predominante en la mayoría de las muestras crudas, seguida de IP5 e IP4. La muestra control fue la que mayor contenido total presentó de estos compuestos (2,04 mg/g) y se observó que las formulaciones que incorporaron subproducto de jabuticaba fermentada, presentaron un contenido significativamente ($p < 0,05$) superior de inositoles fosfato totales que las formulaciones elaboradas con subproducto de jabuticaba sin fermentar. En las formulaciones extruidas, las isoformas IP5 e IP6 fueron las mayoritarias, encontrándose el contenido total de estos compuestos entre 0,62 – 1,46 mg/g. Como consecuencia de la extrusión, el contenido total de inositoles fosfato, así como el contenido de IP6, se vieron reducidos hasta en un 38,7 % y en un 54,1 %, respectivamente.

Los resultados obtenidos demuestran que la tecnología de extrusión logra mejorar el valor nutricional de las formulaciones elaboradas a base de lenteja y arroz, enriquecidas con subproducto de jabuticaba, ya que favorece la disminución significativa del contenido de inhibidores de tripsina y de inositoles fosfato. Estos compuestos dificultan la absorción de ciertos nutrientes, por lo que la reducción del contenido de inhibidores de tripsina que se consigue con la extrusión favorecería la digestión de proteínas, mientras que la reducción del contenido de inositoles fosfato mejoraría la biodisponibilidad de ciertos minerales. En concreto, los mejores resultados se encontraron en las formulaciones enriquecidas con un 5% y un 10% de subproducto de jabuticaba fermentada.

Palabras clave: legumbres, extrusión, jabuticaba, subproductos agroalimentarios, antinutrientes

Bloody legume nodules for breakfast? Bridging the gap between plant and human “nutritionists”

I. Abreu^{1*}, Z. Li², C. Zeder³, N. Stoffel¹, R. Kopec², A. Drakesmith¹ y M. Zimmerman¹

¹ Translational Immune Discovery Unit, MRC Weatherall Institute of Molecular Medicine, University of Oxford, Oxford, United Kingdom.

² Department of Human Sciences, The Ohio State University, Columbus, USA.

³ Institute of Food, Nutrition and Health, ETH Zurich, Zurich, Switzerland.

*Autor para correspondencia: isidro.abreu@rdm.ox.ac.uk

Abstract

Iron deficiency is the most prevalent micronutrient disorder affecting animals and approximately 2 billion humans. Jargon and methodological barriers prevent plant nutritionists from testing the impact of their biofortification strategies on the population. Furthermore, current biofortification efforts are primarily focused on increasing the overall iron content but neglecting its speciation, especially the well-absorbed heme iron, due to its low prevalence in plant-derived products.

Nodules, tiny structures formed in the roots of legumes when in symbiosis with nitrogen-fixing rhizobia, are characterized by a high iron content. According to the literature, the nodule proteome is rich in metalloproteins such as leghemoglobin (heme iron) and nitrogenase (iron-sulphur clusters), as well as small iron chelators such as citrate or nicotianamine. In this work, we are characterizing the suitability of nodules as a sustainable source of iron for humans.

We characterized the yield and content of iron and other transition elements in nodules collected from various legume-rhizobia pair models. We also measured the abundance of leghemoglobin, heme, and estimated its occupancy using spectrophotometric methods. Based on the above, we have selected nodules from *Phaseolus vulgaris* (common bean) in symbiosis with *Rhizobium etli* as the most promising material for feeding humans. We are now determining the presence of iron absorption inhibitors such as phytic acid and polyphenols in these nodules.

In parallel, we are assessing the iron bioavailability in these materials using an in vitro model of the intestinal epithelial barrier, the Caco-2 cell bioassay. For that, we will digest pulverized nodules in a process that mimics the food transit into the stomach and early duodenum which then we will feed to Caco-2 cells measuring ferritin as a proxy for the absorbed iron. If we got positive results, we will then determine the actual absorption of iron from the nodules in a clinical trial. Briefly, we will grow plants in the presence of a stable iron isotope (no radioactive), which the plants would incorporate in their biomass. This material will be incorporated in a meal and feed to mildly anaemic patients, after which we will measure how much isotope is incorporated in their blood cells.

Our results will provide evidence as to whether a heme biofortification strategy is a go/no-go avenue. Additionally, by presenting a streamlined pipeline and caveats regarding a plant-derived compound, we aim to ease the barriers faced by plant nutritionists in effectively testing the efficacy of their biofortification strategies.

Keywords: Iron absorption, Nodules, Rhizobia-legume symbiosis, Leghemoglobin

El rol de las legumbres y nuevas alternativas sobre la salud cardiometabólica

M. López Moreno

¹ Dieta, Salud Planetaria y Rendimiento, Madrid, Universidad Francisco de Vitoria.

*Autor para correspondencia: miguel.lopez@ufv.es

Resumen

Esta ponencia abordará el impacto de las legumbres en la salud, enfatizando sus beneficios nutricionales y su capacidad para prevenir enfermedades crónicas, mejorar la salud cardiovascular y regular la glucosa. Además, se evaluarán las nuevas alternativas alimentarias a base de legumbres, como carnes y lácteos vegetales, que buscan ofrecer opciones saludables y sostenibles para dietas variadas. Finalmente, se discutirán los avances y desafíos de estos productos innovadores en el mercado de la alimentación saludable.

Palabras clave: dieta basada en plantas; legumbres, salud cardiometabólica, análogos cárnicos; proteínas vegetales

Leggie[®], innovación alimentaria a partir de algarroba

M. Miguel^{1,3}, M. Garcés-Rimón^{2,3*}

¹ Bioactive Gastronomy. Instituto de Investigación en Ciencias de la Alimentación, (CIAL; CSIC-UAM) Madrid.

² Grupo de Investigación en Biotecnología Alimentaria. Universidad Francisco de Vitoria, Madrid. Spain.

³ iLike Food Innovation S.L. (Spin-off CSIC-UFV), Madrid. Spain.

*Autor para correspondencia: marta.garces@ufv.es

Resumen

En la actualidad más de 8.000 millones de personas habitan el planeta tierra, y se espera que esta cifra llegue a superar los 9.000 millones en 2050. Esta previsión plantea numerosos retos a nivel global y especialmente a la industria agroalimentaria, que deberá producir alimentos suficientes, seguros y de calidad con unos recursos naturales limitados. En este sentido, la Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura (FAO) destaca el papel de las legumbres no solo por sus excelentes propiedades nutricionales para la alimentación humana, sino también por sus beneficios en la producción sostenible de alimentos para mejorar la seguridad alimentaria.

Además, en la última década, se ha producido un cambio de patrón alimentario a nivel mundial. Cada vez es mayor el número de personas que se preocupan por su salud y por la delicada situación climática que amenaza el planeta, que optan por reducir el consumo de productos de origen animal. Estas personas han modificado su alimentación orientándose hacia un consumo prioritario de alimentos de origen vegetal, y entre ellos han surgido los alimentos que simulan a productos de origen animal. Dentro de las materias primas más utilizadas para elaborar este tipo de alimentos se encuentra el gluten del trigo, el guisante o la soja. Sin embargo, muchos de estos productos comercializados están todavía lejos de ser aceptados por los consumidores, debido principalmente a la presencia de alérgenos, a su baja sensorialidad y a su composición poco honesta, pues a pesar de ser productos de origen vegetal, si repasamos sus ingredientes, muchos de ellos tienen una dudosa calidad nutricional. En base a este reto, hemos desarrollado Leggie[®], marca registrada y protegida bajo secreto industrial de un nuevo producto alimentario elaborado a partir de algarroba, una legumbre tradicional de la cuenca mediterránea. Desde el punto de vista medioambiental, la algarroba es una legumbre con una baja huella hídrica y de carbono, pues requiere muy poca agua para su cultivo, enriquece los suelos por su gran capacidad de fijar nitrógeno de la atmósfera, generando gran riqueza y biodiversidad en los suelos donde se cultiva, además de ser muy resistente a las plagas.

Leggie[®] cumple con la premisa de etiqueta limpia, ya que está tan sólo compuesto por 6 ingredientes naturales. Con respecto a su valor nutricional, destaca por su gran aporte de fibra dietética, el alto valor biológico de sus proteínas, derivado de la combinación en su formulación de un cereal como es el arroz, y una legumbre como es la algarroba, y la ausencia de colesterol. Además, no contiene ninguno de los 14 alérgenos de obligada información en su formulación, por lo que lo hace un producto apto para todo el mundo. Siguiendo una filosofía de etiqueta limpia, no contiene ni aditivos ni conservantes en su composición, gracias a su envasado mediante altas presiones isostáticas (del inglés HPP).

En cuanto a su aplicación culinaria, Leggie[®] es muy versátil en cocina tanto en recetas tradicionales como en cocina de vanguardia internacional. Además, destaca por la

ausencia de notas verdes, matiz sensorial negativo que penaliza mucho el sabor de alternativas o productos similares elaborados a partir de vegetales.

Actualmente Leggie® se encuentra validado en el mercado y comercializado como ingrediente y como plato preparado con una gama de más de 10 referencias a nivel nacional.



Leggie. Ingrediente base elaborado a partir de algarroba.

Palabras clave: Algarroba, innovación alimentaria, fibra dietética, etiqueta limpia, legumbre.

Evaluación de la supervivencia de cepas de *Trichoderma* en bioformulados con leguminosas como sustrato orgánico

D. Ramírez-Lozano^{*1}, S. Mayo-Prieto¹, A. Rodríguez-González¹, A. Porteous-Álvarez¹, G. Carro-Huerga¹, L. Zañano-González¹, R. Montes-Ruiz¹, R.E. Cardoza², N. Martínez-Reyes², S. Gutiérrez², P.A. Casquero¹

¹ Grupo Universitario de Investigación en Ingeniería y Agricultura Sostenible (GUIIAS), Instituto de Medio Ambiente Recursos Naturales y Biodiversidad, Escuela de Ingeniería Agraria y Forestal, Universidad de León, Avenida de Portugal nº41, 24009 León, España.

² Grupo Universitario de Investigación en Ingeniería y Agricultura Sostenible (GUIIAS), Área de Microbiología, Escuela de Ingeniería Agraria y Forestal, Universidad de León, Campus de León, Campus de Vegazana s/n, 24007 León, España

*Autor para correspondencia: draml@unileon.es

Trichoderma spp. es un hongo filamentosos del suelo que actúa como antagonista de fitopatógenos y plagas vegetales. lo cual es un gran avance en agricultura debido a la reducción en el uso de productos de síntesis química (Cardoza et al., 2022; Mayo *et al.*, 2015). En los últimos años ha aparecido en el mercado formulados orgánicos compuestos por hongos y/o bacterias para promover el crecimiento de los cultivos.

El objetivo de este estudio es evaluar la supervivencia de *Trichoderma* presente en cinco formulados que promueven el fortalecimiento del sistema radicular, favoreciendo la absorción de nutrientes para mejorar la eficiencia en la producción.

La composición de cada formulado (F) fue: F1, con 10^8 UFC/g de *Trichoderma* sp. y bacterias de los géneros *Bacillus*, *Aureobasidium*, *Azotobacter* y *Rhodopseudomonas*; F2 con 2×10^7 UFC/g de *Trichoderma* sp., bacterias del género *Bacillus*, micorrizas y maltodextrina; F3 con 2×10^7 UFC/g de *Trichoderma* sp., bacterias del género *Pseudomonas*, micorrizas y maltodextrina; F4 con 2×10^7 UFC/g de *Trichoderma* sp., bacterias de los géneros *Azospirillum* y *Azotobacter*, micorrizas y maltodextrina; F5 con 4×10^8 UFC/g de *Trichoderma* sp., harina de lenteja y garbanzo, micorrizas del género *Glomus* y bacterias del género *Bradhyrhizobium*. Se realizaron 6 concentraciones de cada formulado con las proporciones de formulado:agua, 1:1; 0,5:1; 0,25:1;0,15:1; 0,075:1; 0,0375:1). Se sembraron 100 µl de cada concentración en placas Petri de 60 mm de diámetro en dos medios de cultivo diferentes, Patata-Dextrosa-Agar (PDA, Sigma, Alemania) y Agar-Rosa de Bengala - Cloranfenicol (Condalab, España). Se realizó dos repeticiones por cada medio y concentración. Se incubaron durante siete días a 25 °C en una cámara de cultivo y en condiciones de oscuridad. Tras este periodo se evaluó la presencia de *Trichoderma* en cada formulado.

Con los datos obtenidos se pudo observar que solo en uno de los formulados se desarrolló *Trichoderma* en ambos medios de cultivo. El formulado F5, que tenía dentro de su composición harina de lenteja y de garbanzo. El resto de los formulados sólo crecieron los otros microorganismos inoculados sin que hubiera presencia de aislados de *Trichoderma*. Se puede concluir que la presencia de leguminosas en su composición del formulado favoreció la supervivencia de *Trichoderma*. Con ello se estableció un punto de partida para seguir investigando formulaciones que garanticen la supervivencia de organismos beneficiosos para el medio y para las plantas.

Palabras clave: lenteja, garbanzo, agente de biocontrol, medio de cultivo

Agradecimientos: Becas concedidas a Laura Zanfaño González (FPU 20/03040) por el Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades; Rocío Montes Ruiz (645695) por la Consejería de Educación de la Junta de Castilla y León en la convocatoria PR-2022 publicada en la Orden de 26 de agosto de 2022; Natalia Martínez Reyes con una ayuda a la contratación de personal investigador de reciente titulación universitaria concedida al amparo de la Orden EDU/875/2021, de 13 de julio; Daniela Ramírez Lozano por la Universidad de León y Fundación Carolina Rodríguez 2022. Esta investigación ha sido financiada por el proyecto nacional (PID2021-123874OB-I00) (Ministerio de Ciencia e Innovación).

Referencias:

Mayo S, Gutiérrez S, Malmierca MG, Lorenzana A, Campelo M.P., Hermosa R. and Casquero P.A. (2015) Influence of *Rhizoctonia solani* and *Trichoderma* spp. in growth of bean (*Phaseolus vulgaris* L.) and in the induction of plant defense-related genes. *Front. Plant Sci.* 6:685. doi: 10.3389/fpls.2015.00685

Cardoza RE, Mayo-Prieto S, Martínez-Reyes N, McCormick SP, Carro-Huerta G, Campelo MP, Rodríguez-González A, Lorenzana A, Proctor RH, Casquero PA and Gutiérrez S (2022) Effects of trichothecene production by *Trichoderma arundinaceum* isolates from bean-field soils on the defense response, growth and development of bean plants (*Phaseolus vulgaris*). *Front. Plant Sci.* 13:1005906. doi: 10.3389/fpls.2022.1005906



SESIÓN DE COLABORACIÓN PÚBLICO-PRIVADA

ALLIANCE Project: against food fraud in the PGI Asturias Faba bean

P. Álvarez¹, A. González¹, N. Quintanal², P. González², A. Menéndez^{2*}

¹Consejo Regulador de la IGP Faba Asturiana, Centro de Iniciativa Empresarial La Cardosa, 33820 Grado (Asturias, Spain)

²Asociación de Investigación de Industrias Cárnicas del Principado de Asturias (ASINCAR), Polígono La Barreda, c/ Solelleros 5, 33180, Noreña (Asturias, Spain).

*Autor para correspondencia: armandome@asincar.com

Abstract

ALLIANCE project represents a paradigm shift in the Food Supply Chain Systems' (FSC) management for the combat against Food Fraud, distinguishing from the traditionally approaches that leverage monolithic digitalized logistic solutions and standalone FSC interoperability protocols. ALLIANCE aims to provide a holistic framework that safeguards data integrity and veracity, enhances traceability and transparency and reinforces interoperability in quality labelled supply chain of organic, PDO, PGI, and GI food, through innovative technology solutions and validated approaches (such as distributed ledger technologies supported by IoT sensing devices, providing extensible anchors to interoperability protocols and use of in-situ portable rapid testing devices to detect adulteration and verify food origin and authenticity) and fosters evidence-based decision making through AI and ML for preventative interventions and actionable planning.

ALLIANCE project covers seven use cases which are focused on innovation implementation and co-design, pilot, validation and assessment of the adopted approaches against their economic, environmental and social performance for fighting food-fraud along the agri-food sector. This abstract shows the ongoing work developed under ALLIANCE framework and focused on prevention of food fraud in the PGI Asturias Faba bean use case through authentication using Near InfraRed (NIR) and Hyperspectral Imaging (HSI) technologies.

One historical problem for the PGI Asturian Faba beans is the fraudulent practice of mixing PGI certified beans with imported ones from Argentina, Bolivia or Mexico, much cheaper, and selling them as certified by the PGI. The most current common practice to characterize the PGI faba is the development of routine physio-chemical, microbiology and sensory analysis using common lab protocols. However, with the results of these analyses it is not possible to ensure the origin of the faba bean and, therefore, it is needed to develop much more sophisticated analytical protocols. For the case of PGI Faba, a recent scientific article used isotopic dilution of Sr to distinguish between Asturian and South American beans. Results are promising (even experimental design could be highly improved). However, it requires sophisticated and expensive equipment (advanced ICP-MS instruments), technical experts and results come out several days after the acquisition. Also sample pre-treatments are needed. In conclusion this type of analytical methodology is not suitable for routine fraud analysis. Therefore, there is an increasing demand for analytical tools that are low-cost, simple to be used by non-experienced operators, and able to produce the outputs in real-time, or quasi, with minimal sample pre-treatments.

In recent years, vibrational molecular spectroscopy techniques such NIR and HSI have emerged for the identification and quantification of the chemical composition of various food products with flexibility, efficiency, and low cost, so meeting the features requested for the detection of frauds in PGI faba. In this context, a good number of scientific articles have been recently published about the application of NIR for classification based on Geographical Origin for coffee, wheat, Fuji apples, persimmon, olive oil, rice, corn, lentils, millet or cocoa. Many of them obtained relevant results in terms of origin discrimination efficacy, but they still rely on spectrometers that are mainly conceived for laboratories and bench use, still very expensive, normally managed by expert technicians as well as heavy and large. So, there is still much room for improvement and reaching the sought methods' target characteristics. Moreover, in all these methods the main technology (NIR or HSI) is integrated with chemometrics for the modelling of acquired data and the extraction of the chemical fingerprint of the analysed compound. Most of chemometrics used until now employ traditional linear modelling techniques, that are not able to model the performance of non-linear variables commonly involved in the determination of food quality.

Considering previous identified gap between ideal analytical tool for the identification of fraud in the PGI faba and that available/used at the moment (mainly advanced analytical techniques and subjective expert-based assessments), this work presents preliminary results related to the potential of using low cost, portable/miniaturized NIR and HSI technologies for the this application, trying to fulfil the requirements any end-user of these tools will expect (fast, non-destructive, easy to use, real-time results and low-cost analytical methods). For this purpose, advanced intelligent data analysis tools based on Artificial Intelligence techniques are being used during this study.

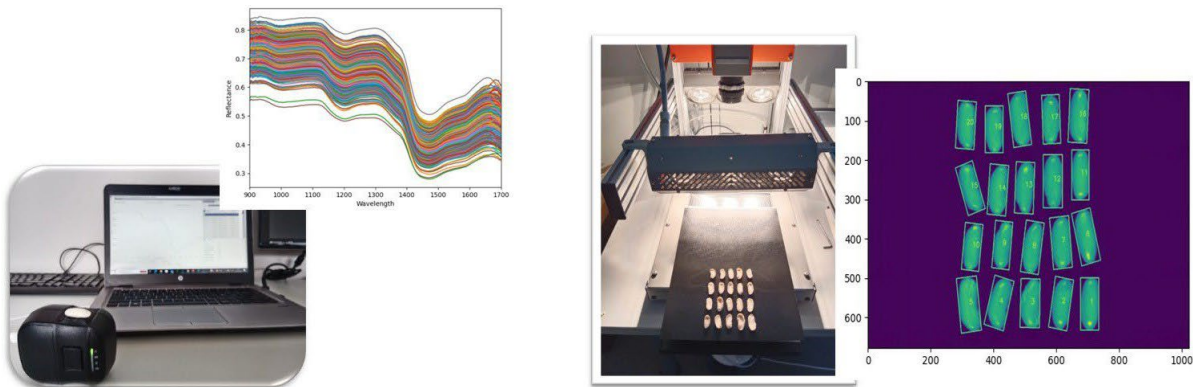


Image of the NIR and HSI measurement set-up for PGI Asturias Faba Beans.

Keywords: Near-InfraRed, Hyperspectral, Food fraud, fraud detection

