

Análisis bioinformático y funcional del sistema de secreción tipo III en cepas de *Pseudomonas savastanoi* aisladas de diversos huéspedes

Moreno-Pérez, A.¹, Pérez-Baena, A.¹, Murillo, J.², Bardaji, L.², Ramos, C.¹.

¹Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea «La Mayora», Universidad de Málaga-CSIC, Área de Genética, Universidad de Málaga, Campus de Teatinos s/n, 29010; ²Laboratorio de Patología Vegetal, ETS Ingenieros Agrónomos, Universidad Pública de Navarra, 31006 Pamplona.

E-mail: albamp@uma.es

La especie *Pseudomonas savastanoi* se engloba dentro del complejo *Pseudomonas syringae*, constituido por un conjunto de bacterias fitopatógenas Gram (-) de gran interés agrícola y económico. Dentro de esta especie, hay descritos actualmente 4 patovares capaces de infectar plantas leñosas: pv. *savastanoi* (aislados de olivo), pv. *nerii* (aislados de adelfa), pv. *fraxini* (aislados de fresno) y pv. *retacarpa* (aislados de retama). Además, se han aislado cepas de *P. savastanoi* de otros huéspedes, entre los que se encuentra la dipladenia (*Mandevilla spp.*), aunque los aislados de esta planta no se han asignado aún a un patovar concreto. Dentro del complejo *P. syringae*, uno de los factores más importantes para el establecimiento de la enfermedad es el sistema de secreción tipo III (T3SS), así como su repertorio de efectores (T3E), los cuales han sido identificados como uno de los factores más relevantes en la determinación del rango de huésped. Actualmente, los genomas de varios aislados de los patovares *savastanoi*, *nerii*, *fraxini* y *retacarpa* están disponibles en NCBI. Además, hemos obtenido el borrador de la secuencia de aislados adicionales de *P. savastanoi*, incluyendo el de una cepa patógena en dipladenia. En la actualidad, estamos llevando a cabo ensayos de patogenicidad cruzada de todas estas cepas en diferentes huéspedes de *P. savastanoi*, con el objetivo de poder relacionar su especificidad de huésped con sus diferencias genómicas. Análisis bioinformáticos comparativos del T3SS de todas estas cepas y de su repertorio de T3E, nos ha permitido identificar el conjunto de T3E compartido entre todas las cepas, así como los específicos de cada una de ellas. Además, hemos construido mutantes en cepas modelo de cada patovar, así como en el aislado de la dipladenia, del gen *hrpA*, que codifica la principal proteína estructural del pilus del T3SS, y del gen *hrpL*, que codifica un activador transcripcional de los genes del T3SS y de la mayoría de sus T3E. En la actualidad, estamos analizando el papel de ambos genes en la patogenicidad de las cepas de *P. savastanoi* seleccionadas y la expresión de varios T3E que podrían estar implicados en el rango de huésped.

Agradecimientos.

Este trabajo ha sido financiado por los proyectos AGL2014-53242-C2-1-R y AGL2014-53242-C2-2-R del MINECO (cofinanciados por FEDER).