

Análisis genómico y transcriptómico de los efectores del sistema de secreción tipo III en *Pseudomonas savastanoi* pv. *savastanoi* NCPPB 3335.

Moreno-Pérez, Alba¹, Rodríguez-Palenzuela, Pablo², Ramos, Cayo^{1*}.

¹ Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea «La Mayora», Universidad de Málaga-CSIC, Área de Genética, Universidad de Málaga, Campus de Teatinos s/n, 29010. ² Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas, Universidad Politécnica de Madrid – Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria, Parque Científico y Tecnológico de la UPM, Madrid, Spain. *crr@uma.es

La especie *Pseudomonas savastanoi* pertenece al complejo *Pseudomonas syringae*, el cual está constituido por un conjunto de bacterias fitopatógenas Gram (-) de alto interés agrícola y económico. Dentro de esta especie se han descrito hasta la fecha cuatro patovares capaces de infectar huéspedes leñosos: pv. *savastanoi* (aislados de olivo), pv. *nerii* (aislados de adelfa), pv. *fraxini* (aislados de fresno) y pv. *retacarpa* (aislados de retama). La cepa NCPPB 3335 del patovar *savastanoi* (Psv), establecida como modelo para el estudio de la interacción de *Pseudomonas* patógenas con plantas leñosas, es el agente causal de la tuberculosis del olivo, enfermedad caracterizada por la aparición de tumores en las partes aéreas de la planta. Uno de los factores de patogenicidad de Psv más relevante es el sistema de secreción tipo III (T3SS) y su repertorio de efectores (T3E). La disponibilidad de la secuencia de Psv NCPPB 3335 nos ha permitido la predicción bioinformática de los genes que codifican su T3SS y su repertorio de T3E en base a la homología con otros efectores previamente descritos. Esta cepa presenta un repertorio de efectores constituido por 28 T3E. Con el objetivo de analizar la expresión del repertorio de T3E en Psv, se ha llevado a cabo un análisis RNaseq comparativo entre la cepa silvestre Psv NCPPB 3335 y un mutante de la misma del gen *hrpL*, el cual codifica un activador transcripcional de los genes del T3SS y de la mayoría de sus T3E. Las secuencias procedentes de este RNaseq se están analizando actualmente y los resultados que se obtengan del mismo nos permitirá no sólo analizar la expresión de los T3E que hemos identificado en esta cepa, sino también caracterizar el regulón HrpL completo en la misma y quizás identificar nuevos posibles T3E. Los resultados obtenidos, se compararán con una predicción de promotores regulados por HrpL (*hrp-box*), que se llevará a cabo utilizando una herramienta bioinformática generada por nuestro equipo.

Este trabajo ha sido financiado por el proyecto AGL2017-82492-C2-1-R (MINECO-FEDER).