

Caracterización genómica y filogenética de bacteriófagos líticos de *Ralstonia solanacearum* con capacidad de biocontrol en agua medioambiental y en planta

Elena G. Biosca¹, José Francisco Català-Senent^{1,2}, Àngela Figàs-Segura¹, Edson Bertolini^{1,3}, Marta Orero¹, María Milagros López⁴, Belén Álvarez^{1,5}

¹ Departamento de Microbiología y Ecología. Facultad de Ciencias Biológicas. Universitat de València (UV). Valencia, España.

² Centro de Investigación Príncipe Felipe. Unidad de Bioinformática y Bioestadística. Valencia, España.

³ Faculdade de Agronomia. Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS). Porto Alegre, Brasil.

⁴ Centro de Protección Vegetal y Biotecnología. Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias (IVIA). Valencia, España.

⁵ Departamento de Investigación Aplicada y Extensión Agraria. Instituto Madrileño de Investigación y Desarrollo Rural, Agrario y Alimentario (IMIDRA). Madrid, España.

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN

Ralstonia solanacearum, agente etiológico de la marchitez bacteriana, es una de las bacterias fitopatógenas más devastadoras. Los virus bacteriófagos (fagos) que la infectan pueden ser agentes prometedores de control biológico que permitan agrosistemas sostenibles. Tres fagos líticos de *R. solanacearum*, vRsoP-WF2, vRsoP-WM2 y vRsoP-WR2, aislados de agua de distintos ríos españoles han demostrado su capacidad de biocontrol del patógeno tanto en agua medioambiental como en planta, siendo necesaria su caracterización genómica para profundizar en el conocimiento de su biología. En este trabajo, se secuenciaron y realizaron análisis bioinformáticos de los genomas completos de los tres fagos, así como análisis filogenéticos con una selección de fagos activos frente a *R. solanacearum* y a la especie fitopatógena estrechamente relacionada *R. pseudosolanacearum*. Los resultados revelaron que los genomas de estos fagos oscilan entre 40.688 y 41.158 pb con casi un 59% de contenido de GC, 52 ORFs en vRsoP-WF2 y vRsoP-WM2, y 53 en vRsoP-WR2, pero con sólo 22 o 23 proteínas predichas con homólogos funcionales. Entre ellas, dos lisinas y una despolimerasa de exopolisacáridos, siendo este tipo de despolimerasa identificado por primera vez en los fagos de *R. solanacearum*. Estos tres fagos pertenecen a la misma nueva especie dentro del género *Gyeongsanvirus*, familia *Autographiviridae*. Estos nuevos datos genómicos contribuirán a una mejor comprensión de las capacidades de estos fagos para dañar las células de *R. solanacearum* y, en consecuencia, a una mejora del control biológico de la marchitez bacteriana.

Proyecto RTA2015-00087-C02 financiado por MCIN/AEI/10.13039/501100011033, INIA y FEDER "Una manera de hacer Europa"