

Resumen comunicación oral en el XVII Congreso Nacional de la Sociedad Española de Fitopatología (7-10 de Octubre de 2014)

Dos herramientas bioinformáticas para el análisis de genomas de bacterias fitopatógenas

Martínez, P. M.^{1,2}, Ramos, C.¹ y Rodríguez-Palenzuela, P.²

¹Área de Genética, Facultad de Ciencias, Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea 'La Mayora', Universidad de Málaga, Consejo Superior de Investigaciones Científicas (IHSM-UMA-CSIC), 29071, Málaga. Email: pm.martinez@uma.es

²Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas (CBGP), Universidad Politécnica de Madrid-Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria, Parque Científico y Tecnológico de la UPM. Campus de Montegancedo, Pozuelo de Alarcón, 28223, Madrid. Email: pablo.rpalenzuela@upm.es

Los avances en tecnología de secuenciación han supuesto una considerable reducción en costo y tiempo a la hora de obtener genomas bacterianos completos. Es cada vez más frecuente, pues, secuenciar los genomas de las cepas bacterianas que son de particular interés, creciendo a su vez la necesidad de desarrollar herramientas computacionales para el análisis de las secuencias obtenidas. En lo que a bacterias patógenas se refiere, son de especial relevancia herramientas de detección de genes implicados en virulencia. En este contexto presentamos TTFShunter y ViRfAt, dos aplicaciones bioinformáticas que tienen como objeto facilitar la identificación genómica del arsenal de virulencia de bacterias secuenciadas.

TTFShunter (<http://bacterial-virulence-factors.cbgp.upm.es/T346Hunter>) es una herramienta online de predicción de sistemas de secreción de tipo III, IV y VI (T3SS, T4SS y T6SS, respectivamente). Mediante exhaustivas búsquedas en la bibliografía científica, se construyó una base de datos de las secuencias genómicas correspondientes a los distintos componentes de los T3SS, T4SS y T6SS. Dada la secuencia de ADN de un genoma bacteriano, TTFShunter hace uso de la base de datos anterior para localizar regiones enriquecidas en dichos componentes.

ViRfAt es también una aplicación web, en este caso de anotación de factores genómicos asociados a virulencia en planta. ViRfAt busca en genomas bacterianos una batería de factores de virulencia que incluye efectores, fitotoxinas, antibióticos, enzimas extracelulares, hormonas vegetales, adhesinas o sideróforos. Estos factores están incluidos en una base de datos manualmente curada, en cuya elaboración han participado diversos grupos de investigación nacionales expertos en bacterias fitopatógenas.

Ambas herramientas presentan una sencilla interfaz web fácil de utilizar, donde una vez analizado el genoma de entrada los resultados se presentan gráficamente a través de un documento HTML intuitivo y fácilmente interpretable. TTFShunter y ViRfAt representan dos herramientas de gran ayuda a microbiólogos para la identificación de factores bacterianos de virulencia en planta.

*Este trabajo ha sido financiado por el proyecto AGL2011-30343-C02-01 del Ministerio de Economía y Competitividad y el Campus de Excelencia Internacional Andalucía Tech.