

## **Identificación bioinformática y análisis funcional de factores de transcripción de *Pseudomonas savastanoi* potencialmente implicados en la infección de *Mandevilla* spp.**

Lavado-Benito, C.<sup>1</sup>, Martínez-Gil, M.<sup>1</sup>, Rodríguez-Palenzuela, P.<sup>2,3</sup>, Ramos, C.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea “La Mayora”, Universidad de Málaga-CSIC, Área de Genética, Universidad de Málaga, Campus de Teatinos s/n, 29010 (Málaga); email: [crr@uma.es](mailto:crr@uma.es)

<sup>2</sup> Centro de Biotecnología y Genómica de plantas. Universidad Politécnica de Madrid (UPM)-Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria (INIA). Campus Montegancedo UPM, 28223-Pozuelo de Alarcón (Madrid); email: [pablo.rpalenzuela@upm.es](mailto:pablo.rpalenzuela@upm.es)

<sup>3</sup> Departamento de Biotecnología-Biología Vegetal, Escuela Técnica Superior de Ingeniería Agronómica, Alimentaria y de Biosistemas, UPM, 28040 (Madrid).

La bacteria fitopatógena *Pseudomonas savastanoi*, perteneciente al complejo *Pseudomonas syringae*, incluye 4 patovares aislados de diferentes plantas leñosas: pv. *savastanoi* (olivo), pv. *nerii* (adelfa), pv. *fraxini* (fresno) y pv. *retacarpa* (retama). Recientemente, se ha caracterizado en nuestro grupo un nuevo patovar causante de necrosis bacteriana en la planta ornamental dipladenia (*Mandevilla* spp.) (Caballo-Ponce, E, 2017, Tesis Doctoral). Estudios filogenéticos han demostrado la estrecha relación entre cepas del patovar *nerii* (Psn) y las aisladas de *Mandevilla* spp. (Psm), sin embargo, éstas difieren en el rango de huésped. En este trabajo hemos llevado a cabo un análisis bioinformático comparativo del repertorio de posibles factores de transcripción codificados en los genomas de la cepa Ph3 de Psm y de las cepas de Psn ICMP16943 (capaz de infectar dipladenia y adelfa) y ESC23 (infecta solamente adelfa). De la comparativa bioinformática de un total de 500 posibles factores de transcripción, se han seleccionado 9 de ellos: 3 factores exclusivos de Psm Ph3, 2 factores truncados en Psm Ph3 y 4 factores ausentes en las cepas capaces de infectar dipladenia (Psn ICMP16943 y Psm Ph3). La ausencia/presencia o el truncamiento de los genes codificadores de estos factores se ha comprobado en estas y otras cepas de *P. savastanoi* mediante técnicas de PCR y secuenciación. Actualmente estamos llevando a cabo la construcción de mutantes en los factores seleccionados para determinar su papel en la infección de dipladenia. Este trabajo pretende contribuir en el conocimiento de los determinantes genéticos implicados en la especificidad de huésped de los diversos patovares de la especie *P. savastanoi*.

Financiado AGL2014-53242-C2-1-R (MINECO, FEDER).