

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

Lavado-Benito, C.¹, Martínez-Gil, M.¹, Rodríguez-Palenzuela, P.^{2,3}, Ramos, C.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 (Málaga); email: crr@uma.es

² 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

³ 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 cuatro 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 (Psm) causante de necrosis bacteriana en la planta ornamental dipladenia (*Mandevilla* spp.) (Caballo-Ponce, E, 2017, Tesis Doctoral). Estudios filogenéticos han demostrado la estrecha relación existente entre cepas del patovar *nerii* (Psn) y las aisladas de *Mandevilla* spp., aun cuando 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 (Fts) codificados en los genomas de la cepa Ph3 de Psm y de las cepas de Psn ICMP16943 y ESC23. La búsqueda se centró en aquellos Fts posiblemente implicados en la infección de dipladenia, seleccionando un total de nueve posibles Fts: tres factores exclusivos de Psm Ph3, dos factores truncados exclusivamente en Psm Ph3 y cuatro factores ausentes tanto en Psn ICMP16943 como Psm Ph3 (las dos cepas que infectan dipladenia). De entre los TFs identificados, hemos seleccionado tres que forman parte de un posible operón junto a otros genes implicados en quimiotaxis. Se han construido mutantes de este operón en cada uno de los tres genes codificadores de los Fts seleccionados y en dos genes codificadores de *Methyl Chemotaxis proteins* (MCP). Actualmente estamos analizando el papel de estos genes en la patogenicidad en plantas de dipladenia y su implicación en quimiotaxis. 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 por el proyecto AGL2017-82492-C2-1-R (MINECO, FEDER).