

Papel de una región cromosómica de *Pseudomonas savastanoi* pv. *savastanoi* NCPPB 3335 en la virulencia en plantas de olivo lignificadas

Caballo-Ponce¹, E; van Dillewijn, P²; Wittich RM²; Ramos, C¹

¹ Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea 'La Mayora', Universidad de Málaga-CSIC (IHSM-UMA-CSIC). Área de Genética, Universidad de Málaga

² Departamento de Protección Ambiental. Estación Experimental del Zaidín (CSIC). Granada
E-mail: crr@uma.es

El genoma del patógeno de olivo *Pseudomonas savastanoi* pv. *savastanoi* (Psv) NCPPB 3335 (58.1% G+C) presenta una región cromosómica de aproximadamente 15 kb, denominada VR8 (60.4% G+C), ausente en los genomas de todos los patovares secuenciados del complejo *Pseudomonas syringae* que infectan plantas herbáceas, pero presente en los patovares patógenos de plantas leñosas. El análisis de esta región mediante retrotranscripción (RT)-PCR reveló la existencia de 4 posibles operones y el gen AER-1900 (posible receptor de aerotaxis). Con el objetivo de analizar la función y el papel en virulencia de estos genes se construyeron mutantes en los 4 operones y el gen AER-1900 mediante intercambio alélico. El consumo/acumulación de antranilato y catecol se cuantificó mediante HPLC en los mutantes de los operones *antABC* y *catBCA*, confirmando la participación de los mismos en el catabolismo de antranilato y catecol, respectivamente. Los otros dos operones, denominados AER-1901/2/3 y AER-1904/5, presentan homología con genes relacionados con la degradación de otros compuestos aromáticos. Hemos determinado que el operón AER-1901/2/3 está implicado en la modificación de indol hasta un compuesto azulado que podría ser índigo, mientras que el operón AER-1904/5 podría intervenir en el catabolismo de derivados clorados del catecol. Los síntomas generados por las cepas mutantes de los operones *antABC* y *catBCA* en plantas de olivo no lignificadas son similares a los generados por la cepa silvestre. Sin embargo, los síntomas producidos en plantas lignificadas por los mutantes en ambos operones y el operón AER-1901/2/3 son significativamente menores que los inducidos por la cepa silvestre, sugiriendo un posible papel de estos operones en la degradación de compuestos derivados de la lignina. En la actualidad, estamos analizando el papel en virulencia en plantas no lignificadas del gen AER-1900 y los operones AER-1901/2/3 y AER-1904/5 y en plantas lignificadas del gen AER-1900 y el operón AER-1904/5.