



Análisis genómico y papel en virulencia de plásmidos de *Pseudomonas savastanoi* pv. *savastanoi*

Isabel Pérez-Martínez¹, Jesús Murillo², George W. Sundin³ y Cayo Ramos¹.

¹Área de Genética, Facultad de Ciencias, Universidad de Málaga, E-29071 Málaga;

²Departamento de Producción Agraria, Universidad Pública de Navarra, E-31006 Pamplona;

³Department of Plant Pathology, Michigan State University, East Lansing, Michigan, MI-48824 USA.

Nuestro grupo de investigación está llevando a cabo un análisis genómico funcional de la interacción establecida entre el agente causante de la tuberculosis del olivo, *Pseudomonas savastanoi* pv. *savastanoi* (Psv), y su planta huésped: *Olea europaea* L. (ver también comunicación presentada por I.M. Matas). El objetivo de este trabajo ha sido llevar a cabo un análisis genómico global de los plásmidos nativos presentes en cepas de Psv. La mayoría de las *Pseudomonas* fitopatógenas contienen plásmidos nativos que codifican, entre otros factores, determinantes relacionados con la virulencia y supervivencia epifítica de estas cepas. Estos plásmidos, incluyendo los presentes en cepas de Psv, codifican en su mayoría una proteína de replicación muy conservada (RepA) dentro de la familia del plásmido pPT23A (PFP). El análisis del contenido génico de los plásmidos de Psv se ha realizado siguiendo dos aproximaciones: i) hibridaciones con un *macroarray* de ADN compuesto por fragmentos de 135 genes presentes en otros plásmidos de *P. syringae* y, ii) la secuenciación parcial de uno de los plásmidos presentes en la cepa de referencia Psv48 (NCPBP 3335), denominado pPsv48A (aproximadamente 73kb). Se han analizado en total 32 plásmidos pertenecientes a diez cepas de Psv utilizando el *macroarray* de ADN. Los resultados obtenidos revelaron que todas las cepas de Psv contienen 1-4 plásmidos PFP y, además, la mayoría de ellas contienen también al menos un plásmido que no hibrida con la sonda *repA*, denominados en este trabajo n-PFP. Tanto los plásmidos PFP como los n-PFP contienen genes relacionados con la virulencia y adaptación ecológica de bacterias fitopatógenas. En ambos tipos de plásmidos se encontraron genes relacionados con la biosíntesis de fitohormonas, genes codificadores de efectores putativos del sistema de secreción tipo III (TTSS), tales como *hopAB1*, *hopQ1* y *hopAW1*, genes relacionados con la biosíntesis del sistema de secreción tipo IV (T4SS), genes codificadores de transposasas pertenecientes a secuencias de inserción (ISs), factores de transcripción y genes relacionados con la estabilidad y replicación de los plásmidos. Hasta la fecha, hemos obtenido y analizado la secuencia de nucleótidos de aproximadamente el 69% del plásmido pPsv48A. La secuencia analizada, cuyo contenido en GC es de 57.7%, contiene al menos 41 ORFs putativos, entre los que se encuentra el gen *ptz*, implicado en la biosíntesis de citoquininas, el efector TTSS *hopAF1* y un gen muy conservado en proteobacterias asociadas a plantas (*orf14*), este último, presente en al menos tres copias. Por otro lado, se han identificado genes relacionados con su estabilidad (*stbA*, *stbB*, *stbC* y *parB*), replicación (*repA*) e ISs (IS801, IS51=ISPsy21 e ISPsy16). La curación en Psv48 del plásmido pPsv48A tiene como consecuencia una reducción de la virulencia de esta cepa en olivo.