



SIM2-1-01219

### SECUENCIA DEL GENOMA DE UNA CEPA ESPAÑOLA DE *Xanthomonas arboricola* pv. *pruni* AISLADA DE ALMENDRO

Garita-Cambroneró J.<sup>1</sup>, Sena M.<sup>1</sup>, Palacio-Bielsa A.<sup>2</sup>, Cubero J.<sup>1</sup>

1) Laboratorio de Bacteriología. Departamento de Protección Vegetal, Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria (INIA)

2) Centro de Investigación y Tecnología Agroalimentaria de Aragón (CITA)

*Xanthomonas arboricola* pv. *pruni* (*Xap*), organismo de cuarentena en la UE, es el agente causal de la mancha bacteriana de frutales de hueso, almendro y ornamentales del género *Prunus*. En España se identificó por primera vez en 2002. Actualmente, la mancha bacteriana de los *Prunus* se considera una enfermedad emergente a nivel español y europeo.

En trabajos anteriores se caracterizó molecular y fenotípicamente una colección de cepas españolas de *Xap*. Una de ellas, CITA33 (aislada de almendro), se seleccionó como representativa de las cepas españolas, con el objetivo de realizar estudios comparativos con otras cepas de *Xap* así como con cepas de otros patovares de *X. arboricola*.

El genoma de CITA33 se obtuvo mediante la tecnología Ion Torrent. El ensamblaje *de novo* se realizó con el programa informático CLC Genomics Workbench 7.0, obteniéndose una secuencia de 5.104.864 pb (G+C, 65,43%), contenida en 501 "contigs". La anotación automática, se llevó a cabo mediante tres plataformas distintas (BASys, RAST, "Prokaryotic Genome Annotation Pipeline") y la predicción de los ARNr y ARNt mediante los programas RNAmmer 1.2 y tRNAscan-SE 1.21. De esta manera, se detectaron 4.348 secuencias codificantes, 3 ARNr y 50 ARNt, que representan 436 subsistemas. El análisis comparativo del ARNr 16S mediante BLASTn detectó 99-100% de similitud con otras especies de *Xanthomonas*. Asimismo, la comparación del genoma completo determinó que la secuencia obtenida tiene un 99% de similitud con las secuencias preliminares de tres genomas de *Xap* (MAFF301420, MAFF301427 y MAFF31562).

La información generada en este estudio contribuirá a una mejor comprensión de los mecanismos moleculares de la interacción planta-*Xap*, así como a la determinación de las relaciones existentes entre CITA33 y otras cepas españolas de *Xap* consideradas atípicas cuya secuenciación y análisis se está llevando a cabo actualmente.

Trabajo financiado por el Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria, proyecto RTA2011-00140-C03-02.