



SIM9-3-01542

DIVERSIDAD GENÉTICA DE CEPAS ESPAÑOLAS DE *Xanthomonas arboricola* pv. *pruni*, AGENTE CAUSAL DE LA MANCHA BACTERIANA DE LOS FRUTALES DE HUESO Y DEL ALMENDRO

López-Soriano P.¹, Boyer K.², Grygiel P.², Palacio-Bielsa A.³, Marco-Noales E.¹, Vernière C.², López M.M.¹, Pruvost O.²

- 1) Centro de Protección Oficial. Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias (IVIA). Carretera Moncada-Náquera km 4,5, 46113 Moncada, Valencia. E-mail: plopez@ivia.es
- 2) UMR Peuplements Végétaux et Bioagresseurs en Milieu Tropical (PVBMT), CIRAD, Pôle de Protection des plantes 7, chemin de l'Irat, 97410 Saint Pierre, La Réunion, France
- 3) Centro de Investigación y Tecnología Agroalimentaria de Aragón (CITA). Av. Montañana 930, 50059 Zaragoza.

Xanthomonas arboricola pv. *pruni* (*Xap*) es el agente causal de la mancha bacteriana de los frutales de hueso, almendro y diversas especies ornamentales del género *Prunus*. Desde que en el año 2002 se detectara *Xap* por primera vez en España, se han identificado brotes de la enfermedad en diferentes regiones productoras, afectando a varios huéspedes (melocotonero, ciruelo japonés, albaricoquero y almendro), tanto en plantaciones como en viveros.

En este trabajo se pretende evaluar la diversidad genética de una selección de 255 cepas españolas de *Xap*, procedentes de 10 provincias y aisladas de diversos huéspedes, y 12 cepas de referencia obtenidas de colecciones internacionales, para conocer la epidemiología molecular de los brotes de la enfermedad en España. Para ello, se ha seleccionado la técnica de análisis "multilocus variable-number tandem repeat analysis" (MLVA), por ser rápida, reproducible, con un elevado poder diferenciador y haberse revelado como un método adecuado para la tipificación y el estudio de relaciones epidemiológicas de cepas de *X. arboricola*. Para llevar a cabo el análisis se han utilizado 22 microsatélites previamente descritos y 5 minisatélites diseñados para este estudio.

La técnica ha permitido identificar un elevado número haplotipos entre las 267 cepas de *Xap* estudiadas, pudiendo agrupar algunas de ellas en función de su origen geográfico, lo que sugiere distintas introducciones de la bacteria. El análisis integrado de los resultados obtenidos con las distintas secuencias contribuirá a establecer hipótesis sobre la epidemiología de la mancha bacteriana en España.

Trabajo financiado por el Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria (INIA), proyecto RTA2011-00140-C03-01.