

APLICACIÓN DE LA GENÓMICA EN LA DETECCIÓN DE BACTERIAS FITOPATÓGENAS

Cubero, J.¹, Palacio-Bielsa, A.², Garita-Cambronero, J.³

¹Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria (INIA), Madrid (cubero@inia.es);

²Centro de Investigación y Tecnología Agroalimentaria de Aragón (CITA). ³Centro de Investigación de Biocombustibles y Bioproductos, Instituto Tecnológico Agrario de Castilla y León (ITACyL), Villarejo de Órbigo, León

La llegada de la era de las “ciencias ómicas” no solo ha facilitado la realización de estudios dirigidos a profundizar sobre los mecanismos de infección de los patógenos de plantas, sino que han supuesto también herramientas útiles en el diagnóstico de enfermedades. Mediante el análisis de los genomas completos de los agentes causales de enfermedad se pueden determinar qué elementos de los mismos están involucrados en los procesos de patogénesis, y a partir de ellos diseñar estrategias de detección específicas de patógenos. En esta comunicación se resumen los trabajos realizados en *Xanthomonas arboricola* pv. *pruni* (*Xap*), causante de la mancha bacteriana de los frutales de hueso y el almendro.

Como ocurre en otros modelos de xanthomonads, *Xap* puede coexistir en *Prunus* spp. con bacterias no patógenas de la misma especie. El análisis genómico comparativo entre cepas patógenas y no patógenas ha permitido determinar los genes que posiblemente, y a la espera de una confirmación funcional, participan en la virulencia de esta bacteria. Uno de estos genes, que aparece de forma específica en *Xap*, se ha seleccionado para el desarrollo de un nuevo método de PCR en tiempo real dirigido al diagnóstico de la mancha bacteriana de los frutales de hueso y el almendro. Además, el mismo tipo de análisis se ha realizado con los patovares juglandis y corylina de *X. arboricola*, considerados junto a *pruni* como los más virulentos de la especie, identificando así posibles dianas para protocolos más precisos de detección de estas bacterias en nogal y avellano.

Por último, hay que destacar que el mismo plan de trabajo puede ser aplicado a modelos como el de *Liberibacter*, donde las estrategias de diagnóstico se basan actualmente en secuencias de genes que se encuentran de forma generalizada en las bacterias y no están relacionadas con patogenicidad.

Este trabajo ha sido financiado por el Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades así como por el INIA con los proyectos RTA2014-0018, RTI2018-096018-R-C31 (cofinanciados con FEDER) y AT2016-007.