

Resumen | Presentación en Modalidad Oral
Área Producción Vegetal. *Proyecto con resultados*

Secuenciación Parcial del Genoma de *Xanthomonas translucens* pv. *undulosa* Empleando Nuevas Tecnologías

Partial Sequencing of The Xanthomonas translucens pv. undulosa Genome, Using New Technologies

Fernandez, F.D¹; Plazas, C.², Conci, L.R^{1,2}

¹Instituto de Patología Vegetal IPAVE-CIAP-INTA.

²Universidad Católica de Córdoba.

Contacto: fernandez.franco@inta.gov.ar

Palabras clave: Bacterias fitopatógenas; secuenciación genómica; Xanthomonas

Keywords: Phytopathogenic bacteria; genomic sequencing; Xanthomonas

La espiga negra o rayado bacteriano es una enfermedad causada por la bacteria *Xanthomonas translucens* pv. *undulosa*. Esta enfermedad se manifiesta sobre las hojas con manchas estriadas marrones, mientras que los granos y tallos adquieren un aspecto marrón oscuro de apariencia húmeda. Se manifiesta en cultivos de trigo (*Triticum* spp), cebada (*Hordeum vulgare*), centeno (*Secale cereale*) y avena (*Avena* sp), donde las epidemias son de carácter esporádico, dependiendo del manejo del cultivo, condiciones climáticas y genotipos utilizados. Eventualmente podrían representar una limitante para la producción en estos cultivos. Hasta el momento, no se ha secuenciado ningún aislamiento de esta bacteria en Argentina, limitando estudio y comprensión de su patogenicidad. Con el objetivo de conocer aspectos genómicos básicos de dicha bacteria, se purificó ADN a partir de colonias aisladas a partir de trigo con síntomas y se secuenció empleando la tecnología MinION (Oxford Nanopore), de pequeño tamaño y bajo costo. Como resultado se

obtuvieron 2.9×10^3 lecturas contabilizando un total de 500Mb secuenciados. En el ensamblaje final se obtuvo un solo contig de aproximadamente 4.5Mb con una cobertura promedio de 70X y con una identidad a nivel de nucleótidos cercanas al 96% respecto de la secuencia referencia de *Xanthomonas translucens* pv. *undulosa* cepa ICMP11055 (CP009750). En el proceso de anotación de genes se identificaron 6 rDNA, 57 RNAt y más de 5000 CDSs (secuencias codificantes). Se continúa trabajando en la determinación del repertorio de genes que codifican para proteínas efectoras y otras regiones genómicas asociadas a la patogenicidad. Los resultados expuestos permiten valorar el empleo de las nuevas tecnologías de secuenciación para el conocimiento de diferentes genomas. Las mismas deben ser consideradas como una herramienta económicamente accesible, versátiles ya que no requieren de equipo pesado ni condiciones exigentes para su uso y rápidas, indispensables para el estudio de diferentes agentes fitopatógenos.