

ANÁLISIS GENÓMICO COMPARATIVO DE AISLADOS DE *RALSTONIA SOLANACEARUM* PROCEDENTES DEL ESTADO DE MÉXICO Y MORELOS

Erick Garcia Serna, Jesús Hernández Romano, Joivier Vichi Lozada, Brenda Román Ponce, Andrés Andrade Domínguez, Luis G. Treviño Quintanilla. Universidad Politécnica del Estado de Morelos (Departamento de Biotecnología), Jiutepec, Morelos. C.P.:62553, 22070068@upemor.edu.mx.

Palabras clave: *R. solanacearum*, Genómica comparativa, Variación genómica

Introducción. *Ralstonia solanacearum* es una bacteria fitopatógena que causa la marchitez bacteriana en una amplia variedad de plantas, incluyendo importantes cultivos como la papa, el plátano y el tomate (1). La importancia de *R. solanacearum* radica en los graves daños que causa en la agricultura y la producción de alimentos a nivel mundial. Esta bacteria es responsable de pérdidas de hasta el 50% en la producción de cultivos en algunos países. Además, la alta variabilidad genómica de *R. solanacearum* le permite adaptarse rápidamente a diferentes condiciones ambientales y hospedantes (2). En este sentido, el estudio de la diversidad genómica de *R. solanacearum* se ha convertido en un tema fundamental de investigación para el desarrollo de estrategias efectivas de prevención y control, esto permite identificar genes asociados con la virulencia y la resistencia a los antimicrobianos (3), también permite encontrar regiones repetitivas que son importantes en los patógenos porque pueden utilizarse como marcadores moleculares para la identificación, caracterización y epidemiología molecular de diferentes cepas (4). En este estudio, analizamos las diferencias genómicas entre de *R. solanacearum* aisladas en México. El objetivo principal es determinar si existen diferencias genómicas entre los aislados mexicanos y contribuir así a la comprensión de la diversidad genética de *R. solanacearum* en México.

Metodología. Se secuenciaron 7 aislados de *R. solanacearum* utilizando el método NGS Illumina paired ends por personal de SENASICA. Se realizó un scaffolding con el software Multi-CSAR utilizando los contigs generados por SENASICA para construir scaffolds del megaplásmido y del cromosoma de cada aislado, utilizando como referencia la cepa CFBP2957. Para encontrar diferencias genómicas entre los aislados se realizó un alineamiento de cada una de las dos moléculas utilizando los programas Mauve y VISTA. El programa VISTA se utilizó para identificar los marcadores moleculares. Se confirmaron mediante un Blast las secuencias repetitivas encontradas, se anotaron las secuencias de inserción de forma manual utilizando la base de datos ISfinder como referencia.

Resultados. Se logró construir los scaffolds correspondientes al cromosoma y megaplásmido de cada una de las siete aislados. Se alinearon ambas moléculas de manera independiente y se encontró que las secuencias están altamente conservadas entre los aislados mexicanos, como se muestra en la Figura 1 en el alineamiento del cromosoma en los 7 aislados. Sin embargo, las longitudes de los aislados varían y un análisis adicional realizado con Vista reveló la presencia de regiones repetitivas compartidas solo en algunos aislados, algunas pertenecen a secuencias inserción encontradas en *R. solanacearum*.

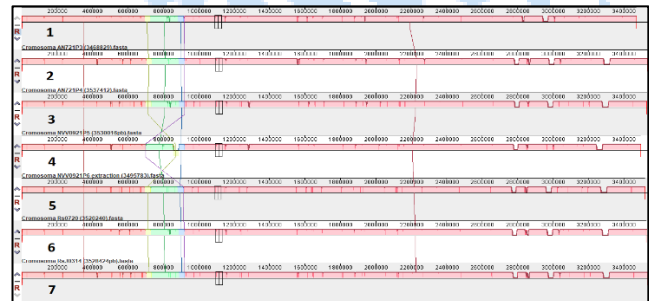


Fig. 1. Alineamiento que se realizó con Mauve de los scaffolds correspondientes al cromosoma de las siete aislados mexicanos.

Conclusiones. Se encontró que los aislados mexicanos presentan secuencias altamente conservadas. Sin embargo, los análisis revelaron la presencia de regiones repetitivas únicas en algunas aislados, las cuales podrían utilizarse como marcadores moleculares para distinguir entre aislados.

Agradecimiento. Quiero expresar mi más sincero agradecimiento al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACYT) por el apoyo brindado en el desarrollo de este proyecto.

Bibliografía.

- Hayward, A.C. (1991). Annu Rev Phytopathol. 29: 65-87.
- Macho AP, Guidot A, Barberis P, et al. (2017). Front. Microbiol. 8: 1194.
- Milling A, Meng F, Denny TP, et al. (2019). Annu. Rev. Phytopathol. 57: 311-328.
- Versalovic, J., Koeuth, T., & Lupski, J. R. (1994). Nucleic Acids Res. 22(17): 972-976.