

La era «ómica» ya es UNA realidad en la microbiología de plantas

Ramón Penyalver

Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias (IVIA)



Figura 1. Miembros de la Junta Directiva del Grupo de Microbiología de Plantas. De izquierda a derecha, Alejandro Pérez García, Pablo Rodríguez Palenzuela, Antonio de Vicente, Emilia López Solanilla, Jesús Murillo (Presidente saliente) y Ramón Penyalver.

Del 16 al 20 del pasado mes de febrero se celebró en Tánger (Marruecos) la IV reunión del grupo especializado “Microbiología de Plantas” (MiP), durante la cual se produjo un relevo parcial en la Junta Directiva, que ha quedado constituida por: **Antonio de Vicente** (IHSM-UMA-CSIC) como Presidente, **Pablo Rodríguez Palenzuela** (CBGP-UPM-INIA) como Vicepresidente, **Alejandro Pérez García** (IHSM-UMA-CSIC) como Secretario, **Emilia López Solanilla** (CBGP-UPM-INIA) como Tesorera, **Ramón Penyalver Navarro** (IVIA) y **Nuria Gaju Ricart** (UAB) como vocales (**Fig. 1**).



Figura 2. Asistentes a la IV reunión del grupo especializado “Microbiología de Plantas” (MiP), Tánger (Marruecos).

Queremos nuevamente agradecer en nombre de todos, a los miembros salientes de la Junta Directiva, **Anna Bonatterra** (UdG) y, en particular, a nuestro primer, y para siempre, Presidente, **Jesús Murillo** (UPN); por su tarea y dedicación durante los primeros años del Grupo, desde que formaban parte de la Junta Gestora, encargándose de transformar una idea que surgió hace unos años, en la magnífica realidad que es hoy, como hemos podido comprobar en esta última reunión celebrada en Tánger.

En la reunión se dieron cita algo más de 50 participantes, provenientes principalmente de universidades, INIA, CSIC y algún otro centro de investigaciones regional (Fig.2).

El formato de la misma fue, el ya clásico en esta reunión bienal, dar preferencia a la exposición oral de los trabajos por parte de los estudiantes predoctorales o postdoctorales, en las distintas áreas de la microbiología de plantas: etiología, patogénesis, ecología e interacción microbio-planta. Como novedad y muy apropiado por las fechas, se organizó un debate bajo el título “**Ya he secuenciado... ¿y ahora qué?**”, conmemorando el X aniversario de la publicación del genoma humano (2001) y de los primeros genomas completos de bacterias asociadas a plantas, como por ejemplo *Xylella fastidiosa* (2000) y *AGROBACTERIUM TUMEFACIENS* (2001), entre otras. El debate generó un gran interés y sacó a relucir aspectos cruciales a tener en cuenta en esta nueva era “ómica” de la microbiología. En cuanto a aspectos estrictamente de genómica, son varios los grupos que ya han participado en la secuenciación y/o análisis de algún genoma completo de algún microbio asociado a plantas. A este respecto en esta reunión, entre otros trabajos, se presentó la identificación a nivel genómico de genes de *PSEUDOMONAS savastanoi* necesarios para multiplicarse y mantenerse en plantas de olivo; o el estudio de las proteínas quimiorreceptoras (MCPs) de dos genomas completos, como son los de *Dickeya dadantii* y *P. syringae* pv. *tomato*. Además, también se presentó el análisis en detalle del genoma de *P. FLUORESCENS* F113, revelando inesperadas adaptaciones al ambiente rizosférico. Entre los proyectos de investigación de gran envergadura en el área de genómica,

en los que participan equipos pertenecientes a este grupo especializado, se encuentra el proyecto titulado “Estrategias genómicas dirigidas al control biológico de enfermedades fúngicas de cultivos relevantes en Andalucía”, financiado por el PAIDI de la Junta de Andalucía, donde se aborda la secuenciación del genoma, y el análisis comparativo de los mismos, de cinco cepas de *BACILLUS* sp. y *PSEUDOMONAS* sp. con actividad de biocontrol contra hongos fitopatógenos. Está liderado por el Dr. **Cayo Ramos** (IHSM-UMA-CSIC), y en el mismo participan más de 20 investigadores no sólo de la UMA y el CSIC, sino también de otros centros españoles como el CBGP o el IVIA, donde además se está realizando el análisis en profundidad del genoma completo del agente de biocontrol *AGROBACTERIUM* sp. cepa K84, y por último, también participan algunas instituciones extranjeras como la Universidades de Michigan y Harvard en USA, Reading de UK y Groningen de Holanda.

Como también se apuntó en dicho debate, entre las cosas que se pueden abordar, aparte de conocer *in silico* un genoma, sería determinar el conjunto de genes de todo el repertorio posible de un organismo, que se están expresando en un determinado nicho, como por ejemplo, durante la interacción con el huésped o la adaptación a un ambiente específico, como la superficie foliar, el apoplasto o la rizosfera, mediante aproximaciones transcriptómicas (hibridación de *microarrays* o secuenciación masiva del mRNA). A este respecto ya se han realizado trabajos con *A. TUMEFACIENS*, *P. PUTIDA*, *P. syringae* pv. *tomato* o *Rhizobium LEGUMINOSARUM*, entre otras bacterias. En esta reunión ya se presentó, no sólo un estudio transcriptómico, si no también metabólico, de la interacción de *Trichoderma* con plantas de tomate.

Como conclusión, durante esta IV reunión del grupo especializado “Microbiología de Plantas” (MiP), se ha puesto de manifiesto que la era “ómica” ya es una realidad también en la microbiología de plantas. Sin embargo, también mostró, que a día de hoy, existe una gran diferencia en cuanto al “*state of the art*” entre las bacterias de plantas y otros organismos, como por ejemplo los hongos biotrofos, donde esta “ciencia” está empezando a despegar.