

## Análisis genómico y filogenético de bacteriófagos con actividad lítica y potencial de control biológico de la bacteria fitopatógena *Ralstonia solanacearum*

**Belén Álvarez**<sup>1,2</sup>, Àngela Figàs-Segura<sup>1</sup>, José Francisco Català-Senent<sup>1</sup>, María M. López<sup>3</sup>, Elena G. Biosca<sup>1</sup>

(1) Universitat de València (UV), Departamento de Microbiología y Ecología, Valencia, España, correspondencia: Elena.Biosca@uv.es

(2) Instituto Madrileño de Investigación y Desarrollo Rural, Agrario y Alimentario (IMIDRA), Departamento de Investigación Aplicada y Extensión Agraria, Madrid, España

(3) Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias (IVIA), Centro de Protección Vegetal y Biotecnología, Valencia, España

*Ralstonia solanacearum* produce marchitez bacteriana, una de las enfermedades de plantas más destructivas. Mientras que el control químico en campo supone un impacto ambiental, las estrategias de control biológico permiten agrosistemas más sostenibles. Se aislaron tres bacteriófagos (fagos) líticos de *R. solanacearum*, vRsoP-WF2, vRsoP-WM2 y vRsoP-WR2 con capacidad de biocontrol en agua ambiental y planta, pero solo se realizó una identificación inicial, siendo su caracterización genómica fundamental para comprender mejor su biología. Por ello se secuenciaron los genomas de los tres fagos y se sometieron a un análisis bioinformático. También se observó su morfología por microscopía electrónica. La secuenciación se realizó con la tecnología Illumina SBS. Para la anotación genómica, la predicción de CDS se realizó con RASTtk, utilizando Glimmer3 y Prodigal, y se revisó utilizando BLASTp y HHpred. Adicionalmente se utilizó Virfam para la detección de las proteínas de los módulos estructurales. Los análisis filogenéticos se realizaron con VICTOR y VIRIDIC, con una selección de fagos capaces de infectar *R. solanacearum* y la especie fitopatógena estrechamente relacionada *R. pseudosolanacearum*. Se construyó un árbol proteómico con ViPTree. Los resultados indicaron que los genomas de vRsoP-WF2, vRsoP-WM2 y vRsoP-WR2 tienen un tamaño entre 40.408 y 40.887 pb con casi un 59% G+C, 52 CDS en vRsoP-WF2 y vRsoP-WM2 y 53 en vRsoP-WR2. Los tres fagos pertenecen a una misma especie dentro de los Gyeongsanvirus, familia Autographiviridae (anteriormente Podoviridae). El conjunto completo de datos aportados por estos análisis permitirá una mayor comprensión de su capacidad para el control biológico de *R. solanacearum*.

Financing: Proyecto RTA2015-00087-C02-02, cofinanciado por el INIA, el Ministerio de Economía, Industria y Competitividad y los Fondos FEDER.