

# Identificación y elucidación estructural de un nuevo compuesto responsable de la patogenicidad en cepas de *Streptomyces* causantes de la sarna común en papa en Uruguay

María Inés Lapaz<sup>1</sup>, César Iglesias<sup>1</sup>, Martín Pérez<sup>1</sup>, Andrés López<sup>2</sup>, José HuguetTapia<sup>3</sup>, Rosemary Loria<sup>3</sup>, Guillermo Moyna<sup>2</sup> y María Julia Pianzzola<sup>1</sup>

1- Laboratorio de Microbiología Molecular, Departamento de Biociencias, Facultad de Química, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay; 2- Laboratorio de Físicoquímica Orgánica, Departamentode Química del Litoral, CENUR Litoral Norte, Universidad de la República, Paysandú, Uruguay; 3- Plant Pathology Department, University of Florida, Gainesville, FL, EUA  
**ineslapaz@gmail.com**

La sarna común de la papa (SC) es una enfermedad generalizada que se traduce en pérdidas económicas significativas en todo el mundo y se caracteriza por la presencia de lesiones necróticas con una textura de corcho en la superficie del tubérculo de la papa. Los agentes causales son varios miembros de las bacterias Gram positivas que habitan en el suelo pertenecientes al género *Streptomyces*. La patogenicidad de SC está asociada con la producción del dipéptido fitotóxico taxtomina A, que induce síntomas característicos en los tubérculos. Esta enfermedad adquirió importancia mundial en los últimos años debido a la aparición de nuevas cepas patógenas, como *S. turgidiscabies* y *S. acidiscabies*. Estas se han asociado con la capacidad de este género para la transferencia horizontal de genes de patogenicidad ubicados dentro de las islas de patogenicidad, lo que sugiere la posibilidad de la aparición continua de nuevas especies patógenas. Nuestro grupo cuenta con una colección de cepas patógenas caracterizada fenotípica y genéticamente cuya patogenicidad se determinó por ensayos en papa y en rabanito. Es destacable, sin embargo, que algunas de las cepas aisladas carecen de la taxtomina A, el principal determinante de patogenicidad. La ausencia de los genes para su biosíntesis se confirmó por secuenciado genómico, lo que condujo a buscar al metabolito responsable de la patogenicidad. A partir de los sobrenadantes de cultivos se confirmó por medio de los ensayos de patogenicidad que éstos contenían el compuesto bioactivo, y se procedió a su extracción y purificación. Utilizando espectrometría de masas (LC-MS/MS) y espectroscopía de resonancia magnética nuclear (RMN) multinuclear mono y bidimensional (NOESY-1D, COSY, HSQC, HMBC), se logró caracterizar química y estructuralmente al compuesto responsable de la patogenicidad en papa como la metilcervicarcina, una policetona antibiótica y antitumoral de fórmula molecular C<sub>20</sub>H<sub>22</sub>O<sub>9</sub> aislada originalmente de *S. ogaensis*.

Los autores agradecen los siguientes financiamientos: Proyecto CSIC I+D S1504, Beca CAP Doctorado, CSIC Iniciación Modalidad 2 S014-102.