



Microbiología de Plantas

VII REUNIÓN
DEL GRUPO ESPECIALIZADO EN
MICROBIOLOGÍA DE PLANTAS
DE LA
SOCIEDAD ESPAÑOLA DE MICROBIOLOGÍA

LIBRO DE RESÚMENES

Papel del silenciamiento génico en la regulación de genes de resistencia durante la interacción con *Pseudomonas syringae*

D. López-Márquez¹, E. A. Rodríguez-Negrete¹, N. López-Pagan¹, A. Zumaquero¹, I. Rubio-Somoza², J. Ruíz-Albert¹, E. R. Bejarano¹, C. R. Beuzon¹.

¹Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea “La Mayora” (IHSM-UMA-CSIC). Departamento de Biología Celular, Genética y Fisiología. Facultad de Ciencias. Universidad de Málaga. Málaga, 29071, España; ²Centre for Research in Agricultural Genomics (CRAG), CSIC-IRTA-UAB-UB, Campus UAB, Bellaterra, Barcelona, 08193, España.

E-mail: dlm@uma.es

Las plantas cuentan con diferentes mecanismos para hacer frente a la diversidad de estreses tanto bióticos como abióticos presentes en la naturaleza. Estos organismos han desarrollado un complejo sistema inmune que les protege de una gran variedad de patógenos. Ciertas moléculas de dichos patógenos conocidas como Patrones Moleculares Asociados a Patógenos (PAMPs) son reconocidas por receptores presentes en la planta (PRRs) desencadenando una primera defensa basal conocida como PTI (Pattern triggered immunity). Por otro lado los patógenos cuentan con una batería de proteínas efectoras capaces de suprimir dicha respuesta al ser translocados al interior de la célula vegetal a través del Sistema de secreción tipo III (T3ss). Como consecuencia las plantas han evolucionado un segundo nivel de defensa, conocida como ETI (Effector triggered immunity) que depende del reconocimiento específico de estos efectores (o de sus funciones) en el interior celular por proteínas de resistencia de la planta (proteínas R). Generalmente este reconocimiento desencadena una muerte celular programada del tejido vegetal conocida como HR (Hypersensitive Response), capaz de frenar el avance del patógeno.

El silenciamiento génico es un mecanismo de regulación de la expresión génica mediado por pequeños RNAs. En plantas, estos pequeños RNAs, son producidos por la acción de RNAsas del tipo III conocidas como “Dicer-Like proteins” (DCLs). Existen básicamente dos tipos principales de pequeños RNAs involucrados en silenciamiento génico: Los pequeños RNAs interferentes (siRNAs) y los microRNAs (miRNAs), difiriendo estos en su biogénesis y modo de acción pero compartiendo tamaños similares (20-24 nt). Los microRNAs son pequeños RNAs no codificantes, de cadena sencilla capaces de regular negativamente la expresión de transcritos diana mediante la unión al complejo RISC (RNA-induced silencing complex) y por un mecanismo dependiente de secuencia. Esta regulación mediada por miRNAs es englobada dentro del silenciamiento génico post-transcripcional (PTGS).

Durante un proceso de infección, las plantas reconocen la presencia del patógeno y modulan la expresión de una variedad de genes implicados en la respuesta de defensa. Es en este proceso donde recientemente se ha demostrado que los miRNAs desempeñan un papel fundamental en la reprogramación hacia una respuesta de defensa exitosa y es por ello que ciertas proteínas efectoras presentan como diana algunos componentes de la maquinaria involucrada en la producción y el correcto funcionamiento de los miRNAs. Diferentes análisis de los perfiles de expresión de plantas mutantes afectadas en la biogénesis de pequeños RNAs (*dcl1* y *dcl234*) y plantas infectadas con *Pseudomonas*

syringae pathovar tomato DC3000, nos ha permitido identificar una serie de genes “R” no caracterizados (TIR-NBS-LRR) expresados diferencialmente en ambas condiciones. Con el uso de diferentes herramientas bioinformáticas, identificamos un miRNA* de 22 nt como potencial regulador de la expresión de dichos genes “R” a través de la generación de pequeños RNAs en fase (Phased-siRNAs) a partir de su gen diana. Hemos demostrado que la expresión del precursor de dicho miRNA* (pri-miRNA) es reprimida durante la infección tras la detección de Patrones Moleculares Asociados a Patógenos. Además hemos observado que plantas con niveles alterados de dicho miRNA* muestran fenotipos alterados de PTI, lo cual sugiere un papel del miRNA* en este mecanismo de defensa frente a la bacteria. Finalmente hemos llevado a cabo una caracterización de los patrones de expresión de ambos genes en plantas de *Arabidopsis thaliana*.

Referencias.

1. Lionel Navarro *et al.* 2008. Suppression of the MicroRNA Pathway by Bacterial Effector Proteins. *Science* **321**: 964. DOI: 10.1126/science.1159505.
2. Lionel Navarro *et al.* 2006. A Plant miRNA Contributes to Antibacterial Resistance by Repressing Auxin Signaling. *Science* **312**: 436. DOI: 10.1126/science.1126088.
3. Pablo A. Manavella *et al.* 2012. Plant secondary siRNA production determined by microRNA-duplex structure. *PNAS* **109**: 2461-2466. DOI:10.1073/pnas.1200169109
4. Ho-Ming Chen *et al.* 2010. 22-nucleotide RNAs trigger secondary siRNA biogenesis in plants. *PNAS* **107**: 15269-15274. DOI:10.1073/pnas.1001738107