

# Papel del HPR como molécula señal en las interacciones multitróficas en la bacteria de control biológico *Pseudomonas chlororaphis* PCL1606.

Tienda, S.\*, Vida, C., Arrebola, E., de Vicente, A., Cazorla, F.M.

Instituto de Horticultura Subtropical y Mediterránea "La Mayora", Consejo Superior de Investigaciones Científicas (IHSM-UMA-CSIC), Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias, Universidad de Málaga. Campus de Teatinos s/n, 29071 Málaga, España. \*[sandratienda@uma.es](mailto:sandratienda@uma.es)

## INTRODUCCIÓN

*Pseudomonas chlororaphis* PCL1606 es una rizobacteria aislada de árboles sanos de aguacate localizados en fincas afectadas por la podredumbre blanca radicular, enfermedad causada por *Rosellinia necatrix*. PCL1606 muestra capacidad antagonista y de biocontrol frente a *Rosellinia necatrix*, y también frente a otros hongos fitopatógenos de suelo (Cazarla *et al.*, 2006), debido principalmente a la producción de un compuesto antifúngico denominado 2 hexil, 5 propil resorcinol (HPR), el cual es crucial para el antagonismo y el biocontrol característico de esta cepa (Calderón *et al.*, 2013). Además, se ha comprobado que el HPR también influye en los procesos de colonización de PCL1606 en la raíz de aguacate (Calderón *et al.*, 2014).

Estudios recientes han demostrado que los resorcinoles, a los que pertenece el HPR, pueden actuar como molécula señal uniéndose a receptores LuxR y regulando distintos aspectos de la biología del microorganismo (Brameyer *et al.*, 2015).

Con estos antecedentes y teniendo en cuenta que el compuesto HPR, participa activamente en procesos claves de la biología de PCL1606, se analizará a nivel transcriptómico, la expresión/represión de los genes cuando se compara un mutante defectivo en la producción de HPR (mutante en el gen *darB*) frente a la cepa silvestre, identificando los fenotipos dependientes de la producción de HPR durante el proceso de interacción multitrófica, que se produce durante el control biológico de la podredumbre blanca radicular.

## MATERIAL Y MÉTODOS

Para la obtención de las muestras de RNA para el análisis transcriptómico, se extrajo RNA de la rizosfera de plantas de aguacate, previamente bacterizadas con las cepas bacterianas y en interacción con el hongo *Rosellinia necatrix*. La extracción de RNA total de rizosfera se realizó por triplicado usando el kit Qiagen RNeasy PowerSoil Total RNA (Qiagen, Hilden, Germany), con pequeñas modificaciones. Posteriormente, se limpió el RNA total de ribosomales con sondas Ribo-Zero Bacteria (Gram positivas y Gram negativas).

La secuenciación masiva de RNA total se realizó con el equipo NextSeq550 de Illumina y una vez secuenciado se sometieron a una rigurosa etapa de control de calidad utilizando SeqTrimNext (STN), un sistema para pre-procesar y limpiar lecturas procedentes de múltiples plataformas de ultrasecuenciación. Estas lecturas se alinearon con el genoma de PCL1606, y una vez contadas las lecturas mapeadas a cada gen y normalizados los datos, se obtuvieron los genes con expresión diferencial, que serán aquellos que muestren un p-value inferior a 0,05.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

A partir de un análisis en profundidad de los datos de expresión diferencial, detectamos algunos genes que se encuentran reprimidos en el mutante no productor de HPR (mutante *darB*), es decir, genes que estarían regulados positivamente por el compuesto HPR.

En estos momentos nos encontramos validando hipótesis sobre la implicación de estos genes en la interacción multitrófica, y como intervienen en procesos biológicos implicados en formación de biofilm, colonización, biocontrol e inducción de sistema de resistencia en plantas, procesos fundamentales de la interacción de la bacteria con la planta y el hongo.

## AGRADECIMIENTOS

Este trabajo se ha financiado gracias a el Plan Nacional de I+D+I del Ministerio de Economía (AGL2014-52518-C2-1-R y AGL2017-83368-C2-1-R; MINECO, España) y cofinanciado con fondos PEDER (EU). S. Tienda está siendo financiada con una ayuda del programa FPI del MINECO; y Universidad de Málaga. Campus de Excelencia Andalucía Tech.

## BIBLIOGRAFÍA

- Brameyer, S., *et al.* (2015) Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 112:572-577  
Calderón, C.E., *et al.* (2013) Mol. Plant-Microbe Interact. 26:554-565.  
Calderón, C.E., *et al.* (2014) FEMS Microbiol. Ecol. 86:20-31.  
Cazorla, F.M., *et al.* (2006) Mol. Plant-Microbe Interact. 19:418-428.