

TasA y CalY poseen un papel diferencial en la formación de biopelículas en *Bacillus cereus*

A. Álvarez-Mena¹, L. Díaz-Martínez¹, J. Caro-Astorga¹, O. P. Kuipers², A. de Vicente¹, D. Romero¹

¹Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea “La Mayora” –Departamento de Microbiología, Universidad de Málaga, Bulevar Louis Pasteur 31 (Campus Universitario de Teatinos), 29071, Málaga, España

²Department of Molecular Genetics, Groningen Biomolecular Sciences and Biotechnology Institute, Centre for Synthetic Biology, University of Groningen, Nijenborgh 7, 9747 AG Groningen, The Netherlands

Bacillus cereus es un patógeno humano responsable de numerosas intoxicaciones alimentarias debido al consumo de verdura y comida procesada contaminada. El desarrollo de comunidades bacterianas, también conocidas como *biofilms*, y la formación de esporas, son etapas esenciales para la supervivencia y transmisión de esta bacteria. Durante el proceso de formación de la biopelícula, una subpoblación celular se diferencia en células productoras de matriz extracelular, compuesta principalmente por exopolisacáridos, proteínas y ADN extracelular. Las proteínas amiloides forman parte de dicha matriz, se caracterizan por presentar una alta tendencia a fibrilar y participan de forma multivalente en la fisiología bacteriana.

En *B. cereus* se han identificado dos genes ortólogos al gen *tasA* de *Bacillus subtilis*, denominados *tasA* y *calY*, respectivamente, y se ha demostrado que ambos participan en la formación de fibras amiloides. La delección de cada uno de los genes da lugar a un fenotipo diferente relacionado con alteraciones en la formación de la biopelícula. En el caso del Δ *tasA*, el *biofilm* se desprende de la superficie del pocillo a las 72 horas, y en ausencia de *calY* el grosor es menor. Mediante citometría de flujo se ha determinado que los niveles de expresión de ambos genes varían en función de subpoblaciones celulares dentro del propio *biofilm*: se expresan ambos, sólo se expresa *calY*, o ninguno de ellos. Adicionalmente se ha llevado a cabo un análisis mediante RNA-Seq y se han identificado cambios diferenciales para cada uno de los mutantes con respecto a la cepa silvestre. Los resultados preliminares que se mencionan en este resumen indican que ambas proteínas podrían estar implicados diferentes funciones en la formación del *biofilm*.

Este trabajo está financiado por el proyecto AGL2016-78662-R y PID2019-107724GB-I00 del Ministerio de Ciencia e Innovación; European Research Council Starting Grant (BacBio 637971). Ana Álvarez posee un contrato predoctoral (BES-2017-081275) del programa FPI del Ministerio de Ciencia e Innovación.