

Caracterización del sistema de dos componentes GacS/GacA en *Pseudomonas savastanoi* pv. *savastanoi*.

C. Lavado-Benito^{*1}, M. Martínez-Gil¹, J. Murillo², C. Ramos¹, L. Rodríguez-Moreno¹.

¹ Área de Genética, Universidad de Málaga, Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea "La Mayora", Universidad de Málaga-CSIC, Campus de Teatinos, 29010 (Málaga)

² IMAB, Universidad Pública de Navarra, Mutilva Baja, E-31192.

Email: lgrodriguez@uma.es; crr@uma.es

El sistema de dos componentes GacS/GacA es considerado uno de los principales mecanismos de regulación global en bacterias. Mayoritariamente, los trabajos de caracterización del sistema GacS/GacA se han centrado en bacterias patógenas de plantas herbáceas, donde su papel en virulencia es variable entre distintas especies y cepas. En este trabajo, nos hemos centrado en la identificación de los factores de virulencia regulados por el sistema GacS/GacA en la bacteria modelo *Pseudomonas savastanoi* pv. *savastanoi* (Psv), agente causal de la tuberculosis del olivo. Para ello, hemos llevado a cabo un análisis de secuenciación masiva del RNA (RNA-seq) utilizando la cepa silvestre Psv NCPPB 3335 y un mutante *gacA*. El análisis bioinformático de los resultados obtenidos muestra que el sistema GacS/GacA de Psv participa en la regulación de un gran número de genes, incluyendo varios factores de virulencia previamente descritos, como el sistema de secreción tipo III, las fitohormonas o una región genómica implicada en el catabolismo de compuesto aromáticos. Además, se han identificado los pequeños RNAs tipo Rsm y las proteínas reguladoras (RsmA) que participan en la cascada de regulación del sistema GacS/GacA. Finalmente, hemos realizado ensayos fenotípicos (ensayos de virulencia en planta, inducción de respuesta hipersensible, síntesis de auxinas, adhesión a hojas y translocación de efectores) para determinar la implicación de algunos de los factores de virulencia identificados por RNAseq en la virulencia de Psv NCPP 3335.