

TÍTULO DEL ABSTRACT

El gen *iaaL* en el complejo *Pseudomonas syringae*: caracterización funcional y actividad biológica

AUTOR/ES

Hilario Domínguez-Cerván^{1,2}, Adrián Pintado^{1,2}, Soon Go Lee³, Cayo Ramos^{1,2*}.

¹Área de Genética, Facultad de Ciencias, Campus Teatinos s/n, Universidad de Málaga, E-29010 Málaga, España

²Microbiología y Protección de Cultivos, Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea "La Mayora", Extensión Campus de Teatinos, Universidad de Málaga-Consejo Superior de Investigaciones Científicas (IHSM-UMA-CSIC), 29010 Málaga, España

³Department of Chemistry and Biochemistry, University of North Carolina Wilmington, Wilmington, NC 28403, USA

*crr@uma.es

ÁREA TEMÁTICA: Interacción Planta-Patógeno

TIPO DE PRESENTACIÓN: Póster

RESUMEN (máximo 250 palabras)

Las bacterias fitopatógenas del complejo *Pseudomonas syringae* son agentes causales de enfermedades en multitud de huéspedes leñosos y herbáceos. El ácido indol-3-acético (IAA) es una fitohormona tipo auxina cuya producción es frecuente en bacterias asociadas a plantas. Algunas cepas de *P. syringae* conjugan el IAA con L-lisina (L-Lys), obteniéndose el conjugado indol-3-acetil-ε-L-lisina (IAA-Lys), mediante la enzima IAA-Lys sintasa, codificada por el gen *iaaL*. El conjugado IAA-Lys es biológicamente menos activo que el IAA, por lo que su producción podría controlar los niveles de IAA libre en el citoplasma bacteriano y/o la secreción al tejido vegetal. Se han descrito tres alelos del gen *iaaL* en el complejo *P. syringae* (*iaaLPsv*, *iaaLPsn*, *iaaLPto*). Recientemente, identificamos un cuarto alelo (*iaaLPsf*) en el genoma de cepas aisladas de fresno (*Fraxinus excelsior*). Sin embargo, no se habían realizado hasta ahora análisis comparativos de las actividades bioquímicas y biológicas de las diferentes isoenzimas *iaaL*. En este trabajo analizamos el contexto génico de los cuatro alelos del gen *iaaL* en una colección de cepas del complejo *P. syringae*. Construimos cepas que sobreexpresan cada uno de estos alelos y analizamos su actividad biológica utilizando un ensayo de elongación radicular en *Arabidopsis thaliana*. Finalmente, expresamos estos alelos en *E. coli*, lo que permitió purificar las isoenzimas *iaaL* y analizar sus actividades específicas mediante un ensayo *in vitro* de acoplamiento enzimático. Nuestros resultados sugieren que la variación alélica del gen *iaaL* podría relacionarse con la adaptación de la concentración de IAA sintetizada por el patógeno y al huésped infectado.