



XIII REUNIÓN DEL GRUPO DE MICROBIOLOGÍA MOLECULAR DE LA SEM

Granada, 7-9 de septiembre de 2022



UNIVERSIDAD DE GRANADA



Interacción planta-bacteria

P98 - Fengycin and the amyloid TasA of *Bacillus subtilis* stimulates the growth and immunization of plants by targeting the seed storages

María Victoria Berlanga Clavero, Carlos Molina Santiago, Luis Díaz Martínez, Alejandro Pérez García, Antonio de Vicente y Diego Romero.

P99 - Improvement of *Bacillus velezensis* UMAF6639 as a biocontrol agent

Montserrat Grifé-Ruiz, Jesús Hierrezuelo, David Vela-Corcía, Alejandro Pérez-García, Antonio de Vicente, Diego Romero.

P100 - Interacción positiva entre la planta del trébol y la bacteria *Novosphingobium* sp. HR1a en el contexto de la rizadorremediación.

Lázaro Molina, Ana Segura

P101 - Heterogeneidad fenotípica en el Sistema de Secreción tipo III de *Pseudomonas syringae* durante la interacción con la planta

José S. Rufián, Nieves López-Pagán, Laura Mancera-Miranda, Javier Ruiz-Albert y Carmen R. Beuzón

Patogénesis

P110 - Identificación y caracterización funcional del proteoma oculto de *Staphylococcus aureus*

Aranca Catalan-Moreno, Ane Muruzabal-Galarza, Pedro Dorado-Morales y Alejandro Toledo-Arana

P111 - Análisis de la respuesta inmunológica natural de cerdos contra antígenos subcapsulares de *Streptococcus suis*

Carla García, Cristina Uruen, Luis Saralegui, Lorenzo Fraile, Mateo del Pozo, Clara Marín, Jesús Arenas

P112 - Genome-wide analysis of *Haemophilus influenzae* genes required for bacterial fitness during respiratory infection reveals a key role for Dam methylation epigenetic regulation of the FNR regulon

Celia Gil-Campillo, Gabriel Gutiérrez, Begoña Euba, Irene Rodríguez-Arce, Joshua C. Mell, María Antonia Sánchez-Romero, Junkal Garmendia

P113 - SNRPD2 es un sustrato de la actividad ligase de ubicuitina del efector SirP de *Salmonella enterica*

Andrea Bullones Bolaños, Juan Luis Araujo Garrido, Jesús Fernández García, Joaquín Bernal Bayard, Francisco Ramos Morales

P114 - Diseño y puesta a punto de un sistema diagnóstico de tuberculosis bovina mediante amplificación isoterma LAMP- PCR

Nelson Alejandro Sierra Cortés, Danna Sofía Camelo Gómez, Nelson Enrique Arenas, Carlos Y. Soto

P115 - Characterization of invasion during infection in *Salmonella enterica*'s effectors SirP, SspH1 and SspH2

Claudia Vallejo Grijalba, Paula Martín Muñoz, Joaquín Bernal Bayard, Francisco Ramos Morales

Biotecnología

P124 - Optimization of the *in vivo* mutagenesis system T7-DIVA for directed evolution of proteins

Álvarez, B., Crespo, D., Fernández, L.A.



Heterogeneidad fenotípica en el Sistema de Secreción tipo III de *Pseudomonas syringae* durante la interacción con la planta

José S. Rufián, Nieves López-Pagán, Laura Mancera-Miranda, Javier Ruiz-Albert y Carmen R. Beuzón

Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea “La Mayora”. Universidad de Málaga.
Consejo Superior de Investigaciones Científicas. (IHSM-UMA-CSIC). Málaga.

rufian@uma.es

La heterogeneidad fenotípica es un fenómeno que se ha descrito en poblaciones bacterianas de diversas especies. Un patrón de expresión génica heterogéneo puede llegar a volverse bimodal en ambientes homogéneos, proceso conocido como bistabilidad. El desarrollo de métodos de análisis de células individuales, como la microscopía confocal, la citometría o la microfluídica, ha llevado a la identificación de nuevos ejemplos de variación fenotípica y de biestabilidad. La relevancia de estos procesos se ha demostrado en patógenos humanos y de animales. No obstante, se conoce muy poco sobre la relevancia de este tipo de procesos en el proceso de adaptación a huéspedes no animales.

P. syringae es una bacteria patógena de plantas con un amplio rango de hospedador, existiendo más de 50 patovares. La virulencia de *Pseudomonas syringae* depende del Sistema de Secreción Tipo III (T3SS) y de los efectores tipo III (T3E). Mediante fusiones transcripcionales a proteínas fluorescentes generadas en el genoma de *P. syringae* pv. phaseolicola, y el uso de microscopía de fluorescencia y citometría de flujo, nuestro laboratorio ha demostrado que la expresión del T3SS y de T3E es heterogénea en el interior de la planta y biestable en medio mínimo. En este trabajo presentamos los resultados obtenidos en nuestro análisis del impacto de la expresión heterogénea del T3SS para la adaptación a la planta, que incluyen la evaluación de la viabilidad de las variantes (T3SSON/T3SSOFF) en el apoplasto de la hoja, y de la dinámica de expresión en la población en diferentes escenarios de activación de defensa en la planta.