



XIII REUNIÓN DEL GRUPO DE MICROBIOLOGÍA MOLECULAR DE LA SEM

Granada, 7-9 de septiembre de 2022



UNIVERSIDAD
DE GRANADA



Sesión V: Interacción planta-bacteria

Moderadores: Miguel Ángel Matilla, Estación Experimental del Zaidín, CSIC
Carmen Beuzón, Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea,
Universidad de Málaga - CSIC

- 18:30 Exploring the aggregation potential of RepA-WH1 domains from *Xylella fastidiosa* plasmids.
Lucero, L., Giraldo, R – P93
- 18:45 *Pseudomonas putida* KT2440 type VI secretion systems mediate adaptation to the rhizosphere.
David Vázquez-Arias, Cristina Civantos, David Durán, Patricia Bernal, Rafael Rivilla, Marta Martín – P94
- 19:00 Funciones de la gliceraldehído-3-fosfato deshidrogenasa en bacterias que interaccionan con plantas.
A. Casas-Román, M. J. Lorite, S. Muñoz, M.T. Gallegos, J. Sanjuán – P95
- 19:15 *Pseudomonas putida* KT2400 como posible agente de control biológico frente a *Xylella fastidiosa*.
María Pilar Velasco-Amo, Cristina Civantos, Carlos Quiles-Pando, Jaime López-Alcalá, Paula Tomás-Viejo, Blanca B. Landa, Patricia Bernal – P96
- 19:30 Metilasas y metilación en la regulación génica de *Pseudomonas syringae*.
Mancera-Miranda, L., López-Pagán, N, Gutiérrez-Pozo, G, Spröer, C, Bunk, B, Sánchez-Romero, MA, Ruiz-Albert, J, Beuzón C – P97
- 20:00 Beer poster session

Viernes, 9 de septiembre de 2022

Sesión VI: Patogénesis

Moderadores: Fernando Govantes, Centro Andaluz de Biología del Desarrollo. Universidad Pablo de Olavide, Sevilla
Eduard Torrents, Institute for Bioengineering of Catalonia (IBEC), The Barcelona Institute of Science and Technology; and Faculty of Biology, University of Barcelona

- 9:00 Respuesta transcripcional bacteria-huésped durante la infección de válvula cardíaca por *Staphylococcus aureus*.
Begoña García, Carmen Gil, Nahiara Garmendia, Cristina Solano, Daniel Mouzo, Rafael Sádaba, Aritza Conte, Virginia Alvarez, Amaya Fernández, Ana Navascues, Carmen Ezpeleta, David Gomez, Natalia López, Iñigo Lasa – P102
- 9:15 *Salmonella* modifica el ubicuitinoma de las células hospedadoras.
Andrea Bullones-Bolaños, Joaquín Bernal-Bayard, Francisco Ramos-Morales – P103
- 9:30 Inhibición selectiva de la actividad lipasa por una mini-proteína altamente conservada en el género *Staphylococcus*.
Ane Muruzabal-Galarza, Arancha Catalán-Moreno, Pedro Dorado-Morales, Alejandro Toledo-Arana – P104
- 9:45 El dominio N-terminal de la gasdermina D provoca alteraciones en el ciclo celular, el tráfico endosomal y las mitocondrias en *Saccharomyces cerevisiae*.
Marta Valentí, María Molina, Víctor J. Cid – P105



Metilasas y metilación en la regulación génica de *Pseudomonas syringae*

Mancera-Miranda, L¹, López-Pagán, N¹, Gutiérrez-Pozo, G², Spröer, C^{3,4}, Bunk, B^{3,4}, Sánchez-Romero, MA², Ruiz-Albert, J¹, Beuzón C¹.

¹Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea, Universidad de Málaga-Consejo Superior de Investigaciones Científicas (IHSM-UMA-CSIC), Malaga, Spain.

²Departamento de Genética, Universidad de Sevilla, Sevilla, Spain

³Leibniz Institute DSMZ-German Collection of Microorganisms and Cell Cultures, Braunschweig, Germany

⁴German Centre of Infection Research DZIF, Braunschweig, Germany

lauramm@uma.es

La metilación del ADN llevada a cabo por metilasas no asociadas a enzimas de restricción, conocidas como metilasas huérfanas, es un mecanismo epigenético ampliamente extendido en bacterias y archeas. La especificidad de motivos y los patrones de metilación de las metilasas huérfanas sugieren su participación en la regulación génica y en la replicación del ADN [1]. En *E. coli* y en *Salmonella*, este mecanismo se ha asociado a la regulación del inicio de la replicación, la reparación de errores del ADN y la transcripción. En poblaciones clonales de dichas especies, la metilación del ADN también está implicada en la aparición de heterogeneidad fenotípica, con una fuerte implicación en virulencia [2]. Sin embargo, poco se sabe del papel de la metilación en *Pseudomonas syringae*. *P. syringae* es una importante bacteria fitopatógena, responsable de una gran variedad de enfermedades de plantas y con un alto impacto en la producción agrícola a nivel mundial. Esta bacteria también se usa frecuentemente como modelo para el estudio de las interacciones planta-patógeno [3]. Con el objetivo de descifrar la importancia de la metilación en *P. syringae*, nuestro grupo decidió abordar la caracterización de este mecanismo epigenético en dicho patógeno. Para ello, se han estudiado las metilasas identificadas en *P. syringae* y se ha establecido su metiloma. Con respecto al metiloma, hemos identificado diversos motivos de metilación.

[1] Blow M. *et al.*, 2016. PLoS Genet, 12(2), 1-28.

[2] Adhikari S. and Curtis P.D., 2016. FEMS Microbiol. Rev., 40(5), 575-591.

[3] Xin X. *et al.*, 2018. Nat. Rev. Microbiol., 16(5), 316-328.