

ANÁLISIS DEL SOLAPAMIENTO FUNCIONAL ENTRE LA RESPUESTA DE LA PLANTA FRENTE A EFECTORES SECRETADOS POR *Pseudomonas syringae* Y EL SILENCIAMIENTO GÉNICO

Zumaquero A.¹, López D.¹, Rodríguez E.¹, Beuzón C.R.¹, Bejarano E.R.¹

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

Las plantas están continuamente sometidas a infecciones por diferentes patógenos. Los patógenos bacterianos usan un complejo sistema de secreción para translocar proteínas efectoras al interior del huésped y suprimir así las respuestas de defensas.

En los últimos años, se ha demostrado la participación de ciertos microRNAs en respuestas de defensas de la planta frente a patógenos bacterianos, así como la actuación de efectores bacterianos en rutas reguladas por miRNAs.

Sin embargo poco se sabe acerca de cómo la regulación por microRNAs afecta a las respuestas de defensas de la planta frente a patógenos bacterianos, y de hecho menos es conocido sobre el impacto de la supresión de defensas mediada por efectores sobre las rutas reguladas por microRNAs. En este estudio, hemos realizado comparaciones entre análisis de microarrays, con el objetivo de identificar genes expresados diferencialmente (DEGs) en *Arabidopsis*, comunes entre la respuesta de defensa frente a efectores de *Pseudomonas syringae* y mutantes afectados en la biogénesis de miRNAs.

El análisis de la anotación funcional de los DEGs comunes identificados, seguidos de un análisis de expresión mediante RT-*q*PCR nos ha servido para identificar procesos biológicos regulados por rutas de miRNAs en la interacción planta-patógeno.