

POST - 50

EVALUACIÓN DE RUTAS ALTERNATIVAS DE SÍNTESIS DE IAA EN EL COMPLEJO *Pseudomonas syringae*

Pintado, A., Pérez-Martínez, I., Ramos, C.

Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea “La Mayora”, Universidad de Málaga-CSIC, Área de Genética, Universidad de Málaga, Campus de Teatinos, 29010.
E-mail: crr@uma.es

El ácido indol-3-acético (IAA) es una fitohormona perteneciente al grupo de las auxinas cuya producción está ampliamente distribuida entre bacterias asociadas a plantas. El IAA está implicado, entre otros procesos, en proliferación celular y maduración de las plantas. Además, se ha descrito el papel de esta hormona en la regulación de la expresión génica en bacterias. En bacterias fitopatógenas, se han descrito varias rutas de síntesis de IAA, siendo la mejor caracterizada la ruta de la indol-3-acetamida (IAM), proveniente del triptófano por la acción de una monooxigenasa (gen *iaaM*), y transformándose en IAA mediante la acción de una hidrolasa (gen *iaaH*). *Pseudomonas savastanoi* pv. *savastanoi* NCPPB 3335 (Psv) utiliza esta ruta para la síntesis de IAA, codificando dos parálogos de los genes *iaaM* e *iaaH* (operones *iaaMH-1* e *iaaMH-2*). Anteriormente, demostramos que un mutante de Psv en el operón *iaaMH-1* produce una cantidad de IAA significativamente inferior que la sintetizada por la cepa silvestre, así como induce una sintomatología reducida en olivo. Por el contrario, un mutante en el operón *iaaMH-2* (que codifica un pseudogen *iaaM-2*), produce una cantidad de IAA similar a la cepa silvestre y no induce una virulencia atenuada. Sin embargo, e inesperadamente, tanto el mutante *iaaMH-1* como en el doble mutante *iaaMH-1/iaaMH-2* sintetizan una cantidad residual de IAA, lo que sugiere la existencia de una ruta alternativa para la producción de este compuesto en Psv. Recientemente, hemos identificado otras cepas del complejo *Pseudomonas syringae* capaces de producir IAA que no codifican genes homólogos a los implicados en las rutas conocidas hasta la fecha. Tras la obtención de los borradores de los genomas de varios aislados pertenecientes a los diferentes patovares de *P. savastanoi*, y utilizando también otros genomas de cepas modelo incluidas en el complejo *P. syringae*, hemos llevado a cabo un análisis bioinformático de genes potencialmente implicados en la biosíntesis de IAA. Actualmente, estamos llevando a cabo la construcción de mutantes en algunos de estos genes, para posteriormente determinar su implicación en la biosíntesis de esta fitohormona.