

Expresión heterogénea de genes relevantes para la virulencia de *Pseudomonas syringae*

Nieves López-Pagán¹, José S. Rufián¹, Diego López-Márquez¹, Laurent Aussel² Javier Ruiz-Albert¹, y Carmen R. Beuzón¹

¹*Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea “La Mayora” (IHSM-UMA-CSIC). Departamento de Biología Celular, Genética y Fisiología. Facultad de Ciencias. Universidad de Málaga. 29071, Málaga*

²*Aix Marseille Université, CNRS, LCB UMR, 7283, IMM, Marseille, France*

E-mail: nieves.lpg@uma.es

La heterogeneidad o variación fenotípica ha sido descrita en poblaciones clonales microbianas desde hace décadas. Bajo el control de ciertos circuitos regulatorios, la heterogeneidad en la expresión génica puede dar lugar a un perfil de expresión bimodal en ambientes homogéneos, proceso conocido como biestabilidad. La relevancia de este proceso se ha demostrado en *Salmonella entérica* y en otros patógenos humanos durante el establecimiento de la resistencia a antibióticos, y se ha observado la implicación de este proceso en la expresión de genes de virulencia. *Pseudomonas syringae* es una bacteria fitopatógena de gran importancia económica que requiere del Sistema de Secreción Tipo III (T3SS) para suprimir las respuestas de defensa de la planta. Nuestro equipo ha descrito que genes de diferentes elementos del T3SS muestran biestabilidad en su expresión en condiciones de inducción en el laboratorio, asociada a diferencias fenotípicas en virulencia, y que dicha expresión es marcadamente heterogénea durante la colonización de la planta. Por otro lado, el flagelo es otro elemento importante tanto en el estilo de vida de *P. syringae* como en su interacción con el huésped, donde dispara inmunidad basal, que asimismo presenta expresión heterogénea, tanto en cultivos, como durante la proliferación en los espacios intercelulares de la hoja huésped. Dado que resultados previos de nuestro y otros laboratorios indican la existencia de un cierto grado de contra-regulación entre el flagelo y el T3SS, este trabajo pretende profundizar en la relación entre la motilidad flagelar y la regulación de la expresión génica del T3SS, así como en el impacto potencial que la expresión biestable del T3SS puede tener sobre la motilidad a nivel de una sola célula.