

Regulación de genes de resistencia de la familia TIR-NBS-LRR mediada por miRNA/phasiRNA durante la interacción con *P. syringae*

Diego López-Márquez¹, Ángel Del-Espino Pérez¹, Nieves López-Pagan¹, Edgar A. Rodríguez-Negrete¹, Adela Zumaquero¹, Javier Ruíz-Albert¹, Ignacio Rubio-Somoza², Eduardo R. Bejarano¹ and Carmen R. Beuzon¹.

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. Málaga, 29071. dlm@uma.es

² Centre for Research in Agricultural Genomics (CRAG), CSIC-IRTA-UAB-UB, Campus UAB, Bellaterra, Barcelona, 08193, España

Durante un estrés biótico, las plantas modulan la expresión de una batería de genes involucrados en la respuesta de defensa, proceso donde recientemente se ha determinado el papel esencial que desempeña el silenciamiento génico. El silenciamiento génico es un mecanismo de regulación de la expresión génica, donde destacan como principales moléculas efectoras los pequeños RNAs (sRNAs). En plantas, estos sRNAs, son clasificados en pequeños RNAs interferentes (siRNAs) o microRNAs (miRNAs), presentando tamaños similares (20-24 nt) pero difiriendo en su biogénesis y modo de acción. Los miRNAs son pequeños RNAs de cadena sencilla que actúan regulando negativamente la expresión de genes, mediante su unión al complejo RISC (Rna Induced Silencing Complex) y en una forma dependiente de secuencia. En nuestro laboratorio, mediante el análisis de datos transcriptómicos, y el uso de herramientas bioinformáticas, identificamos un miRNA* de 22 nt como potencial regulador de la expresión de genes de resistencia (“R”) del tipo TIR-NBS-LRR. Posteriormente hemos validado dicha regulación y caracterizado los patrones de expresión tanto del Pri-miRNA como de un gen “R” regulado por este, en diferentes tejidos y estadios del desarrollo, así como durante la interacción con *P. syringae*. Por otro lado, hemos generado plantas transgénicas que presentan niveles alterados del miRNA* (incremento y reducción) y hemos observado que muestran fenotipos alterados de PTI y una mayor/menor colonización de *P. syringae*. Finalmente hemos identificado la producción de sRNAs (phasiRNAs) a partir del gen de resistencia, en una forma dependiente de miRNA*-RDR6-DCL4, pudiendo estos sRNAs secundarios regular otros transcritos de la misma familia de genes de resistencia.