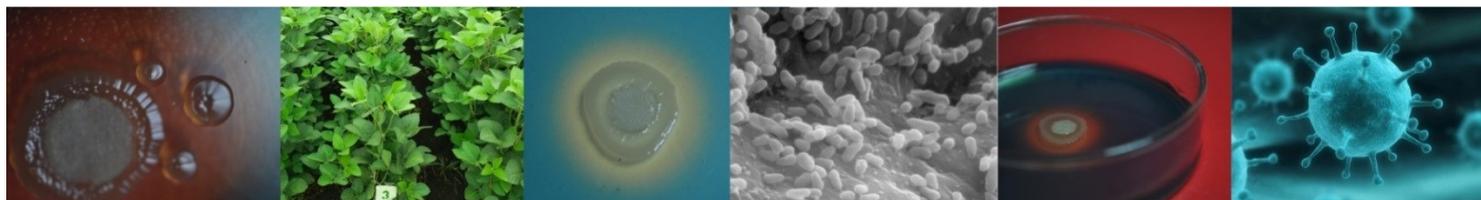


# IV CAMAyA

IV Congreso Argentino de Microbiología

# I MicroGen

I Jornada de Microbiología General



## Libro de Resúmenes

11, 12 y 13 de Abril de 2018  
Hotel 13 de Julio, Mar del Plata, Argentina



**DIVERSIDAD DE SISTEMAS DE QUORUM SENSING EN *Agrobacterium tumefaciens* 6N2**

Elisa V. Bertini (1)\*, Lucía I. Castellanos de Figueroa (1, 2), Kok Gan Chan (3), Yves Dessaux (4), Kar Wai Hong (3), Teik Min Chong (3), Carlos G. Nieto Peñalver (1,2)

(1) PROIMI-CONICET, San Miguel de Tucumán, Argentina. (2) Instituto de Microbiología, UNT, San Miguel de Tucumán, Argentina. (3) University of Malaya, Malasia. (4) Institut de Biologie Intégrative de la Cellule, Gif-sur-Yvette, Francia.

Los sistemas de *Quorum Sensing* (QS) permiten la regulación de la fisiología microbiana mediante la utilización de moléculas señal. En muchas Proteobacterias estas señales son acil-homoserina-lactonas (AHLs). Este mecanismo ha sido muy caracterizado en la bacteria fitopatógena *Agrobacterium fabrum* (*A. tumefaciens*) C58, donde interviene en la regulación de la transferencia horizontal del plásmido oncogénico Ti. Sin embargo, es poco lo que se conoce sobre estos sistemas en otros microorganismos de este género. El objetivo de este trabajo es la caracterización molecular y funcional del sistema de QS de *A. tumefaciens* 6N2, aislamiento endofítico y no patógeno de la caña de azúcar. Las AHLs se identificaron por cromatografía líquida y espectrometría de masas. La secuencia genómica se obtuvo mediante la tecnología PacBio y la anotación se hizo con las plataformas RAST y MaGe. La actividad del sistema de QS se realizó clonando los promotores de los genes intervinientes en el vector pRU1099 y midiéndose la fluorescencia por citometría de flujo. Los resultados muestran que *A. tumefaciens* 6N2 produce al menos 3 AHLs diferentes: 3OHC8-HSL, 3OHC10-HSL y 3OHC12-HSL. Su genoma está formado por un cromosoma circular y un cromosoma lineal. A diferencia de *A. fabrum* C58, en este último se encuentran codificados dos sistemas de QS con una topología similar en *A. arsenijevicii* KFB330, *A. tumefaciens* 5A, P4, S33 y S2, *Agrobacterium* genomosp. 7 NCPPB1641 y RV3, *A. radiobacter* DSM30147 y *Agrobacterium* sp. SUL3. El análisis genómico muestra un tercer sistema incompleto exclusivo de 6N2 resultante de la duplicación de uno de los otros sistemas. En el cromosoma circular se pudo identificar otro gen que codifica una proteína receptora de AHLs y que no se encuentra asociado a un gen que codifique otra AHL sintasa. La actividad del sistema de QS se modificó en función de las condiciones de cultivo. En particular, la presencia de glucosa o sacarosa disminuyeron su actividad, lo que permite concluir que las condiciones ambientales podrían regular la actividad de su sistema de QS. Considerándose que *A. tumefaciens* 6N2 se encontró en tejidos internos de la planta de caña de azúcar, es posible que el hospedero regule el mecanismo de QS de *A. tumefaciens* 6N2, similar a lo reportado por otros investigadores en *A. fabrum* C58. Los sistemas de QS del género *Agrobacterium* son más complejos que lo reportado hasta el momento, aun en microorganismos no patógenos como *A. tumefaciens* 6N2