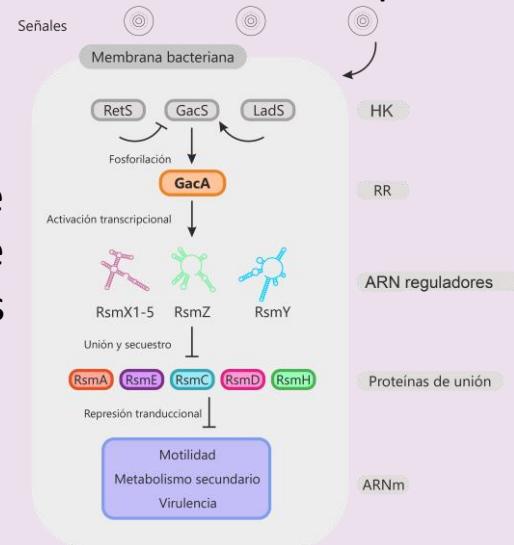


**RESUMEN**

*Pseudomonas syringae* pv. *tomato* (Pto) DC3000, que causa la mancha negra del tomate, una enfermedad ampliamente distribuida a nivel mundial y de gran relevancia económica, es un organismo modelo para estudios moleculares de interacciones planta-patógeno. La ruta Gac-Rsm conforma un sistema regulador global conservado que controla la producción de metabolitos secundarios y factores de virulencia en *Pseudomonas*. GacS es una histidina quinasa sensora que responde a señales ambientales activando al regulador de respuesta GacA por fosforilación. GacA, a su vez, activa la expresión de los ARN reguladores denominados Rsm, que secuestran a las proteínas RsmA, impidiendo la regulación postranscripcional que ejercen sobre ciertos ARNm. La ruta de Pto DC3000 es especialmente compleja ya que consta de siete ARN pequeños (RsmX1-5, RsmY y RsmZ) y cinco proteínas reguladoras Rsm: RsmA, E, C, D y H.

**MÉTODOS**

La medida de la actividad de los promotores se llevó a cabo mediante un método basado en la reacción colorimétrica producida por la hidrólisis del *o*-nitrofenil- $\beta$ -D-galactopiranosido (ONPG) por la enzima  $\beta$ -galactosidasa se puede medir a partir de la medida de su absorbancia utilizando la formula:

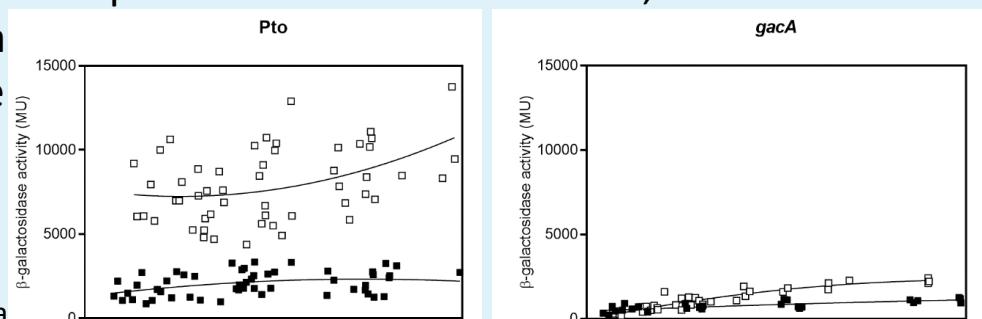
$$\text{Actividad } \beta - \text{galactosidasa} = \frac{1000 \times [DO_{420} - (1,7 \times DO_{550})]}{t \times V \times DO_{660}}$$

Donde t el tiempo en min y V el volumen en ml de la suspensión bacteriana añadido a la reacción. Se hizo ensayos para ver la producción de siringafactina en Pto y los mutantes *gacA*, *gacS* y *retS*.

**RESULTADOS**

Las actividades de los promotores de *rsmX1-5*, *rsmY* y *rsmZ* aumentaron con la densidad celular, como se había observado previamente. Curiosamente, RsmA aumenta significativamente la expresión de la mayoría de los ARN, como es el caso del promotor de *rsmX3* y este aumento de la expresión requiere la presencia de GacA.

Las gráficas representan las medias de actividad  $\beta$ -galactosidasa (en unidades Miller, UM) de Pto y los mutantes con *rsmA* (círculos blancos), Pto y los mutantes sin *rsmA* (cuadrados negros)

**DISCUSIÓN**

La existencia de múltiples Rsm ARNs permite la regulación diferencial de su síntesis y/o estabilidad en respuesta a diversos estímulos metabólicos y/o ambientales. Además, la regulación de su expresión por diferentes proteínas Rsm probablemente permita un ajuste más flexible de los niveles intracelulares de las proteínas Rsm activas.

**CONCLUSIÓN**

Se observa un bucle regulador de retroalimentación negativa en la que RsmA, de forma similar a RsmE, promueve su propia titulación al aumentar los niveles de los ARN Rsm. Además, RsmA también induce la expresión de los ARNs Rsm en un modo dependiente de GacA

**BIBLIOGRAFÍA**

Ferreiro, M.D., Behrmann, L.V., Corral, A., Nogales, J. & Gallegos, M.T. (2021) Exploring the expression and functionality of the Rsm sRNAs in *Pseudomonas syringae* pv. *tomato* DC3000. RNA Biol: 1-16.

Ferreiro, M. & Gallegos, M. (2021). Distinctive features of the Gac-Rsm pathway in plant-associated *Pseudomonas*. Environ. Microbiol. 23(10), 5670–5689