



## IDENTIFICACIÓN DE UN PÉPTIDO CON POSIBLE DOMINO DE RECONOCIMIENTO A RNA Y ACTIVIDAD EXONUCLEASA Dis3L2 EN GANGLIO CEREBRAL DE *Cherax quadricarinatus*

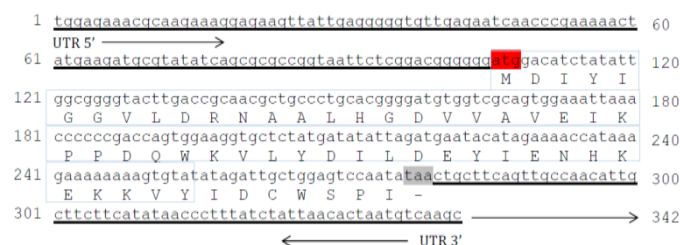
Laura E. Hernández-Aguirre, Mirna Burciaga-Flores, Erika Salas-Muñoz, Guillermo Ayala-Soto, Antonio García-Triana, Universidad Autónoma de Chihuahua, Facultad de Ciencias Químicas, Chihuahua, Chih. 31125, atriana@uach.mx.

*Palabras clave:* Dis3L2, cold shock domain, exonucleasa.

**Introducción.** El control de la expresión génica está determinado por la degradación del RNA. Se lleva a cabo por diferentes clases de ribonucleasas<sup>(1)</sup> y diversas vías de escisión ribonucleica. Dis3L2 es una proteína que forma parte de la familia de las RNasas II<sup>(2)</sup>. Degrada mRNAs en dirección 3'-5' que se han deadenilado y posteriormente uridilado por una uridililtransferasa terminal<sup>(3)</sup>. Cold shock domain (CSD) es un dominio responsable de la actividad de unión a los ácidos nucleicos<sup>(4)</sup> que está presente en Dis3L2, lo que sugiere que juega un importante papel en la regulación de la expresión génica. El objetivo del presente es exponer la presencia de un CSD como parte de Dis3L2 obtenido a partir de ganglio cerebral de la langosta de agua dulce *Cherax quadricarinatus* y proporcionar información que ayude a revelar el proceso de regulación génica.

**Metodología.** Se realizó una PCR-RACE 3' y 5' de cDNA de Dis3L2 de ganglio cerebral de *C. quadricarinatus*. Se clonaron en DH5α y en el vector pGEM-T Easy y se secuenciaron. Se analizaron secuencias de nt con BLAST y ClustalW2, y las proteínas hipotéticas con SMART, ExpASY y Phyre2.

**Resultados.** Se identificó una secuencia de nucleótidos de 342pb con UTR 5' y 3' de 105 y 63pb respectivamente y una región codificadora de 174 pb (57 aa) (Fig. 1.).

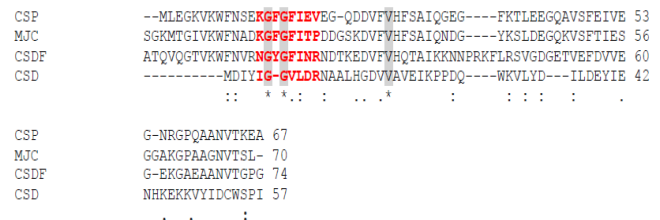


**Fig. 1.** La secuencia de nt y deducida de aa de Dis3L2 a partir de PCR-RACE muestran la presencia de un CSD situado en un rectángulo.

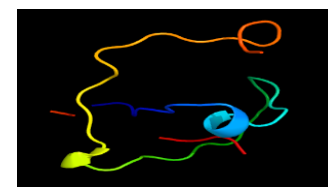
Se reconoció un CSD, y se llevó a cabo un alineamiento del mismo de las especies *Xenopus laevis* (CSD), *Bacillus subtilis* (CSP), *Escherichia coli* (MJC) y el encontrado en *Cherax quadricarinatus* (CSD) con lo que se identificaron aa consenso (Fig. 2.). El modelado hipotético de la proteína (99.5% de confianza) sugiere estructuras de Dis3L2, OB-fold y CSD (Fig. 3.).

**Conclusiones.** El péptido identificado como Dis3L2 tiene una identidad de 60% con los reportados en diferentes organismos, dicha variabilidad se pudiera deber a

distancias filogenéticas con crustáceos. Asimismo en el OB-fold encontrado, cuya función radica en la capacidad de unión a oligonucleótidos (fig. 1), se identificó un motivo similar al RNP-1 de CSD (fig. 2., aa en rojo). Landsman propone que RNP-1 cumple la función de reconocimiento y metabolización de RNA<sup>(5)</sup>, pero el mecanismo de especificidad es aún desconocido. Los OB-fold conocidos constan de una estructura de β-barril con una extensión aproximada de 70 aa<sup>(6)</sup>, nuestro CSD tiene 57 aa y el modelo predice la formación de 2 láminas β (fig. 3). Lo anterior nos permite inferir que nuestro péptido funcional debe presentar afinidad por ácidos nucleicos y probablemente esté asociado con la metabolización del RNA.



**Fig. 2.** Alineamiento de CSD de *X. laevis* (CSD), *B. subtilis* (CSP), *E. coli* (MJC) y *C. quadricarinatus* (CSD). En gris los aa conservados y en rojo los aa del motivo de unión a ácidos nucleicos RNP-1.



**Fig. 3.** Modelado hipotético de CSD. Dimensiones (Å): X:28.952 Y:31.220 Z:29.621. Tiene 99.5% de confianza con un pliegue de unión a nucleótidos de la familia de CSD.

**Agradecimiento.** Se agradece al proyecto de Ciencia Básica CONAcYT CB-2011-01 167036 y a Lizandro Rivera por sus útiles recomendaciones.

### Bibliografía

- Houseley J., Tollervey D. (2009). *Cell* 136: 763–776.
- Schaeffer D., Reis F., Johnson S., Arraiano C., van Hoof A. (2012). *Nucleic Acids Res* 40: 9298–9307
- Lubas M., Damgaard C., Tomecki R., Cysewski D., Jensen T., Dziembowski A. (2013). *EMBO J.* 32:1855-1868.
- Bouvet, P., Matsumoto & A.,Wolffe P. (1995). *Biol. Chem.* 270(47):28297-28303.
- Landsman D. (1992). *Nucleic Acids Research*, 20, No. 11 2861-2864.
- Mihailovich M., Miliitti C., Gabaldón T., and Gebauer F. (2010). *DOI* 10.1002/bies.200900122.