



ESTUDIO TRANSCRIPTÓMICO DEL FENÓMENO DE REPRESIÓN CATABOLICA POR CARBONO EN Streptomyces coelicolor

Alba Romero, Beatriz Ruíz y Sergio Sánchez. Universidad Nacional Autónoma de México. Instituto de Investigaciones Biomédicas. Departamento de Biotecnología y Biología Molecular. México, D.F. albaromero@comunidad.unam.mx.

represión catabólica, Streptomyces, glucosa

Introducción. Las bacterias saprófitas del género Streptomyces producen una gran cantidad de metabolitos secundarios, como antibióticos. (1). Se ha postulado que en la naturaleza, los metabolitos secundarios podrían proveer de una ventaja competitiva para asegurar su supervivencia (2). La producción de los metabolitos secundarios depende altamente de las condiciones de cultivo; es decir, de un fino balance entre el suplemento de nutrientes para proveer de los nutrientes para crecimiento y precursores para la síntesis y los efectos regulatorios o represivos de las fuentes de carbono, nitrógeno y fosfato más eficientemente asimilables (3). Con respecto a la asimilación del carbono, uno de los mecanismos más sobresalientes de control es el llamado represión catabólica por carbono (RCC).

Con el fin de analizar el efecto global, las vías activadas o reprimidas por glucosa se realizó un estudio de transcriptoma de S. coelicolor en condiciones represoras (glucosa) y no represoras (agar).

Metodología. Las condiciones de cultivo fueron descritas previamente (4). Se extrajo RNA en la fase exponencial de crecimiento (5). La preparación de cDNA, marcaje e hibridización se llevaron a cabo como anteriormente (6). Se emplearon microarreglos del genoma completo de S. coelicolor.(Agilent Technologies). El set de datos se analizó mediante el análisis de rank products (7) para detectar los genes diferencialmente expresados con un pfp<.15.

Resultados. El análisis de transcriptoma resultó en la identificación de 261 genes sobreexpresados y 390 reprimidos en presencia de glucosa. Se detectaron cambios en la expresión de genes involucrados en el transporte de fuentes de carbono alternas, aminoácidos y señales de peptidos de diferenciación. Se observó un incremento en las vías centrales de carbono glucólisis y pentosas fosfato(Fig. 1). Adicionalmente, se observaron cambios en la expresión de genes involucrados en el metabolismo de aminoácidos; en la diferenciación morfológica ;en el metabolismo secundario.Adicional, mediante este ensayo se observó represión de una región génica consistente de 10 operones dentro de los cuales se localizan dos agarasas descritas (Fig. 2) hasta el momento

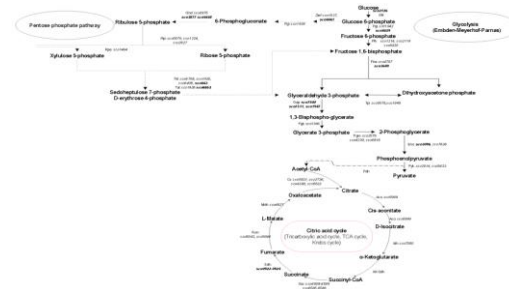


Fig. 1.Genes de metabolismo central activados por glucosa (en negritas)

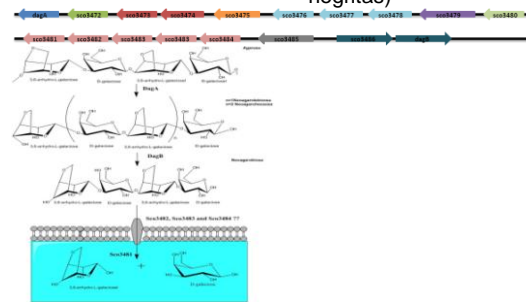


Fig. 2.Arriba.Contexto genómico de las agarasas DagA y DagB. Toda la región es reprimida en presencia de glucosa. Abajo. Modelo de la vía agarolítica en S. coelicolor y el posible transportador identificado en este estudio.

Conclusiones. Se identificaron las vías activadas o reprimidas por glucosa tanto de metabolismo primario como secundario. Adicionalmente, se localizó una región génica con 10 operones cuyos productos de expresión posiblemente están involucrados en la vía agarolítica.

Agradecimiento. A Conacyt por la beca de posgrado otorgada a Alba Romero.

Bibliografía.

1. Challis GL and Hopwood DA (2003). Proc Natl Acad Sci U S A. 100(2):14555-14561.
2. van Wezel G. P., & McDowall, K. J. (2011). Nat. Prod. Rep. 28(7), 1311-1333.
3. Angell S, Lewis CG, Buttner MJ, Bibb MJ (1994). Mol Gen Genet 244:135-143
4. Liu G, Chater KF, Chandra G, Niu G & Tan H. (2013).. Microbiol Mol Biol Rev. 77(1):112-143.
5. Kieser, T., Chater, K., Bibb, M., Buttner, M. and Hopwood D. (2000). Practical Streptomyces Genetics. John Innes Foundation, Norwich Research Park, Colney, Norwich NR4 7UH, UK., pp. 2-33
6. Lewis PW, Elsaesser SJ, Noh KM, Stadler SC, Allis CD (2010). Proc Natl Acad Sci 107:14075-14080
7. Breitling, R., Armengaud, P., Amtmann, A., Herzyk, P., (2004).. FEBS Lett. 573, 83-92.