



## LOS FACTORES SIGMA DE *Escherichia coli*: UNA VISIÓN DE INTEGRACIÓN.

Luis G. Treviño-Quintanilla y Julio Collado-Vides, Centro de Ciencias Genómicas UNAM, Av. Universidad S/N, Colonia Chamilpa, C.P. 62100, Cuernavaca, Morelos. Fax: 7773291694, e-mail: [ltrevino@ccg.unam.mx](mailto:ltrevino@ccg.unam.mx)

*Palabras clave: factores sigma, regulación transcripcional, Escherichia coli.*

**Introducción.** La RNA polimerasa de *E. coli* es la enzima responsable de la síntesis del RNA celular. Esta compuesta de la enzima “core” formada por las subunidades  $\alpha 2 \beta \beta' \omega$  que tienen la actividad catalítica de elongación-terminación de la transcripción y una subunidad sigma con siete diferentes versiones, que cuando se une a la RNA polimerasa para formar la holoenzima, permite el reconocimiento específico del promotor y la iniciación eficiente de la transcripción. El número total de moléculas de enzima “core” en una célula de *E. coli* es de 2000, número inferior al total de genes (4405) de este microorganismo. Juntos estos descubrimientos acentúan la importancia de la RNA polimerasa y de sus factores sigma para regular los genes (sigmulones) que será transcritos. La inducción de los factores sigma alternativos es una estrategia importante para contender de manera adecuada con diferentes clases de estrés ambiental. De hecho existe una fuerte correlación entre la complejidad de los ambientes donde puede sobrevivir un microorganismo y el número de factores sigma alternativos (1).

El objetivo de este trabajo fue analizar el conocimiento reciente de la regulación transcripcional mediada por los factores sigma de *E. coli*, para lo cual estudiamos diferentes propiedades de estos factores utilizando una perspectiva genómica y determinamos si un conjunto de criterios diagnósticos puede ser identificado para obtener una explicación para la existencia de diferentes factores sigma en la misma bacteria.

**Metodología.** Para realizar nuestros análisis utilizamos la base de datos RegulonDB (2) que contiene información sobre la regulación transcripcional y la organización de los genes de *E. coli*, esta base de datos reúne la descripción de cerca del 25% de las interacciones de regulación transcripcional de este organismo. Complementamos la información obtenida de RegulonDB mediante una revisión bibliográfica de los artículos más recientes sobre genes de *E. coli* que tienen promotores para factores sigma alternativos.

**Resultados y discusión.** Encontramos que cada uno de los grupos de genes controlados por los factores sigma (FS) alternativos no se superponen entre ellos (Figura 1), esto nos indica que cada uno de los sigmulones de *E. coli* está formado, en su gran mayoría, por genes que no presentan más de un promotor. El factor de *housekeeping* sigma70 juega un papel central en la transcripción de los FS de *E. coli* ya que es el único factor que participa en la transcripción de todos los demás. Cada uno de los FS alternativos interactúa con diferentes reguladores transcripcionales lo que permite una selección y discriminación rápida del total de reguladores presentes en una condición ambiental favorable

cuando cambia repentinamente a una condición de estrés. Cada uno de los grupos de genes transcritos por un factor sigma alternativo tiene una función fisiológica común que permite a la célula superar la condición de estrés. Las condiciones ambientales donde los FS son necesarios son censadas mediante los factores antisigma que mantienen secuestrados a los FS a través de una interacción proteína-proteína si estas condiciones no están presentes.

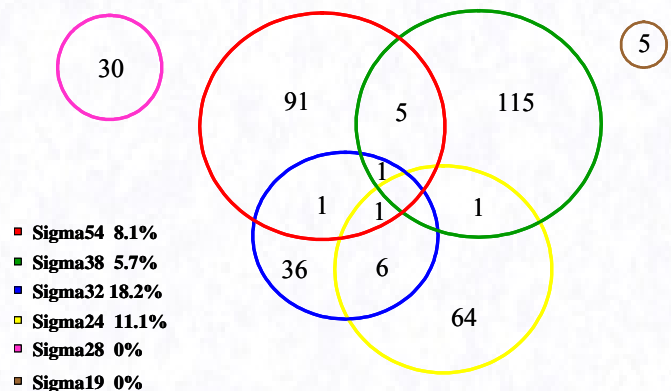


Figura 1. Diagrama de Venn que muestra la sobreposición de los genes controlados por factores sigma alternativos en *E. coli*. Los grupos se unen cuando un gen es transcrito por más de uno de estos factores.

**Conclusiones.** El grupo de genes (sigmulon) transcrito por cada uno de los factores sigma alternativos es en general exclusivo y su interacción diferencial con los reguladores transcripcionales permite una respuesta eficiente y rápida ante los cambios repentinos en las condiciones ambientales.

**Agradecimiento.** Agradecemos el apoyo económico brindado respectivamente por la UNAM y CONACyT a través de los proyectos PAPIIT IN214905 y 47609Q para la realización del presente trabajo.

### Bibliografía.

- Jishage, M., Iwata, A., Ueda, S. & Ishihama, A. (1996) Regulation of RNA polymerase  $\sigma$  subunit synthesis in *Escherichia coli*: Intracellular levels of four species of  $\sigma$  subunit under various growth conditions. *J. Bacteriol.* **178**, 5447–5451.
- Salgado H, Gama-Castro S, Peralta-Gil M, Diaz-Peredo E, Sanchez-Solano F, Santos-Zavaleta A, Martinez-Flores I, Jimenez-Jacinto V, Bonavides-Martinez C, Segura-Salazar J, Martinez-Antonio A, Collado-Vides J. (2006). RegulonDB (version 5.0): *Escherichia coli* K-12 transcriptional regulatory network, operon organization, and growth conditions. *Nucleic Acids Res.* Jan 1; 34 (Database issue):D394-7.