

## EVALUACIÓN DE LA PARTICIPACIÓN DEL REGULADOR TRANSCRIPCIONAL SCO3986 Y SU EFECTO SOBRE LA PRODUCCIÓN ACTINORRODINA Y UNDECILPRODIGIOSINA.

Berenice Hernández Cordero, Beatriz Ruiz Villafán y Sergio Sánchez, Instituto de Investigaciones Biomédicas, Departamento de Biología Molecular y Biotecnología. CDMX, 04510, hcbere23@gmail.com.

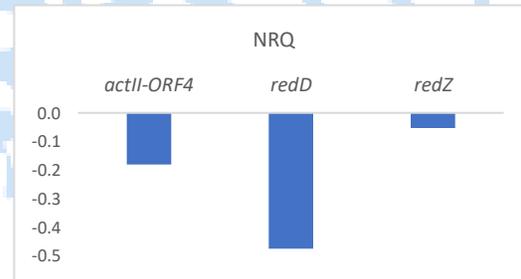
*Palabras clave: sco3986, antibióticos, regulador transcripcional.*

**Introducción.** La familia de reguladores transcripcionales tipo GntR es una de las más abundante en el género *Streptomyces*. Están implicados en procesos como diferenciación morfológica, metabolismo de carbono, producción y resistencia a antibióticos, entre otros. En un análisis transcriptómico hecho por Romero et al. (1), se encontró modificada la expresión de nueve reguladores transcripcionales, de los cuales dos pertenecen a la familia GntR. De estos dos reguladores, el SCO3986 destacó por tener genes blanco relacionados con el metabolismo secundario (2). Por tanto, el objetivo de este trabajo es evaluar la participación del regulador transcripcional SCO3986 en la producción de antibióticos.

**Metodología.** Se llevo a cabo el remplazo del gen *sco3986* por un casete de resistencia a apramicina (3) obteniendo la cepa mutante *Streptomyces coelicolor sco3986::aac(3)IV*. Posteriormente, se determinó la producción de undecilprodigiosina (RED) y actinorrodina (ACT) (4). Finalmente, se midió la expresión de los reguladores específicos de ambos antibióticos undecilprodigiosina RedD y RedZ, así como para ACTII-ORF4 para actinorrodina (5).

**Resultados.** La eliminación de *sco3986* en *S. coelicolor* tuvo un efecto negativo sobre la producción de antibióticos, se redujo la producción de ACT un 71

%, y la de RED un 92 % (Figura 1). Adicionalmente, la expresión de los reguladores específicos, ACTII-ORF4, RedD y RedZ resultaron reprimidos (Figura 2).



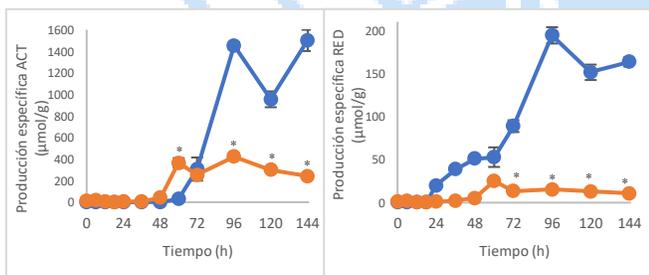
**Figura 2.** Cuantificación de expresión relativa normalizada de los reguladores específicos. Valores normalizados respecto al gen de referencia *gyrA*. Método de análisis  $2^{-\Delta\Delta Ct}$

**Conclusiones.** El regulador transcripcional SCO3986 participa como un activador en la producción de los antibióticos ACT y RED en *S. coelicolor*.

**Agradecimiento.** Este proyecto fue financiado en parte por el proyecto CONACyT A1-S-9143. Agradezco a CONACyT por la beca de maestría para la realización de este proyecto.

### Bibliografía.

- Romero A., Rocha D., Ruiz B., Tierrafría V., Rodríguez R., Segura D., & Sánchez S. (2016). *BMC microbiol*, vol. 16: 77.
- Manzo M, (2018). Caracterización de un regulador transcripcional dependiente del gen *glk* en *Streptomyces coelicolor*. (Tesis de maestría, UNAM).
- Gust A., Challis G., Fowler K., Kieser T. y Chater K, (2003). *PNAS*, vol.100:4, 1541-1546.
- Ruiz B., Rodríguez R., Aguilar G., Gosset G., y Sánche S., (2014). *AMB*, vol 98:13, 6061-6071.
- Romero A., Rocha D., Ruiz B., Tierrafría V., Rodríguez R., Segura D., & Sánchez S. (2016). *ABB microbiol*, vol. 180: 6, 1152-1166.



**Fig. 1.** A) Producción específica de ACT, B) Producción específica de RED. Línea azul: cepa silvestre *S. coelicolor*, Línea naranja: cepa mutante *sco3986::aac(3)IV*. Los asteriscos representan diferencia significativa  $p > 0.05$ .