

Póster

## Caracterización de la proteína Hfq en la bacteria TFA



Marina Rebollo, Eduardo Santero y Belén Floriano

Departamento de Biología Molecular e Ingeniería Bioquímica. Centro Andaluz de Biología del Desarrollo,  
Universidad Pablo de Olivade, ctra. Utrera Km 1, 41013 Sevilla, España.

*Palabras clave:* proteína Hfq; sRNAs

### RESUMEN

Las bacterias detectan diferentes señales procedentes del entorno y responden a ellas específicamente variando sus perfiles de expresión génica con el objetivo de adaptarse mejor a los cambios ambientales. Dichos mecanismos de regulación de la expresión génica pueden operar tanto a nivel transcripcional como a nivel post-transcripcional y responden a señales específicas y/o globales para asegurar una correcta expresión génica. Esta regulación post-transcripcional de la expresión génica puede estar mediada por sRNAs (smallRNAs en inglés). Estos sRNAs tienen un papel crucial en el control de las funciones celulares tales como, por ejemplo, el metabolismo central o la virulencia en algunas bacterias patógenas (1).

Se ha descrito que la proteína Hfq juega un papel esencial en la actividad de algunos de estos sRNAs con los que interacciona en numerosas bacterias (1, 2). Hfq fue descrita por primera vez en la bacteria *E. coli* como un factor esencial para la replicación del fago Q $\beta$ , un virus de ARN (3). Hfq se engloba dentro de la familia de proteínas *Sm-Sm-like* que se caracteriza por tener una estructura cuaternaria en forma de anillo hexamérico que le permite la interacción con otras macromoléculas, como serían los sRNAs y los ARN mensajeros diana de los anteriores (1, 2).

La bacteria *Sphingopyxis macrogolitabida* estirpe TFA es una alfa-proteobacteria perteneciente a la familia *Sphingomonadaceae* capaz de degradar el contaminante ambiental tetralina y utilizarlo como fuente de carbono y energía (4). En dicha bacteria, objeto de estudio en este trabajo, se ha detectado un gen que codifica para una proteína reconocible como hfq pero con una estructura primaria diferente a las descritas hasta el momento en otras bacterias. Estas diferencias encontradas a nivel estructural en la proteína junto al hecho de que no haya estudios previos sobre esta proteína en esta familia de bacterias hacen muy interesante su caracterización con objeto de determinar si su mecanismo de actuación en la célula es diferente o no al descrito previamente en otras bacterias.

### BIBLIOGRAFIA

1. Vogel J, Luisi BF. (2011) Hfq and its constellation of RNA. *Nat Rev Microbiol* 9(8),578-589.
2. Faner, MA and FeigAL. (2013) Identifying and characterizing Hfq-RNA interactions. *Methods*. 63(2),144-159.
3. Franze de Fernandez, MT, Eoyang, L and August, JT. (1968) Factor fraction required for the synthesis of bacteriophage Q $\beta$ -RNA. *Nature* 219,588-590.
4. Hernaez MJ, Reineke W, Santero E. (1999) Genetic analysis of biodegradation of tetralin by a Sphingomonas strain. *Appl Environ Microbiol* 65(4),1806-1810.