



XV encuentro
Participación de la
Mujer
en la Ciencia

Dorothy Croufoot Hodgkin
Química Británica



ANÁLISIS ESTRUCTURAL Y FILOGENÉTICO DEL REGULADOR TRANSCRIPCIONAL DE LA RUTA DE DEGRADACIÓN DE TERPENOS ACÍCLICOS ATUR DE PSEUDOMONAS AERUGINOSA

CESAR DIAZ PEREZ¹, Blanca Estela Gómez Luna¹, Juan Carlos Ramírez Granados¹, Rafael Alejandro Veloz García¹ y Patricia Castro Moreno²

1 Universidad de Guanajuato, 2 FES-Iztacala. cdp276@gmail.com

El género *Pseudomonas* es uno de los más diversos de las bacterias, abarcando especies que han sido aisladas de casi todos los ecosistemas de la tierra, por lo que no es de extrañar que tengan un metabolismo complejo. Los terpenos acíclicos son un grupo de hidrocarburos recalcitrantes, que solo son degradados por unas pocas especies bacterianas, entre ellas *Pseudomonas aeruginosa*, mediante la ruta metabólica de degradación de terpenos acíclicos (ATU) codificada por los genes *atuR-atuABCDEFGH*. Esta ruta cuenta con el regulador negativo *AtuR* (PA2885), que pertenece a la familia TetR. En este trabajo se estudió la evolución de la familia proteica y se modeló la proteína *AtuR* para conocer mejor su papel en la regulación de la ruta ATU. Se encontró que las 344 proteínas similares a *AtuR* solo se encuentran en el dominio bacteria. Un análisis de dominios mostró que la familia contiene a los dominios *AcrR* (COG1309) y *tetR* (pfam00440), sugiriendo que este grupo de proteínas pertenece a la superfamilia *tetR*, aunque su similitud con las proteínas mejor caracterizadas de esta superfamilia es baja, indicando una divergencia muy antigua de esta familia. Se generó un modelo por homología del dímero de *AtuR* de *P. aeruginosa* con el programa Modeller. *AtuR* contiene el dominio de unión a DNA helix-turn-helix en la región amino-terminal, y un motivo similar a *pfiT* en el carboxilo-terminal. Además, se localizó un posible sitio de unión a una molécula reguladora. La evidencia obtenida nos indica que la familia *AtuR* no está diversificada en eucariotes, por lo que puede ser un buen blanco terapéutico contra esta especie bacteriana, además se localizó el posible sitio de unión a la molécula reguladora de este represor.