



XVII encuentro
Participación de la
Mujer
en la Ciencia



Predicción *in silico* de la regulación diferencial de MreB sobre la función flagelar en los genotipos ST19 y ST213 de *Salmonella enterica*.

Jose Manuel Manriquez Flores¹, Reyna Cristina Zepeda Gurrola², Gerardo Vazquez Marrufo³ y María Soledad Vazquez Garcidueñas²

1 Universidad Michoacana de San Nicolás de Hidalgo, 2 División de Estudios de Posgrado, Facultad de Ciencias Médicas y Biológicas "Dr. Ignacio Chávez", 3 Centro Multidisciplinario de Estudios en Biotecnología, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia. manriquezqfb@gmail.com

Salmonella enterica es uno de los principales agentes etiológicos de enfermedades gastrointestinales en todo el mundo, asociado a la ingestión de alimentos contaminados. Recientemente, se ha encontrado una relación estrecha entre las proteínas del citoesqueleto bacteriano MreBCD y la motilidad en esta bacteria. En *S. enterica*, se ha reportado que mutaciones para *mreCD* y la inhibición química de *mreB*, inciden directamente en la expresión de proteínas flagelares FliACDTZ y FlhCD. La virulencia del microorganismo en el hospedero está en función de varios factores, entre ellos, la motilidad mediada por flagelos, de cuya regulación se sabe poco. La Secuencia Tipo 19 (ST19) de *S. enterica* serotipo Typhimurium, es el genotipo ancestral y más abundante a nivel mundial. Sin embargo, el genotipo ST213, reportado por primera vez en México, ha remplazado al ST19 en este país. El genotipo ST213 es más resistente que el ST19 a condiciones asociadas a la preservación de alimentos y presenta mayor motilidad. Además, se sabe que en *S. enterica*, las cepas con mayor resistencia a condiciones de estrés, muestran un incremento en la virulencia. En este trabajo, se planteó el objetivo de elucidar una vía de regularización flagelar para ello se creó un interactoma *in silico* de las proteínas del citoesqueleto MreBCD y las proteínas flagelares FliACDTZ/FlhCD en ambos genotipos de *S. enterica*, empleando la base de datos String 11.0. Se amplificaron los genes codificantes para estas proteínas, a partir de ADN genómico de las cepas 115 (ST213) y 04 (ST19) de *S. enterica*. Los amplicones se secuenciaron y alinearon mediante el servidor Clustal Omega y se generó *in silico* la secuencia aminoacídica de las proteínas de interés, para hacer el modelamiento por homología en el servidor Swiss-Model. Los modelos se refinaron y validaron utilizando gráficos de Ramachandran, para posteriormente confirmar el interactoma de las interacciones en función de la complementariedad geométrica basada en los alineamientos estructurales y conservación evolutiva de "hot spots", utilizando el servidor PRISM 2.0. Los resultados arrojaron que MreB presentó interacción con FliA, que, a su vez, interaccionó con los factores flagelares. Asimismo, se registraron variaciones entre genotipos, en la secuencia tanto de nucleótidos como de aminoácidos, de la flagelina C (FliC). Lo anterior generó diferentes motivos funcionales de interacción entre FliC y las proteínas del interactoma. La energía libre de cada interacción (ΔG) generada, fue más estable (decremento en ΔG) en las interacciones *mreB* y *fliA* en el genotipo ST213, en comparación con el genotipo ST19. Por tanto, se sugiere que, mediante la interacción entre MreB y FliA, el genotipo ST213 podría presentar interacciones diferenciales, que le confieren una ventaja adaptativa tanto en la motilidad como en la patogénesis.