

CAMBIO DEL MARCO DE TRADUCCIÓN DEL mRNA DEL GEN *pth* EN *Escherichia coli*.

Guarneros, G. y Jacinto, E.

Depto. de Genética y Biología Molecular del CINVESTAV, A. P. 14-740
México, D.F., 07000.

Tel. (55) 5061 3338, Fax (55) 5061-3392, gguarner@cinvestav.mx

El cambio de la fase de traducción, o “frameshifting” al marco -1 se produce por un desplazamiento en reversa del ribosoma en traducción y tiene como consecuencia la generación de dos proteínas. Las proteínas son de diferente tamaño y comparten la misma secuencia de aminoácidos en sus regiones amino terminal hasta el punto donde se efectúa el cambio de fase. Este tipo de recodificación se ha descrito desde virus y bacterias hasta el hombre y se dice que está “programada” porque el desplazamiento permite alcanzar una proporción óptima de las dos proteínas que es necesaria para la funcionalidad del sistema. En los casos reportados de desplazamiento programado se encuentran dos elementos presentes en los mRNAs: una secuencia “resbalosa”, comúnmente de siete bases (X XXX YYZ) donde se lleva a cabo el cambio de la fase de traducción, y una estructura secundaria posterior que facilita dicho cambio propiciando una pausa en el avance del ribosoma.

En este trabajo encontramos que una delección de un par de bases en el codón 118 del gen *pth*, que cambia el marco de traducción a la fase +1, aun expresa la peptidil-tRNA hidrolasa correspondiente a niveles bajos. Nuestros datos indican que la supresión ocurre por un cambio del marco de traducción del mRNA a la fase -1 en la secuencia “resbalosa” C CCT situada posteriormente al sitio de la delección lo que restablece el marco a la fase original. El análisis informático de la secuencia del mRNA de *pth* reveló la presencia de un posible seudonudo localizado río abajo de la secuencia C CCT en el mRNA. El análisis funcional de delecciones en fusiones con el gen *lacZ* sugiere que el seudonudo estimula significativamente el corrimiento -1 del marco de traducción en relación al corrimiento mediado por la secuencia C CCT sola. Además, esta secuencia está precedida por una estructura corta de tallo y burbuja en el mRNA necesaria para el corrimiento de la fase de traducción.

Se conoce muy poco acerca de la contribución global de la recodificación en la complejidad de los proteomas. La estrategia empleada aquí, en combinación con la búsqueda informática de secuencias resbalosas y de estructuras secundarias en los mensajeros, podrá ser aplicada en la identificación de nuevos casos de desplazamiento de la fase de traducción en los genomas de organismos diversos.