

ANÁLISIS DEL PROTEOMA SIMBIÓTICO DE DIFERENTES MUTANTES REGULATORIAS DE *RHIZOBIUM ETLI*

Hernández-Ortiz M*, Martínez-Batallar G., Contreras S., Elizalde M., Vargas M. del C., Reyes-Pérez A., Mora Y., Mora J. y Encarnación S.
Programa de Genómica Funcional de Procariontes. Centro de Ciencias Genómicas-UNAM. Av. Universidad s/n; C.P. 62210. Cuernavaca, Morelos; México. Tel. (55) 56227899, Fax 01 777 3175094. magda@ccg.unam.mx

La electroforesis bidimensional es aun una herramienta importante en estudios de proteoma, ya que es posible la separación al mismo tiempo, de cientos o miles de proteínas simultáneamente permitiendo la detección y posterior identificación mediante espectrometría de masas de proteínas de interés, las que se expresan de manera específica en diferentes condiciones metabólicas analizadas, las que se comparten y las que aún siendo comunes cambian su abundancia en una condición respecto a la otra.

Algunas leguminosas entre ellas *Phaseolus vulgaris* fijan nitrógeno atmosférico al establecer simbiosis con *R. etli*, estas plantas alojan a las bacterias en estructuras especiales que se forman en sus raíces; llamados nódulos, dentro de los nódulos las bacterias se convierten en bacteroides, siendo estas estructuras en donde las bacterias fijan el nitrógeno.

Mediante electroforesis bidimensional se ha analizado el proteoma simbiótico de *Rhizobium etli*, lo que ha permitido el estudio global de las proteínas involucradas en las funciones simbióticas de *R. etli* a diferentes tiempos posteriores a la inoculación en plantas de frijol (*P. vulgaris*). En el laboratorio también se ha empleado en la caracterización en metabolismo simbiótico de regulones (Vargas *et al*, 2003), y actualmente se trabaja con la caracterización del proteoma simbiótico de distintas mutantes de *R. etli*.

Hemos analizado el proteoma de diferentes mutantes de *R. etli*, durante la simbiosis, comparando los mapas de expresión de proteínas extraídas de bacteroides en diferentes tiempos posteriores a la inoculación. Se han seleccionado e identificado proteínas en las mutantes *nifA*⁻, *OxyR*⁻, *KatG*⁻, y *Fnr*⁻. Se han localizado grupos de proteínas cuya regulación depende de los diferentes genes mutados, de acuerdo a las comparaciones realizadas con el proteoma simbiótico de la cepa silvestre *R. etli* CE3. En este trabajo se presentan los mapas de expresión de proteínas de las diferentes mutantes caracterizadas, así como la identidad de proteínas reguladas por dichos genes.

Este proyecto ha sido financiado por los donativos otorgados por CONACYT 40046-Z y DGAPA 203003-3. * Beca PASPA-DGAPA convocatoria 2006.

Vargas M del C, Encarnación S, Dávalos A, Reyes-Pérez A, Mora Y, García-de los Santos A, Brom S, Mora J. Only one catalase, *katG*, is detectable in *Rhizobium etli*, and is encoded along with the regulator *OxyR* on a plasmid replicon. *Microbiology*. 2003;149:1165-76.