

Investigación

SISIUS - Investigación en la USE

Acceso a SISIUS

Resultados y Memorias de Investigación

Apoyo al Investigador

Noticias de Investigación

Becas y Contratos en proyectos

Secretariado de Investigación

Plan Propio de Investigación

Convocatorias

Resoluciones

Biblioteca Universitaria 

Secretariado de Centros, Institutos y Servicios de Investigación

Servicios Generales de Investigación

Centros y Grandes Instalaciones

Institutos

Secretariado de Doctorado

Servicio de Doctorado 

Oferta de estudios

Directorio de contacto

Área de Investigación

Plan de Mejora

Impresos y Procedimientos

Comité Ético

Buzón de sugerencias

Información y contactos

Dirección

Todas

Investigación

Becas y Contratos

22/11/2011

Investigadores de la US identifican el transcriptoma completo de la cianobacteria *Anabaena*

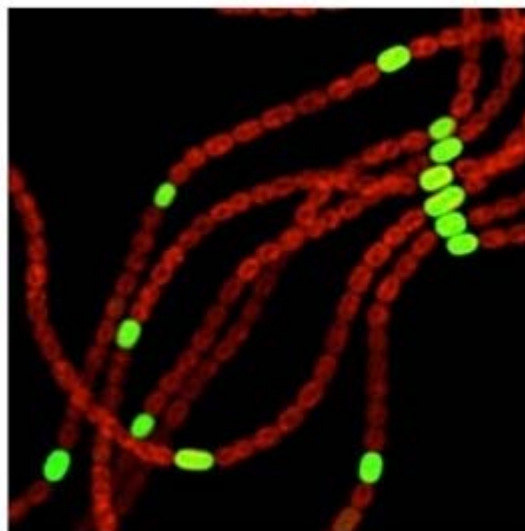
Este trabajo recoge la definición del transcriptoma completo de la cianobacteria *Anabaena* utilizando una metodología basada en secuenciación masiva del RNA (RNA-Seq). En concreto, se ha empleado una modificación de esta metodología que incluye el tratamiento de las muestras de RNA con la exonucleasa Terminator™, lo que

permite la asignación de todas las posiciones en las que se inicia la transcripción a lo largo del genoma de una bacteria. Esta metodología, que es extraordinariamente potente, se ha empezado a usar recientemente para definir el transcriptoma de bacterias patógenas como *Helicobacter pylori*.

Anabaena es una cianobacteria filamentosa capaz de fijar nitrógeno atmosférico en los heterocistos, unas células especializadas cuya diferenciación tiene lugar en base a un programa transcripcional específico de este tipo celular. Dado que éste es uno de los aspectos más interesantes de la biología de las cianobacterias, el análisis del transcriptoma que se ha llevado a cabo incluye una serie de muestras de RNA cuya comparación permite definir el transcriptoma específico del proceso de diferenciación.

Una de las conclusiones de este estudio es que la transcripción de pequeños RNAs no codificantes (potencialmente regulatorios) y transcritos antisentido (de la hebra contraria a las zonas codificantes) es extraordinariamente abundante. Esto es consistente con lo observado en otras bacterias cuyo transcriptoma se ha analizado con relativa profundidad (desde los patógenos *Escherichia coli*, *Salmonella* o *Helicobacter pylori* a la cianobacteria unicelular *Synechocystis*) y sugiere que los mecanismos regulatorios mediados por RNAs tendrían también un papel muy relevante en estos organismos fotosintéticos.

Este trabajo se ha llevado a cabo por miembros del grupo **BIOLOGÍA DEL RNA: REGULACIÓN, PROCESAMIENTO Y TRADUCCIÓN (BIO-215)** en el Instituto de Bioquímica Vegetal y Fotosíntesis, Centro Mixto de la Universidad de Sevilla y el CSIC, en colaboración con el grupo



Visualización de heterocistos (verde) en filamentos de *Anabaena* mediante la expresión de la Green Fluorescent Protein desde el promotor de un RNA pequeño que se expresa únicamente en este tipo celular (Ionescu et al. 2010. *J. Mol. Biol.* **398**, 177, 2010).



dirigido por el Dr. Wolfgang R. Hess, de la Albert-Ludwigs-Universität Freiburg (Alemania).

[Artículo \(estará disponible los próximos días\)](#)

Vicerrectorado de Investigación. Universidad de Sevilla. Pabellón de Brasil. Paseo de las Delicias s/n. Sevilla