



Universidad de Concepción
Dirección de Postgrado
Facultad de Ciencias Biológicas
Magister en Bioquímica y Bioinformática

INFLUENCIA DE FACTORES DE TRANSCRIPCIÓN SOBRE LA ACTIVIDAD “*IN VITRO*” DE LOS COMPLEJOS SWI/SNF DE MAMÍFEROS.

**YAIZA FERNÁNDEZ GARCÍA
CONCEPCIÓN-CHILE
2011**

Profesor Guía: Dr. José Leonardo Gutiérrez Contreras
Dpto. de Bioquímica y Biología Molecular
Facultad de Ciencias Biológicas
Universidad de Concepción

RESUMEN

Los organismos eucariotas presentan su material genético nuclear organizado en asociaciones proteína-ADN formando estructuras conocidas como nucleosomas, los cuales se encuentran repetidos y agrupados dando origen a la cromatina. Más allá de su papel estructural, la cromatina participa en la regulación de procesos fundamentales a nivel del ADN. El acceso a las regiones promotoras de los genes por parte de la maquinaria transcripcional de la célula es una de las principales barreras en la expresión génica y se ve restringido dado el denso arreglo de la cromatina. El ensamblaje de la ARN polimerasa II a los promotores es orquestado por diversos factores de transcripción. Estos se caracterizan por presentar dominios de unión al ADN que les permiten la identificación de secuencias específicas. Poseen además regiones que les permiten la interacción con otras proteínas o complejos proteicos, lo que implica que pueden reclutar diversas entidades a sitios concretos del genoma. Entre los complejos proteicos que pueden ser reclutados se encuentran aquellos con la habilidad de remodelar la cromatina, destacándose los de la familia SWI/SNF. Esta familia de complejos emplea la energía obtenida a partir de la hidrólisis de ATP para movilizar nucleosomas de dos formas; en *cis*, “sliding” o en *trans*, “eviction”.

Con el objetivo de evaluar la influencia de factores de transcripción sobre la actividad remodeladora “*in vitro*” de complejos SWI/SNF en mamíferos, se realizaron ensayos de remodelación nucleosomal para hSWI/SNF en presencia del factor hER α . Se observó que este receptor nuclear tiene la capacidad de reclutar a hSWI/SNF hacia secuencias diana y concentrar su actividad de sliding en una zona precisa. Nuestros resultados muestran que hER α no gatilla la actividad de desplazamiento del nucleosoma en *trans* de los subtipos de complejos hSWI/SNF estudiados.