

Modelado Tridimensional de la Proteína Telomerasa Transcriptasa Inversa Humana

RECIBIDO: 2/7/07

ACEPTADO: 13/9/07

Galán Romano F.S.¹ • Sferco S.J.^{1,2}

1. Departamento de Física, Facultad de Bioquímica y Ciencias Biológicas, Universidad Nacional del Litoral, Paraje El Pozo, 3000 Santa Fe, Argentina.

2. INTEC (CONICET-UNL), Güemes 3450, 3000 Santa Fe, Argentina.

RESUMEN: Se presentan modelos tridimensionales de la proteína TERT humana completa, obtenidos utilizando servidores disponibles en la web, que implementan las mejores técnicas disponibles en la actualidad de modelado de proteínas por fold recognition. Los modelos seleccionados predicen una superestructura formada por pequeñas hélices alfas, que tiene la forma de una banda que tiende a cerrarse en un círculo, con una concavidad a lo largo de toda su parte media. Dos de los modelos obtenidos permiten comprender la mayor parte de la información experimental disponible sobre esta proteína, así como la interpretación de su funcionamiento según un esquema teórico propuesto anteriormente. Nuestros modelos permiten además, imaginar sitios alternativos de interacción con la contraparte de ARN de esta proteína, así como su unión a ADN.

PALABRAS CLAVE: Telomerasa, hTERT, modelado molecular.

SUMMARY: Tridimensional models for the full human TERT protein are presented, using the best performance fold recognition web servers currently available. The select models predict a superstructure formed by small alpha helices folded in such a way that tends to form a circle with a concavity along all its medium part. Two obtained models allow to understand all the available experimental information about this protein, as well as to interpret its functioning according to a theoretical scheme previously proposed. Furthermore, our models allow to consider alternative sites for the interaction with the RNA subunit as well as DNA.

KEY WORDS: Telomerase, hTERT, molecular modelling.