



Identificación de secuencias REP en el genoma de *Brucella*

Juan M García Lobo, Asunción Seoane, Idoia Monteagudo, Soraya Curiel y Félix J Sangari

Departamento de Biología Molecular, Universidad de Cantabria
Instituto de Biomedicina y Biotecnología de Cantabria, IBBTEC, (UC-CSIC-IDICAN), Santander,
España

Las secuencias REP (Repetitive Extragenic Palindromic) de bacterias se han definido como secuencias repetidas cortas de unos 40 bp, específicas de especie, localizadas en los espacios intergénicos, y capaces de adoptar cierta estructura secundaria.

En *Brucella* se habían descrito dos secuencias repetidas llamadas BRU-RS1 y BruRS2 de unos 105 bp con un número de copias estimado alrededor de unas 50 y parcialmente palindrómicas. Usando estas secuencias como molde en una comparación con Blastn hemos podido observar la presencia en el genoma de *Brucella* de una familia amplia de repeticiones que además de estas copias de unas 100 bp contiene miembros de unos 150 bp así como otros más cortos de alrededor de 50 bp.

La comparación de los diferentes miembros de la familia nos sugirió que se trataba de una familia compuesta por repeticiones palindrómicas sencillas de unos 45 bp, que se asocian habitualmente en grupos de 2 ó 3 unidades para formar las secuencias de 100 y 150 bp. Teniendo en cuenta que estas secuencias son consistentemente extragénicas y que la asociación de REPs en elementos más complejos llamados BIMES es bien conocida, nos inclinamos por definir a esta familia de repeticiones como REPs específicas de *Brucella* capaces de asociarse en elementos de mayor tamaño tipo BIME.

Los genomas de *Brucella* contienen alrededor de 500 secuencias REP individuales o asociadas en BIMES que se encuentran en unas 300 localizaciones genómicas distribuidas más o menos uniformemente entre los dos cromosomas de la bacteria.

La posición de las secuencias REP en las diferentes especies de *Brucella* está altamente conservada lo que nos indica que estas secuencias no están sometidas a un proceso activo de replicación-diseminación y que son elementos antiguos generados antes del proceso de especiación del grupo.

Al margen de la posible funcionalidad de estas repeticiones en regulación de la expresión génica, sus propiedades son útiles para definir DNA extragénico lo que permite eliminar de la anotación unos cuantos CDSs pequeños que coinciden con REPs y para identificar segmentos de DNA adquiridos por transferencia lateral que carecen de REPs.