

APLICACIONES REALES DE MODELOS DE COMPUTACIÓN BIOINSPIRADOS

Tema 6: Sistemas de regulación de genes en células procariontas: El Operón Lactosa en E. coli

David Orellana Martín

Mario de J. Pérez Jiménez

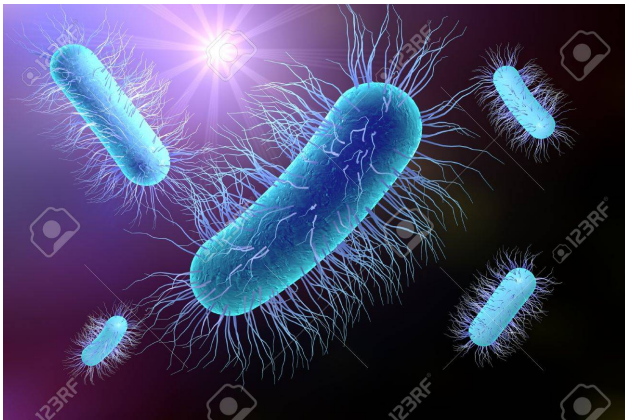
Grupo de investigación en Computación Natural
Dpto. Ciencias de la Computación e Inteligencia Artificial
Universidad de Sevilla

Máster Universitario en Lógica, Computación e Inteligencia Artificial

Curso 2025-2026



La bacteria Escherichia coli (E. coli)



- ★ Descrita por primera vez en 1885, por Theodore von Escherich.
- ★ Suelen “habitar” en el tracto intestinal de animales superiores
- ★ Generalmente, son inofensivas.

Regulación de genes

El **nivel de expresión** de los genes variará según las condiciones ambientales, el nivel de diferenciación de la célula etc.

El **nivel de expresión** de los genes variará según las condiciones ambientales, el nivel de diferenciación de la célula etc.

Síntesis de proteínas: alto coste energético.

- ★ Hay que **regular** este proceso.

La regulación se puede dar a nivel de la transcripción o de la traducción.

- ★ Lo más directo es regular la tasa de transcripción del gen en moléculas de RNAm.
- ★ La regulación suele llevarla a cabo una proteína (sintetizada por un **gen** denominado **regulador**).

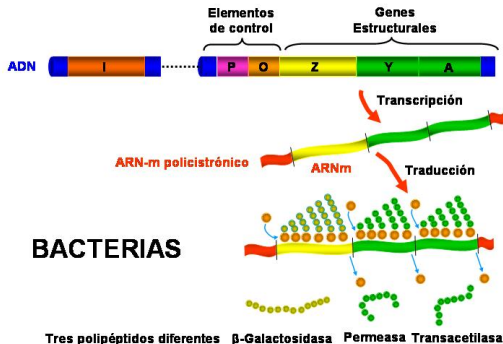
Células procariontas: un RNAm puede codificar varios genes (**policistrónicos**).

Células eucariotas: un RNAm sólo codifica un gen (**monocistrónicos**).

Concepto de operón

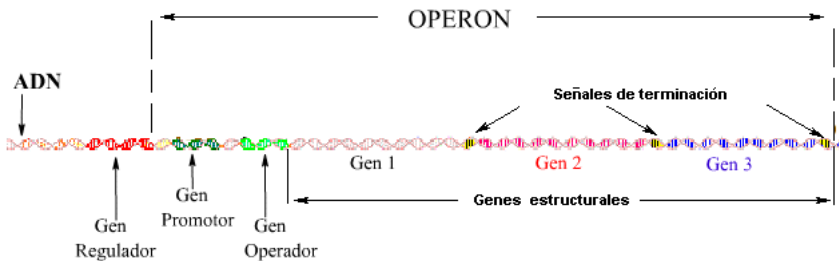
Operón: secuencia de nucleótidos en el DNA que equivale a una **unidad de transcripción**.

- ★ **Conjunto de genes** cuya expresión está controlada por **un único RNAm** y está regulada por unos elementos de control (promotor y operador) y un gen.



Elementos que constituyen un operón:

- **Genes estructurales:** genes cuya expresión está regulada (por el operón).
- **Operador (O):** elemento de control.
 - * Región del DNA que es reconocida por la proteína reguladora.
 - * Se encuentra inmediatamente antes de los genes estructurales.
- **Promotor (P):** elemento de control.
 - * Región del DNA que es reconocida por la RNA polimerasa para comenzar la transcripción.
 - * Se encuentra inmediatamente antes del operador.
- **Gen regulador:** secuencia de DNA que codifica la proteína reguladora.
 - * Suele estar situado "cerca" de los genes estructurales del operón.
- **Proteína reguladora:** proteína codificada por el gen regulador.
- **Inductor:** molécula cuya presencia induce la expresión de los genes estructurales.



Sistemas de regulación de genes

El proceso de activación de un operón tiene asociado un **gen regulador**.

- ★ **Regulación positiva:** Se necesita una proteína reguladora (situada en el operador) que active el promotor (para que la RNA-polimerasa inicie la transcripción).
 - **Regulación positiva por inducción:** Por defecto, la proteína reguladora (inductora) está inactiva. Se activa cuando se le une un **inductor**.
 - **Regulación positiva por represión:** Por defecto, la proteína reguladora (represora) está activa. Se inactiva cuando se le une un **repressor**.
- ★ **Regulación negativa:** El sistema se expresa, a menos que sea “desconectado” por una proteína represora.
 - **Regulación negativa con efectos inductores:** Por defecto, la proteína represora está activa. Se inactiva si se le une un **inductor** (**operón lactosa**).
 - **Regulación negativa con efectos represores:** Por defecto, la proteína represora está inactiva. Se activa si se le une un **correpresor** (**operón triptófano**).

Promotores de un operón

El inicio de la transcripción puede estar regulado por una proteína represora.

- ★ Ejemplo: la síntesis del triptófano en la bacteria E. coli.
 - La proteína represora necesita al triptófano para unirse al operador e inhibir el proceso.

Promotores de un operón:

- ★ **Fuerte**: en ausencia del represor, la tasa de unión de la RNA-polimerasa es muy alta.
- ★ **Débil**: en ausencia del represor, no son capaces de iniciar la transcripción por sí solos de forma efectiva.
 - Necesitan una proteína activadora.

El Operón Triptófano: Regulación negativa con efectos represores

Tiene cinco **genes estructurales**: trpE-trpD-trpC-trpB-trpA (¡en este orden!).

- ★ Las proteínas codificadas por estos genes actúan en la ruta metabólica de **síntesis del triptófano** (en el mismo orden en el que se encuentran los genes en el cromosoma).

El **promotor** y el **operator** están al lado de los genes estructurales

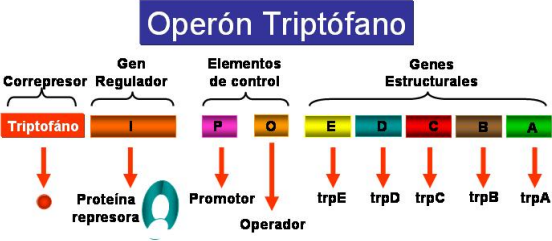
- ★ Primero el promotor, después el operador y, a continuación, los genes estructurales.

El **gen regulador** (trpR) codifica para la proteína reguladora.

- ★ Es un represor y se encuentra en otra región del cromosoma bacteriano, no muy lejos del operón.

Un **correpresor**: el propio triptófano (activa a la proteína represora).

Estructura del Operón Triptófano

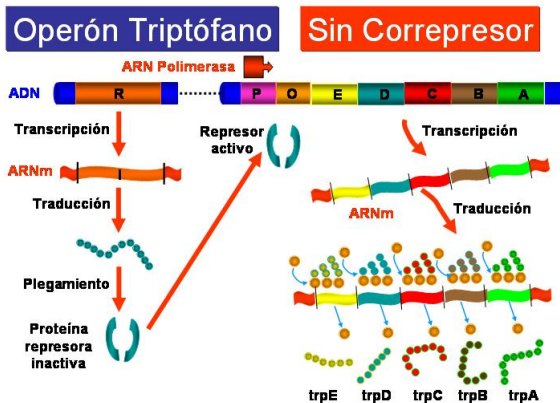


SITUACIÓN EN EL CROMOSOMA BACTERIANO



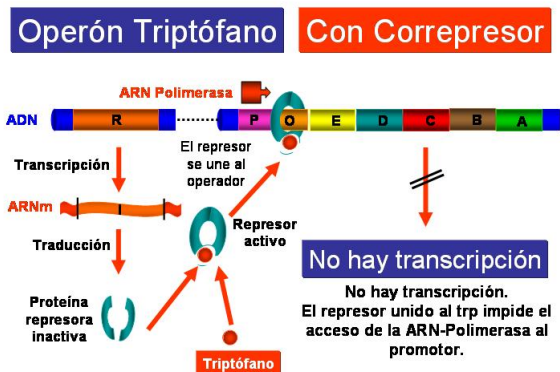
En **ausencia del triptófano** (o cuando hay muy poco):

- La proteína represora no es capaz de unirse al operador.
- Entonces la RNA-polimerasa se puede unir a la región promotora transcribiendo los genes del operón.



En **presencia del triptófano**:

- Éste se une a la proteína represora cambiando su conformación, propiciando la unión a la región operadora e impidiendo la acción de la RNA-polimerasa.
- No hay transcripción de los genes del operón triptófano.



El Operón Lactosa: Regulación negativa con efectos inductores

Estudios genéticos sobre el uso de la lactosa como fuente alimenticia (F. Jacob y J. Monod, 1960):

- Descripción del **primer modelo de regulación génica**.

Los **genes estructurales** del operón lactosa son los siguientes:

- El **gen z+** codifica la enzima **Lac Z**: cataliza la hidrólisis de la lactosa en glucosa más galactosa.
- El **gen y+** codifica la enzima **Lac Y**: transporta lactosa al interior a través de la membrana plasmática.
- El **gen a+** codifica la enzima **Lac A**: no parece estar relacionada con el metabolismo de la lactosa.

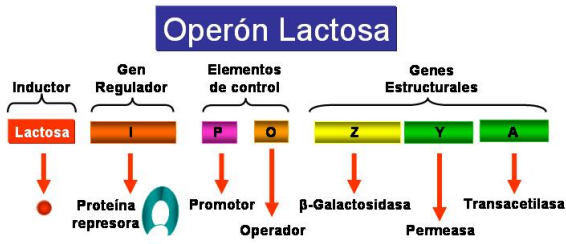
Promotor y **operador**: adyacentes a los genes estructurales

El **gen regulador** es el **gen i** que codifica la proteína reguladora (en este caso, represora): **Lacl** (compuesta de 300 aminoácidos).

El **inductor** del sistema es la lactosa (en realidad es la **alolactosa**, un derivado)

- La **alolactosa** inhibe la acción de la proteína represora uniéndose a una región del **Lacl**.

Estructura del Operón Lactosa



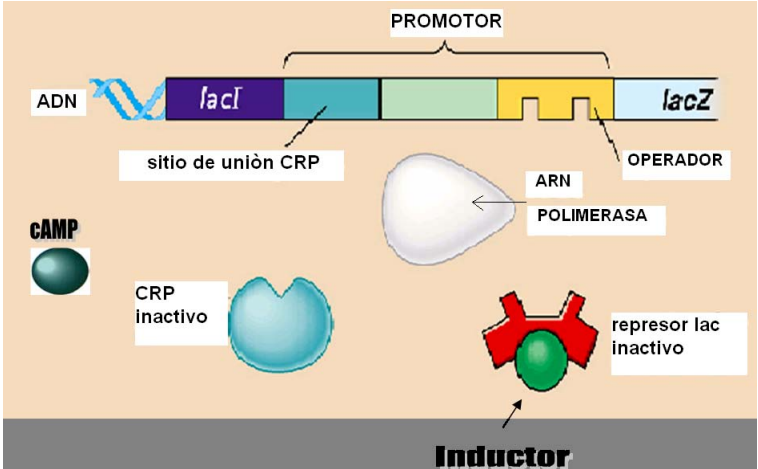
SITUACIÓN EN EL CROMOSOMA BACTERIANO



El Operón Lactosa. Represión

- * La proteína represora del operón lactosa se llama **Lacl** .
- * Parte de la molécula **Lacl** se une al operador impidiendo la unión de la RNA-polimerasa al promotor.
- * El **inductor** del sistema es la **alolactosa**, un derivado de la lactosa:
represor del represor.
 - ★ La **alolactosa** inhibe la acción de la proteína represora: se une a una región del **Lacl** cambiando su conformación, impidiendo que se una al operador.

Estructura del Operón Lactosa



El Operón Lactosa. Activación

- * La inhibición del represor **LacI** es condición necesaria pero no suficiente para la transcripción de los genes estructurales.
- * El complejo proteínico **CRP-cAMP** y su dímero **CRP-cAMP₂**: activador que propicia la unión de la RNA-polimerasa al promotor.
- * La presencia de glucosa en el medio inhibe la síntesis de dicho complejo proteínico: **represión catabólica**.
 - La molécula EIIA~P:
 - ★ Ayuda al transporte de la glucosa por el interior de la bacteria (en ese transporte, la glucosa es fosforilada).
 - ★ Activa la enzima AC que, a su vez, regula la producción de cAMP.
 - ★ Inhibe a la enzima LacY que transporta lactosa al interior de la bacteria.
 - En medios ricos en glucosa, los niveles de cAMP son bajos.
 - Cuando no hay glucosa en el medio, la molécula EIIA~P está libre y se sintetiza cAMP.
 - Cuando la E. coli crece en un medio sin glucosa pero rico en lactosa, los niveles de cAMP son altos: El cAMP se une a CRP y se dimeriza **CRP-cAMP₂**, propiciando la unión de la RNA-polimerasa al promotor.

Operón Lactosa en E. coli

Descubierto por F. Jacob y J. Monod, 1961 (Premio Nobel, 1965).

Mediante la degradación de la lactosa, las bacterias obtienen energía.

E. coli: capacidad de **seleccionar** la fuente de energía cuando hay varias.

- En un medio con glucosa, la E. coli prefiere a ésta como fuente de energía.
- Los operones que producen las enzimas necesarias para obtener energía de otros azúcares, están bloqueados.

El Operón lactosa está sujeto simultáneamente a una:

- **Regulación positiva por inducción:** el complejo **CRP-cAMP₂** activa la transcripción de los genes estructurales (si el operador no está reprimido por **Lacl**).
- **Regulación negativa con efecto inductor:** **Lacl** es un represor del operón que se inhibe en presencia del inductor, la **alolactosa**.

Operón Triptófano versus Operón Lactosa

Operón Triptófano:

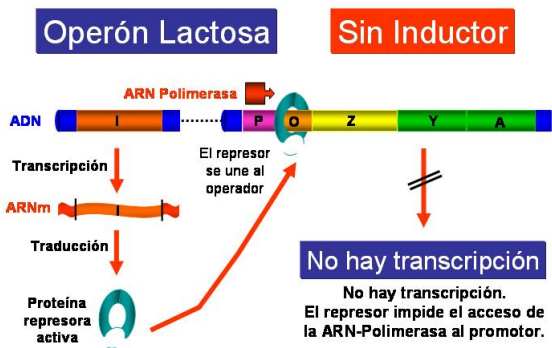
- La proteína represora sólo se unirá al operador cuando esté “activada” por un correpresor (triptófano).
- El promotor es fuerte ya que la expresión de los genes estructurales es alta en ausencia del represor “activado” .

Operón Lactosa:

- ★ La proteína represora sólo se puede unir al operador en ausencia de lactosa.
- ★ El promotor es débil ya que la transcripción está regulado por un represor (**LacI**) y un complejo activador (**CRP-cAMP₂**).
- ★ La presencia de **glucosa** en el medio inhibe la síntesis del complejo **CRP-cAMP₂**.

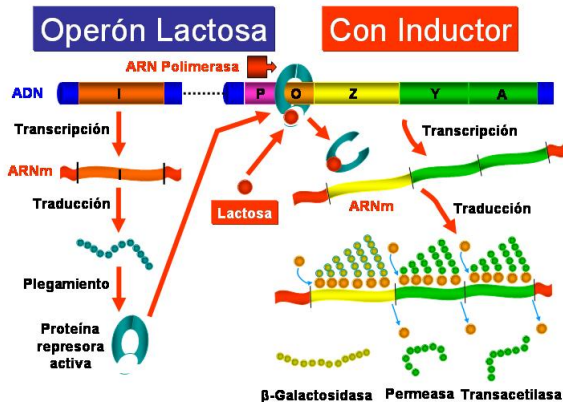
En ausencia de lactosa:

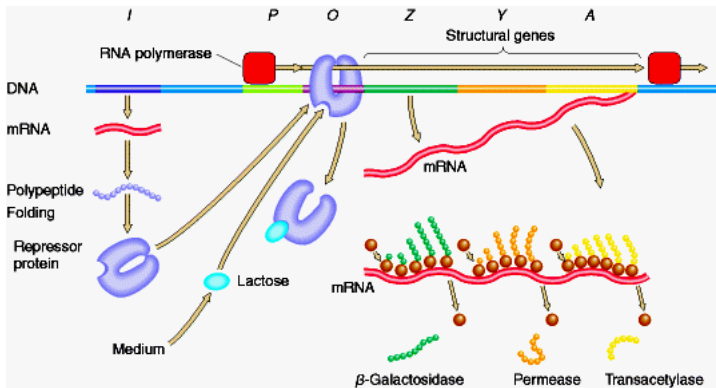
- La proteína represora se encuentra unida al operador e impide la unión de la RNAP a la región promotora.
- No se transcriben los genes estructurales (ahorro energético).



En presencia de lactosa:

- Ésta se une a la proteína reguladora que cambia su conformación y se suelta de la región operadora.
- La RNA-polimerasa se une a la región promotora y se transcriben los genes estructurales.





Transcripción del Operón Lactosa en E. Coli

- * Caso 1: Ausencia de glucosa y ausencia de lactosa.
 - * Existirán muchos complejos **CRP-cAMP₂** que asistirán a la RNA-polimerasa para que se una al promotor pero **NO se activará la transcripción** ya que el represor **Lacl** impedirá esa unión.
- * Caso 2: Presencia de glucosa y ausencia de lactosa.
 - * Existirá un bajo número de complejos **CRP-cAMP₂** pero **NO se activará la transcripción** ya que el represor **Lacl** impedirá la unión del complejo al operador.
- * Caso 3: Presencia de glucosa y presencia de lactosa.
 - * Existirá un bajo número de complejos **CRP-cAMP₂** pero ahora **SÍ** se activará la transcripción ya que el represor **Lacl** está inhibido por la presencia de la lactosa. Se producirá, pues, un **nivel bajo de transcripción** (en este caso, no se necesita degradar lactosa para obtener energía).
- * Caso 4: Ausencia de glucosa y presencia de lactosa.
 - * Existirán muchos complejos **CRP-cAMP₂** que asistirán a la RNA-polimerasa para que se una al promotor del operón y **SÍ** se activará la transcripción ya que el represor **Lacl** está inhibido. Se producirá un **nivel alto de transcripción**.

Operón Lactosa en E. coli: Modelo basado en sistemas de membranas (I)

En una bacteria E. coli existen dos regiones relevantes:

- La **superficie celular de la bacteria**: contiene un conjunto de proteínas que controlan el movimiento de las moléculas y detectan señales.
- El **lumen bacteriano** o interior acuoso de la bacteria: contiene una serie de proteínas involucradas en procesos celulares específicos.

En nuestro modelo vamos a considerar tres membranas:

- La primera está etiquetada por **s** y representa la superficie celular. Los objetos que describen las entidades moleculares asociadas a la membrana *s* se localizarán en esta región, así como las reglas que especifican los procesos de selección de sustancia del entorno y de señalización (receptor-sígnal).
- La segunda está etiquetada por **c**, está contenida en la membrana *s* y describe el medio acuoso del interior de la bacteria. Contiene los objetos y cadenas que especifican las proteínas y otras entidades moleculares situadas en dicho medio. Las reglas describen las interacciones que tienen lugar dentro de la bacteria. 0
- La tercera membrana está etiquetada por **e**, contiene a la membrana *s* y describe el medio externo (cultivo). Dependiendo de los recursos de azúcares, la E. coli exhibirá un comportamiento diferente. En nuestro modelo usaremos esta región para codificar esos recursos a través de la multiplicidad de ciertos objetos.

Nuestro modelo:

$$\Pi_{Lac} = (\Gamma, \{e, s, c\}, [[[]_c]_s]_e, \mathcal{M}_e, \mathcal{M}_s, \mathcal{M}_c, \mathcal{R}_e, \mathcal{R}_s, \mathcal{R}_c)$$

en donde:

- ★ El alfabeto Γ contiene los objetos que representan las entidades moleculares, proteínas, lugares del DNA y RNA involucrados en el sistema del operón lactosa: $\Gamma = \Gamma_{prot} \cup \Gamma_{dna} \cup \Gamma_{rna}$.
- ★ Las etiquetas $\{e, s, c\}$ identifican los tipos de compartimentos definidos por la estructura de membranas en Π_{Lac} : entorno, superficie celular y citoplasma.
- ★ Las estructura de membranas es lineal y consta de tres membranas: la primera representa al entorno (**e**), la segunda representa a la superficie celular (**s**), y la tercera al citoplasma (**c**).
- ★ Los multiconjuntos iniciales \mathcal{M}_e , \mathcal{M}_s y \mathcal{M}_c son parámetros de nuestro sistema de especificación Π_{Lac} .
- ★ Los conjuntos de reglas \mathcal{R}_e , \mathcal{R}_s y \mathcal{R}_c , están asociados a las regiones relevantes. Estas reglas describen las interacciones que tienen lugar en los compartimentos especificados.

$$\mathcal{R}_e = \{r_4, r_8\}$$

$$\mathcal{R}_s = \{r_2, r_3, r_5, r_6, r_9, r_{11}, r_{18}, r_{20}, r_{22}\}$$

$$\mathcal{R}_c = \{r_1, r_7, r_{10}, r_{12}, r_{13}, r_{14}, r_{15}, r_{16}, r_{17}, r_{19}, r_{21}, r_{23}, \dots, r_{55}\}$$

Entidades moleculares

Las proteínas y enzimas involucradas en la selección de azúcares del medio y en su metabolismo, serán representadas por **símbolos** de un alfabeto: Γ_{prot} .

- Por ejemplo, suponemos que las moléculas EIICB y β -galactosidasa son entidades sin estructura interna (en el modelo).

El alfabeto Γ_{prot} es el siguiente conjunto:

{EIIA, EIIA~P, EIICB, EIICB-EIIA~P, EIICB~P, Gluc, Gluc~P, EIICB~P-Gluc, Lact, LacY, Lact-LacY, LacA, AC, AC-EIIA, AC-EIIA~P, ATP, AC-EIIA~P-ATP, LacY-EIIA, β -Galac, Lact, β -Galac-Lact, Allolact, Lacl, Lacl-Alloct, CRP, CRP-cAMP, CRP-cAMP₂, RNAP}

Symbol	Molecule
EIICB EIICB~P	Glucose Transporter Enzyme IICB and its phosphorylated state
EIIA EIIA~P	Glucose Transporter Enzyme IIA and its phosphorylated state
EIICB-EIIA~P	Complex transporter enzymes IICB and phosphorylated IIA
Gluc Gluc~P	Glucose and its phosphorylated state
EIICB~P-Gluc	Complex transporter IICB phosphorylated and glucose
Lact	Lactose
LacY	Lactose permease
LacA	Lactose transacetylase
Lact-LacY	Complex lactose permease and lactose
LacY-EIIA	Complex lactose permease and transporter enzyme IIA
ATP cAMP	Adenosine triphosphate and cyclic adenosine monophosphate
AC	Adenylate Cyclase
AC-EIIA AC-EIIA~P AC-EIIA~P-ATP	ATP and AC complexes with and ATP
β -Galac β -Galac-Lact	β -Galactosidase and its complex with lactose
Allolact	Allolactose, the inducer
LacI LacI-Alloct	The lac repressor and its complex with allolactose
CRP CRP-cAMP CRP-cAMP ₂	cAMP Receptor Protein, the activator, its complex with cAMP and its dimer
RNAP	RNA polymerase

Representación de genes, RNAm y sitios

- Los genes que intervienen aparecen en una estructura lineal en donde el orden es esencial (orden en el que los genes son expresados).
- La estructura lineal de los genes y del RNAm serán especificadas a través de cadenas.
- Los sitios relevantes en el operón lactosa y en el RNAm serán representados usando símbolos de los alfabetos Γ_{dna} y Γ_{rna} , resp.

- El alfabeto Γ_{dna} es el siguiente conjunto:

$\{cap, cap^{CRP-cAMP_2}, op, op^{LacI}, lacZ_S, lacZ_M, lacZ_e, lacY_S, lacY_M, lacY_e, lacA_S, lacA_M, lacA_e\}$

- El alfabeto Γ_{rna} es el siguiente conjunto:

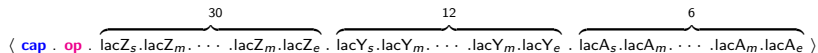
$\{Rib, \overline{op}, \overline{lacZ_S}, \overline{lacZ_M}, \overline{lacZ_e}, \overline{lacY_S}, \overline{lacY_M}, \overline{lacY_e}, \overline{lacA_S}, \overline{lacA_M}, \overline{lacA_e}\}$

Símbolos que indican los sitios relevantes

Symbol	Site
cap	Free CAP site where the activator CRP-cAMP ₂ binds
cap ^{CRP-cAMP₂}	CAP site occupied by the activator CRP-cAMP ₂ binds
op	Free operator site where the repressor LacI binds
op ^{LacI}	Operator site occupied by the repressor LacI binds
lacZ _s lacY _s lacA _s	Sites marking the start point of the lacZ, lacY and lacA gene respectively
lacZ _m lacY _m lacA _m	Sites located in the middle of the lacZ, lacY and lacA gene respectively
lacZ _e lacY _e	Sites located in the final point of the lacZ and lacY gene respectively.
lacA _e	Site marking the end of gene lacA which coincides with the transcription termination site of the lac operon
Rib	Ribosome Site
op	Site marking the starting point of the mRNA transcript
$\overline{\text{lacZ}}_s$ $\overline{\text{lacZ}}_e$ $\overline{\text{lacY}}_s$ $\overline{\text{lacY}}_e$ $\overline{\text{lacA}}_s$ $\overline{\text{lacA}}_e$	Sites marking the beginning and end of the reading frames in the mRNA for the genes lacZ, lacY and lacA respectively
$\overline{\text{lacZ}}_m$ $\overline{\text{lacY}}_m$ $\overline{\text{lacA}}_m$	Sites located in the middle of reading frames of lacZ, lacY and lacA gene respectively

Cadena que representa el operón lactosa en E. coli

La siguiente cadena representa el operón lactosa en E. coli:



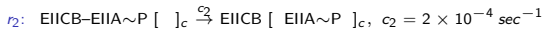
La RNA polimerasa ocupa alrededor de 100 nucleótidos. Por ello, cada símbolo $\langle \text{lacZ}_j \rangle$, $\langle \text{lacY}_j \rangle$ y $\langle \text{lacA}_j \rangle$ ($j = s, m, e$) representa una sucesión de 100 nucleótidos del correspondiente gen.

Se tienen 30 sitios lacZ, 12 lacY y 6 lacA que representan los 3000, 1200 y 600 nucleótidos de los correspondientes genes.

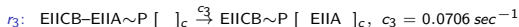
El lugar de enlace del **promotor** y el **operador** son representados por $\langle \text{cap} \rangle$ y $\langle \text{op} \rangle$, respectivamente.

Reglas que describen el transporte glucosa

La entrada de glucosa desde el entorno al citoplasma celular comienza con el reclutamiento de la proteína EIIA~P del citoplasma por parte de la proteína transmembrana EIICB (regla r_1): este proceso es reversible (regla r_2).

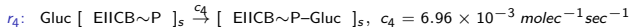


La proteína EIIA~P en la piel produce la fosforilización de EIICB y envía la molécula EIIA al citoplasma (regla r_3).



La proteína EIICB~P en la superficie celular enlaza con la glucosa transportándola a la la piel (regla r_4): este proceso es reversible (regla r_5).

Finalmente, la glucosa es transportada al interior de la bacteria (regla r_6), siendo fosforilada, Gluc~P.

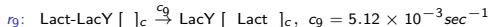
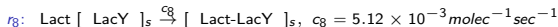


Reglas que describen el transporte de lactosa

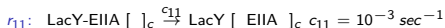
La entrada de lactosa desde el entorno al citoplasma celular comienza con la presencia de la permeasa LacY en la superficie celular. Aunque LacY es sintetizada en el citoplasma, ella se puede mover a la superficie celular (regla r_7).



La lactosa presente en el entorno enlaza con la permeasa Lac Y (regla r_8). Seguidamente, la lactosa es transportada Por Lac Y al citoplasma (regla r_9).



El transporte de la lactosa desde el exterior al citoplasma es **inhibido** por EIIA que enlaza a LacY produciendo el complejo LacY-EIIA (regla r_{10}): este proceso es reversible (regla r_{11})



La lactosa no puede enlazar con el complejo LacY-EIIA que impide el transporte de la lactosa al interior de la célula. +

La **presencia de glucosa** en el entorno:

- ★ Propicia la producción de EIIA en el citoplasma.
- ★ Las moléculas de EIIA inhibe a Lac Y.
- ★ Se inhibe la entrada de lactosa al sistema.

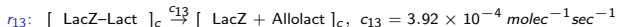
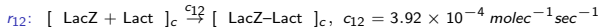
Reglas que describen la actividad de la β -Galactosidasa (**LacZ**)

La β -galactosidasa (**LacZ**) hidroliza la lactosa en glucosa y galactosa.

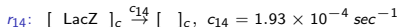
La producción de glucosa a partir de lactosa no es crucial en la regulación de la expresión de los genes en el operón lactosa (no lo consideramos en el modelo).

La producción de la **alolactosa** es un paso importante en la regulación ya que actúa como inductor.

- ★ La interacción entre **LacZ** y la lactosa produce un complejo en el citoplasma (regla r_{12}).
- ★ El complejo anterior produce **alolactosa** en el citoplasma (regla r_{13}).



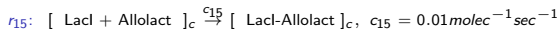
La maquinaria celular degrada la proteína **LacZ** en el citoplasma (regla r_{14}).



Reglas que describen la actividad de la Alolactosa

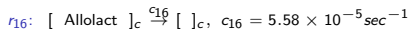
La Alolactosa es una señal de la presencia de lactosa en el entorno.

Actúa como inductor del sistema de regulación de genes del operón lactosa mediante la inhibición del represor, LacI, con una interacción directa (regla r_{15}).



Cuando la alolactosa se une al represor, éste cambia de conformación impidiendo su enlace con el operador del sistema.

La alolactosa se degrada también en el citoplasma (regla r_{16}).

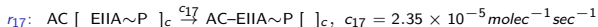


Reglas que describen la actividad de la molécula AC

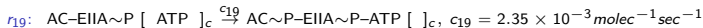
La molécula AC (Adenylate Cyclase) regula la producción de las moléculas de cAMP

- ★ La concentración de cAMP es inversamente proporcional a la concentración de glucosa en el entorno.

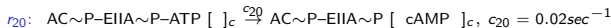
Para ello, la AC recluta del citoplasma a moléculas EIIA~P (regla r_{17}): este proceso es reversible (regla r_{18}).



El complejo AC-EIIA~P recluta ATP del citoplasma fosforilando AC (regla r_{19}).

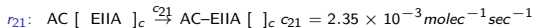


El complejo AC~P-EIIA~P-ATP produce cAMP en el citoplasma (regla r_{20}).



El número de moléculas de EIIA en el citoplasma es un indicador de la presencia de glucosa en el entorno.

Mecanismo de represión catabólica: El enlace de EIIA con AC en la membrana celular, inhibe la producción de cAMP (regla r_{21}): este proceso es reversible (regla r_{22}).



La represión de la actividad de AC impide la producción de cAMP y del activador CRP-cAMP₂; es decir, se inhibe la activación del operón lactosa.

Reglas que describen la formación del activador CRP-cAMP₂

La proteína CRP interactúa con cAMP en el citoplasma produciendo el complejo CRP-cAMP (regla r_{23}). Éste formará un dímero CRP-cAMP₂ (regla r_{24}).



El dímero CRP-cAMP₂ permite incrementar la tasa de transcripción de los genes codificados en el operón lactosa (propiciando la unión de la RNA-polimerasa al promotor).

Reglas que describen la **activación** y **represión** del operón lactosa

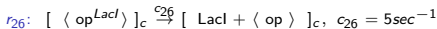
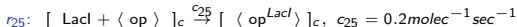
La tasa de transcripción del operón lactosa viene determinada por el estado de un **switch** que lo integra:

- ★ El sitio del **promotor**, $\langle \text{cap} \rangle$, donde enlaza el activador.
- ★ El sitio del **operador**, $\langle \text{op} \rangle$, en donde enlaza el represor.

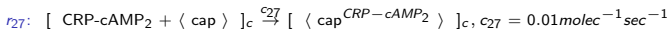
Posibles configuraciones del switch:

- ★ $\langle \text{cap.op} \rangle$
- ★ $\langle \text{cap.op}^{LacI} \rangle$
- ★ $\langle \text{cap}^{CRP-cAMP_2} . \text{op} \rangle$ y
- ★ $\langle \text{cap}^{CRP-cAMP_2} . \text{op}^{LacI} \rangle$.

En ausencia de lactosa, LacI se activará y enlazará con el operador inhibiendo la transcripción del operón lactosa (regla r_{25}). Ocasionalmente LacI se cae del operador permitiendo la producción basal de proteínas (regla r_{26}).



En ausencia de glucosa, hay un gran número de moléculas cAMP que producirán muchos activadores, CRP-cAMP₂ que enlazarán con el promotor (regla r_{27}). Ocasionalmente, CRP-cAMP₂ puede caer del promotor (regla r_{28}).

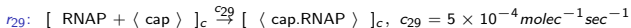


Reglas que describen el comienzo de la transcripción en el operón lactosa

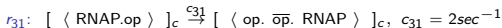
Primer paso: el enlace de la ARN polimerasa (RNAP) al lac operon switch.

La afinidad entre el lac operon switch y la RNAP depende de la configuración del switch.

- Por una parte, cuando el sitio del promotor, $\langle \text{cap} \rangle$, está libre, la RNAP rara vez enlaza con el promotor y se produce una tasa de transcripción basal (rule r_{29}).
- Por otra parte, cuando el activador CRP-cAMP₂ ocupa el CAP site, $\langle \text{cap}^{\text{CRP-cAMP}_2} \rangle$, se produce un incremento en la tasa de transcripción de aproximadamente 40 veces (regla r_{30}).



La RNAP inicia la transcripción produciendo los nucleótidos complementarios del operador $\langle \overline{\text{op}} \rangle$ (regla r_{31}). El sitio $\langle \overline{\text{op}} \rangle$ marca el comienzo de la transcripción de un mRNA.



Tras aplicar la regla r_{31} la subcadena $\langle \text{op} \rangle$ queda libre y otra RNAP puede comenzar la transcripción (incluso antes de que la primera RNAP acabe de transcribir el operón).

Por tanto, estamos simulando la transcripción por diferentes RNAP como un proceso concurrente.

Reglas que describen la **elongación** del RNAm en el operón lactosa

Al principio de la elongación del RNAm, la RNAP se mueve a lo largo del gen lacZ transcribiéndolo en RNAm.

- ★ En primer lugar, transcribe $\langle \text{lacZ}_s \rangle$ y une los complementarios $\langle \overline{\text{lacZ}_s} \rangle$ al RNAm (regla r_{32}).

$$r_{32}: [\langle \overline{\text{op. RNAP. lacZ}_s} \rangle]_c \xrightarrow{c_{32}} [\langle \text{lacZ}_s.\overline{\text{op. lacZ}_s}.\text{RNAP} \rangle]_c, c_{32} = 2\text{sec}^{-1}$$

$\langle \overline{\text{lacZ}_s} \rangle$ representa el sitio RBS para este gen. Una vez producido, la traducción puede comenzar, incluso antes de que finalice la transcripción. En nuestra simulación, ambos procesos tienen lugar en paralelo.

Durante la transcripción se produce una cadena complementaria de RNAm, descrita por la producción de $\langle \overline{\text{lacZ}_m} \rangle$ que se une al RNAm representado por la subcadena $\langle \overline{\text{op.w}} \rangle$, $w \in \Gamma_{ma}^*$, y $\langle \text{lacZ}_m \rangle$ se queda atrás (regla r_{33}).

$$r_{33}: [\langle \overline{\text{op.w.RNAP.lacZ}_m} \rangle]_c \xrightarrow{c_{33}} [\langle \text{lacZ}_m.\overline{\text{op.w. lacZ}_m}.\text{RNAP} \rangle]_c, c_{33} = 2\text{sec}^{-1}$$

Cuando la RNAP alcanza el final del gen LacZ une $\langle \overline{\text{lacZ}_e} \rangle$ a la subcadena $\langle \overline{\text{op.w}} \rangle$, $w \in \Gamma_{ma}^*$, que describe el crecimiento del RNAm (regla r_{34}).

$$r_{34}: [\langle \overline{\text{op.w.RNAP.lacZ}_e} \rangle]_c \xrightarrow{c_{34}} [\langle \text{lacZ}_e.\overline{\text{op.w. lacZ}_e}.\text{RNAP} \rangle]_c, c_{34} = 2\text{sec}^{-1}$$

$\langle \overline{\text{lacZ}_e} \rangle$ representa un sitio de final de la traducción. Cuando los ribosomas alcanzan este sitio, se disocian dejando libre la proteína β -galactosidasa codificada por lacZ.

Las siguientes reglas describen la transcripción de los genes lacY y lacA, de forma similar al caso del gen lacZ.

$$r_{35}: [\langle \overline{\text{op.w. RNAP. lacY}_s} \rangle]_c \xrightarrow{c_{35}} [\langle \text{lacY}_s.\overline{\text{op.w. lacY}_s}.\text{RNAP} \rangle]_c, c_{35} = 2\text{sec}^{-1}$$

$$r_{36}: [\langle \overline{\text{op.w. RNAP. lacY}_m} \rangle]_c \xrightarrow{c_{36}} [\langle \text{lacY}_m.\overline{\text{op.w. lacY}_m}.\text{RNAP} \rangle]_c, c_{36} = 2\text{sec}^{-1}$$

$$r_{37}: [\langle \overline{\text{op.w. RNAP. lacY}_e} \rangle]_c \xrightarrow{c_{37}} [\langle \text{lacY}_e.\overline{\text{op.w. lacY}_e}.\text{RNAP} \rangle]_c, c_{37} = 2\text{sec}^{-1}$$

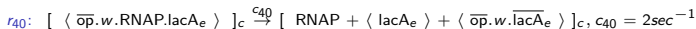
$$r_{38}: [\langle \overline{\text{op.w. RNAP. lacA}_s} \rangle]_c \xrightarrow{c_{38}} [\langle \text{lacA}_s.\overline{\text{op.w. lacA}_s}.\text{RNAP} \rangle]_c, c_{38} = 2\text{sec}^{-1}$$

$$r_{39}: [\langle \overline{\text{op.w. RNAP. lacA}_m} \rangle]_c \xrightarrow{c_{39}} [\langle \text{lacA}_m.\overline{\text{op.w. lacA}_m}.\text{RNAP} \rangle]_c, c_{39} = 2\text{sec}^{-1}$$

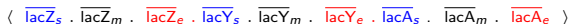
Regla que describe el final de la transcripción del operón lactosa

La transcripción del operón lactosa finaliza cuando la RNAP alcanza el sitio de terminación de la transcripción del último gen lac A: ese sitio está representado por la cadena $\langle \overline{\text{lacA}_e} \rangle$.

Cuando la RNAP alcanza este sitio, enlaza los ribonucleótidos, $\langle \overline{\text{lacA}_e} \rangle$ al RNAm $\langle \overline{\text{op.w.}} \rangle$, $w \in \Gamma_{rna}^*$, y lo disocia del operón, liberando el RNAm, $\langle \overline{\text{op.w.}} \overline{\text{lacA}_e} \rangle$ (regla r_{40}).



La molécula de RNAm producida se describe en nuestro modelo como sigue:

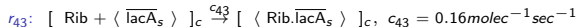


Los RBS de los genes lac Z, lac Y y lac A son $\langle \overline{\text{lacZ}_s} \rangle$, $\langle \overline{\text{lacY}_s} \rangle$ y $\langle \overline{\text{lacA}_s} \rangle$.

Los lugares de terminación de la traducción de lac Z, lac Y y lac A son $\langle \overline{\text{lacZ}_e} \rangle$, $\langle \overline{\text{lacY}_e} \rangle$ y $\langle \overline{\text{lacA}_e} \rangle$.

Reglas que describen el inicio de la traducción

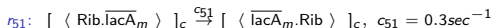
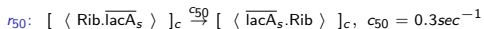
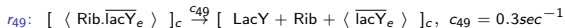
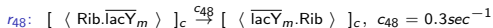
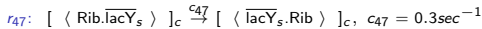
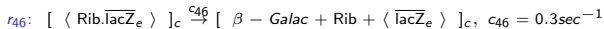
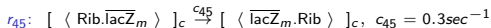
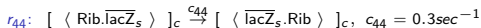
La traducción correspondiente a los genes *lac Z*, *lac Y* y *lac A* comienza cuando los ribosomas, Rib, reconocen los respectivos RBS, representados por $\langle \overline{\text{lacZ}}_s \rangle$, $\langle \overline{\text{lacY}}_s \rangle$ y $\langle \overline{\text{lacA}}_s \rangle$ (reglas r_{41} , r_{42} y r_{43}).



Reglas que describen la traducción y la disociación de los ribosomas

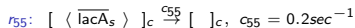
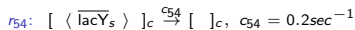
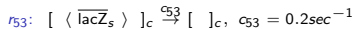
Durante la traducción, los ribosomas se mueven a lo largo de los sitios $\langle \overline{\text{lacZ}}_m \rangle$, $\langle \overline{\text{lacY}}_m \rangle$, $\langle \overline{\text{lacA}}_m \rangle$ del RNAm: elongación de la traducción (reglas r_{44} , r_{45} , r_{47} , r_{48} , r_{50} y r_{51}).

Cuando los ribosomas alcanzan los respectivos lugares de terminación, $\overline{\text{lacZ}}_e$, $\overline{\text{lacY}}_e$, $\overline{\text{lacA}}_e$, se disocian del RNAm dejando libre las proteínas β -galactosidase, Lac Y or Lac A, disociándose los ribosomas (reglas r_{46} , r_{49} y r_{52}).



Reglas que describen la degradación del RNAm

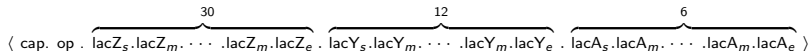
El RNAm se degrada cuando ciertas enzimas enlazan con los respectivos RBS, $\langle \overline{\text{lacZ}}_s \rangle$, $\langle \overline{\text{lacY}}_s \rangle$, $\langle \overline{\text{lacA}}_s \rangle$, y los eliminan. Con ello, evitan que nuevos ribosomas inicien la traducción (reglas r_{53} , r_{54} y r_{55}).



Parámetros del sistema: escenarios a estudiar

Parámetros de nuestro sistema de especificación $\mathcal{P}(\Pi_{Lac})$: los multiconjuntos iniciales y las constantes estocásticas asociadas a las reglas.

- En nuestro caso, las constantes estocásticas tendrán unos valores fijos (de un conjunto C).
- Los multiconjuntos iniciales constituyen los parámetros actuales del sistema: especificaremos el número de objetos y cadenas presentes inicialmente en cada compartimento.
- Analizaremos cuatro posibles escenarios iniciales en el entorno $\mathcal{M}_e^1, \mathcal{M}_e^2, \mathcal{M}_e^3, \mathcal{M}_e^4$.
 - ★ Ausencia de glucosa y de lactosa en el entorno: $\mathcal{M}_e^1 = \{\lambda, \lambda\}$.
 - ★ Abundancia de glucosa y ausencia de lactosa en el entorno: $\mathcal{M}_e^2 = \{\text{Gluc}^{300000}, \lambda\}$.
 - ★ Ausencia de glucosa y abundancia de lactosa en el entorno: $\mathcal{M}_e^3 = \{\text{Lact}^{300000}, \lambda\}$.
 - ★ Abundancia de glucosa y de lactosa en el entorno: $\mathcal{M}_e^4 = \{\text{Gluc}^{300000}, \text{Lact}^{300000}\}$.
- Analizaremos un sólo escenario en la superficie celular, dado por \mathcal{M}_s .
 - ★ $\mathcal{M}_s = \{\text{EIICB}^{2500}, \text{EIICB} \sim p^{15000}, \text{AC}^{10000}, \text{LacY}^{3000}\}$.
- Analizaremos un sólo escenario en el citoplasma, dado por $\mathcal{M}_c = \{w_3, s_3\}$; en donde $w_3 = \{\text{RNAP}^{300}, \text{Rib}^{3000}, \text{EIIA}^{2000}, \text{EIIA} \sim p^{13000}, \text{ATP}^{1000000}, \beta - \text{Galac}^{3000}, \text{LacI}^{1500}, \text{CRP}^{10000}\}$, y s_3 la cadena inicial que representa el operón lactosa:



Escenarios a estudiar

Los modelos de computación que corresponden a los distintos escenarios son:

1. $\Pi_{Lac}^{(1)} = (\Pi_{Lac}; \{\mathcal{M}_e^1, \mathcal{M}_s, \mathcal{M}_c\}, C)$: Ausencia de glucosa y de lactosa.
2. $\Pi_{Lac}^{(2)} = (\Pi_{Lac}; \{\mathcal{M}_e^2, \mathcal{M}_s, \mathcal{M}_c\}, C)$: Abundancia de glucosa y ausencia de lactosa.
3. $\Pi_{Lac}^{(3)} = (\Pi_{Lac}; \{\mathcal{M}_e^3, \mathcal{M}_s, \mathcal{M}_c\}, C)$: Ausencia de glucosa y abundancia de lactosa.
4. $\Pi_{Lac}^{(4)} = (\Pi_{Lac}; \{\mathcal{M}_e^4, \mathcal{M}_s, \mathcal{M}_c\}, C)$: Abundancia de glucosa y de lactosa.

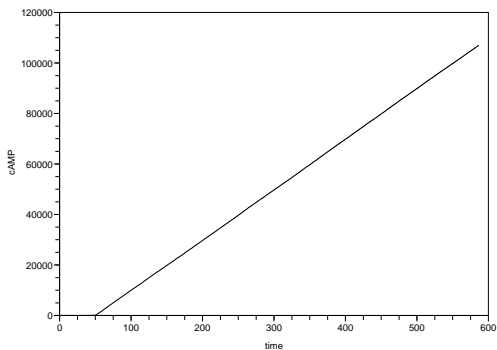
Los experimentos virtuales han sido llevados a cabo usando un **simulador ad-hoc**, que se ha diseñado a partir de una implementación del **algoritmo determinista de tiempo de espera**.

Análisis de la regulación de genes en el operón lactosa (I)

$\Pi_{Lac}^{(1)}$: comportamiento del sistema sin glucosa y sin lactosa en el entorno

Si **no hay glucosa** en el medio externo, las moléculas EIIA~P no serán consumidas y, por ello, las moléculas AC sobre la superficie celular pueden ser activadas.

Entonces, las moléculas AC propicia la producción de un elevado número de moléculas cAMP, como se observa en la siguiente figura:



Recuérdese que, a su vez, las moléculas cAMP dan lugar a la producción del activador CRP-cAMP₂ que se acopla al promotor, asistiendo a la RNAP para que enlace con el promotor.

Análisis de la regulación de genes en el operón lactosa (I)

$\Pi_{Lac}^{(1)}$: comportamiento del sistema sin glucosa y sin lactosa en el entorno

Si **no hay lactosa** en el medio externo, no se producirá alolactosa en el citoplasma y, por tanto, el represor LacI estará activo y se acoplará al operador.

En este escenario, nuestro simulador proporciona la descripción de un estado característico del operón lactosa, mediante una cierta cadena:

```
cap-CRP-cAMP_2 RNAP op-LacI lacZ_s lacZ_m -op Rib
-lacZ_s -lacZ_m RNAP lacZ_m lacZ_m lacZ_m lacZ_m
lacZ_m lacZ_m lacZ_m -op Rib -lacZ_s -lacZ_m -lacZ_m
-lacZ_m -lacZ_m -lacZ_m -lacZ_m -lacZ_m -lacZ_m RNAP
lacZ_m lacZ_m lacZ_m lacZ_m lacZ_m lacZ_m lacZ_m lacZ_m
lacZ_m lacZ_m lacZ_m lacZ_m lacZ_m lacZ_m lacZ_m lacZ_m
lacZ_m lacZ_m lacZ_m lacZ_m lacZ_m lacZ_m lacZ_m lacZ_e
lacY_s lacY_m lacY_m lacY_m lacY_m lacY_m lacY_m lacY_m
lacY_m lacY_m lacY_m lacY_m lacY_e lacA_s lacA_m lacA_m
lacA_m lacA_m lacA_e
```

(1)

Obsérvese que el activador CRP-cAMP₂ está en el promotor, listo para asistir a la RNAP a fin de “atravesar” el operador e iniciar el proceso de transcripción (siempre que la proteína represora, LacI, no bloquee al operador).

En esta situación, la configuración del lac operon switch será $\langle \text{cap}^{\text{CRP-cAMP}_2} \cdot \text{RNAP} \cdot \text{op}^{\text{LacI}} \rangle$

En resumen, **en este escenario sin glucosa ni lactosa en el entorno:**

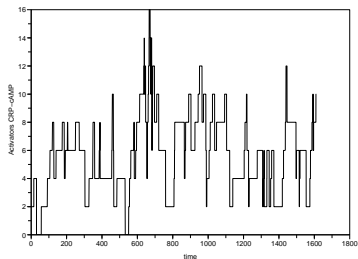
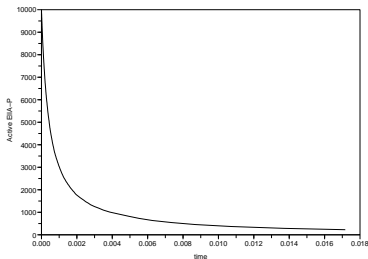
★ **O bien no hay transcripción, o bien ésta se produce a niveles bajos.**

Sentido fisiológico: al no haber azúcar en el entorno, la bacteria podría responder de manera rápida a la presencia de lactosa (para “sobrevivir”).

Análisis de la regulación de genes en el operón lactosa (II)

$\Pi_{Lac}^{(2)}$: comportamiento del sistema con abundante glucosa y sin lactosa en el entorno

Si hay **abundante glucosa** en el medio externo, se reclutará un elevado número de moléculas EIIA y, con ello, las moléculas AC producirán pocas moléculas de cAMP: disminución importante en el número de activadores.



Si **no hay lactosa** en el medio externo, no se producirá lactosa en el citoplasma y el represor LacI estará activo, enlazándose al operador del operón.

En esta situación, la configuración del lac operon switch será $\langle \text{cap.op}^{\text{LacI}} \rangle$.

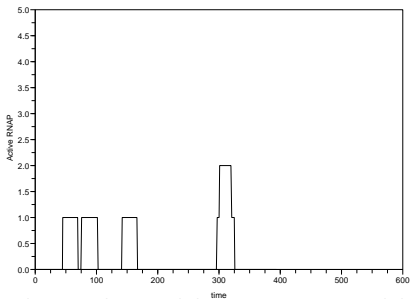
Análisis de la regulación de genes en el operón lactosa (II)

$\Pi_{Lac}^{(2)}$: comportamiento del sistema con abundante glucosa y sin lactosa en el entorno

En resumen, **en este escenario con abundante glucosa y sin lactosa en el entorno:**

- ★ O bien no hay transcripción, o bien ésta se produce a niveles muy bajos.

En la siguiente figura se observa el bajo número de ARNP que están "activas".



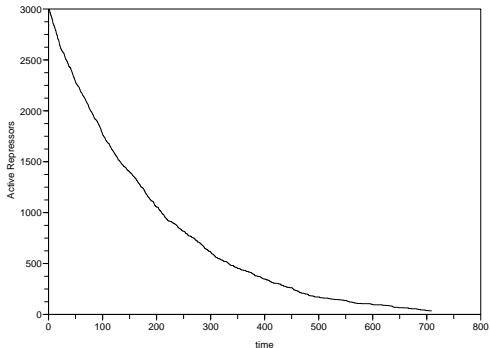
Sentido fisiológico: al haber glucosa en el entorno, la bacteria tiene poca necesidad de metabolizar lactosa.

Análisis de la regulación de genes en el operón lactosa (III)

$\Pi_{Lac}^{(3)}$: comportamiento del sistema sin glucosa pero con abundante lactosa en el entorno

Si hay **abundante lactosa** en el medio externo entonces, con la ayuda de la proteína LacY, la lactosa será transportada al citoplasma, en donde la proteína LacZ (β -galactosidasa) la “transformará” en **Alolactosa**, la cuál actuará inhibiendo a la proteína represora LacI.

En la siguiente figura se puede observar cómo disminuye el número de proteínas represoras que están activas.

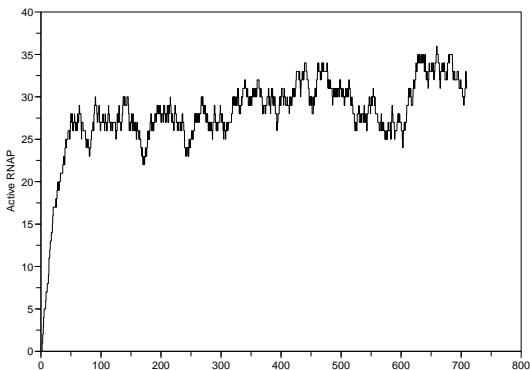


Análisis de la regulación de genes en el operón lactosa (III)

$\Pi_{Lac}^{(3)}$: comportamiento del sistema sin glucosa pero con abundante lactosa en el entorno

Si **no hay glucosa** en el medio externo, entonces se producirá un incremento en la producción de activadores CRP-cAMP₂ que asistirán a la ARNP a “atravesar” el operador.

En esta situación, la configuración del lac operon switch será $\langle \text{cap}^{\text{CRP-cAMP}_2} \text{.op} \rangle$, y el número de RNAP que están transcribiendo el operón se incrementará de manera ostensible, como se observa en la siguiente figura:

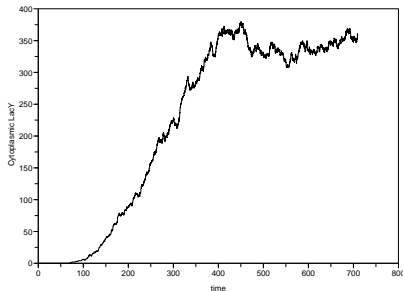
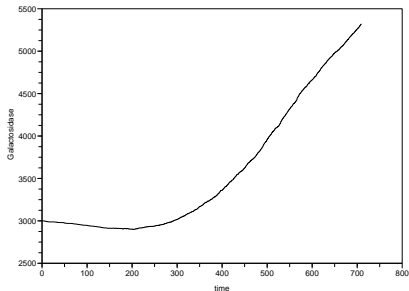


Análisis de la regulación de genes en el operón lactosa (III)

$\Pi_{Lac}^{(3)}$: comportamiento del sistema sin glucosa pero con abundante lactosa en el entorno

Así pues, si **no hay glucosa** pero sí **abundante lactosa** en el medio externo, entonces el operón lactosa será, a la vez, **inducido** (la proteína represora no se unirá al operador) y **activado** (el activador se acoplará al promotor).

- Esto provocará un incremento en el número de proteínas LacZ (β -galactosidasa) y LacY, como se observa en la siguiente figura:



En resumen, **en este escenario** sin glucosa pero con con abundante lactosa en el entorno:

- ★ Hay transcripción a niveles muy elevados.

Sentido fisiológico: aunque no haya "azúcar del bueno" (glucosa) en el entorno, la bacteria se contenta con metabolizar lactosa en grandes cantidades (por aquello de "a falta de pan ...").

Análisis de la regulación de genes en el operón lactosa (IV)

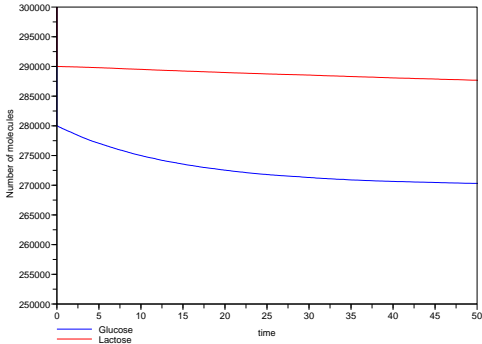
$\Pi_{Lac}^{(4)}$: comportamiento del sistema con abundante glucosa y abundante lactosa en el entorno

Por una parte, si hay **abundante glucosa** en el medio externo, entonces se producirá una disminución importante en el número de activadores.

Por otra, si hay **abundante lactosa** en el medio externo, entonces se producirá mucha **Alolactosa**, impidiendo que la proteína represora LacI se una al operador.

En esta situación, la configuración del lac operon switch será $\langle \text{cap.op} \rangle$.

Por tanto, se producirán bajos niveles de transcripción y poca lactosa será transportada al interior de la bacteria ya que, para ello, necesita a la proteína LacY. Así pues, el número de moléculas de glucosa en el entorno irá decreciendo mientras que el de lactosa permanecerá casi constante, como se observa en la siguiente figura:



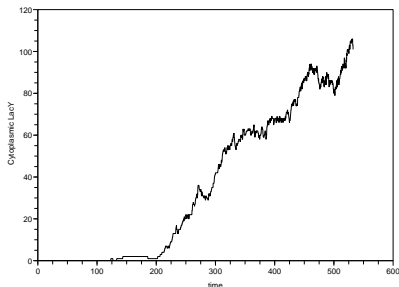
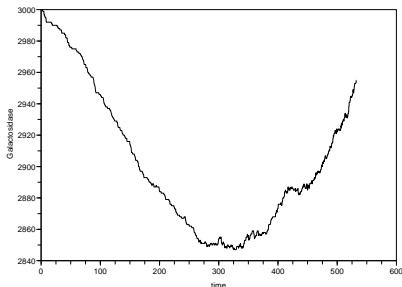
Análisis de la regulación de genes en el operón lactosa (IV)

$\Pi_{Lac}^{(4)}$: comportamiento del sistema con abundante glucosa y abundante lactosa en el entorno

En resumen, **en este escenario** con abundante glucosa y abundante lactosa en el entorno:

★ **O bien no hay transcripción, o bien ésta se produce a niveles muy bajos.**

En consecuencia, a partir de un determinado momento, el número de proteínas LacZ (β -galactosidasa) y LacY comenzarán a crecer lentamente.



Sentido fisiológico: mientras la bacteria disponga de glucosa, no tendrá que metabolizar lactosa. Ahora bien, si hay lactosa en el entorno, la bacteria recurrirá a ella para tener "reservas energéticas" en el "granero".