



## Análisis de expresión diferencial en Fermentación sólida frente a Fermentación líquida por *T. polyzona*.

F. Callejas-Hernández<sup>1</sup>, A. Téllez-Jurado<sup>1</sup>, S.A. Medina-Moreno<sup>1</sup>, C.R. Muro-Urista<sup>2</sup>, A. Arana-Cuenca<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Biotecnología/Laboratorio de Microbiología Molecular, Universidad Politécnica de Pachuca, Carretera Pachuca-Cd. Sahagún, km 20, Ex-Hacienda de Santa Bárbara, Municipio de Zempoala, Hidalgo, Tel. (01 771) 547 75 10 e-mail: ainhoa@upp.edu.mx

<sup>2</sup>Departamento de Ingeniería Química, Instituto Tecnológico de Toluca, Av. Tecnológico s/n ExRancho la Virgen, Toluca, CP 52140

**Palabras clave:** *T. polyzona*, expresión diferencial, Fermentación Sólida.

**Introducción.** La fisiología de los microorganismos crecidos en fermentación sólida (FES) es bien conocida así como las ventajas de su uso, sin embargo la información sobre el comportamiento genético en este sistema fermentativo es limitada, (1). Las ventajas de control fisicoquímico en fermentación líquida (FEL), ha permitido el diseño de Biorreactores de gran capacidad para el sector industrial principalmente en la producción de ácidos orgánicos, fármacos, enzimas etc., sin embargo en la mayoría de los casos se recurre a la ingeniería genética para contrarrestar el estrés natural que supone para el microorganismo crecer en condiciones de humedad del 100% (2). Las diferentes condiciones de cultivo de estos dos sistemas de fermentación pueden alterar la expresión de varios genes así como afectar al crecimiento, desarrollo y producción de enzimas (3).

El objetivo del trabajo fue estudiar los genes expresados diferencialmente en Fermentación en Estado Sólido frente a Fermentación en Estado Líquido con igualdad de condiciones nutrimentales mediante la obtención de librerías substractivas para determinar el comportamiento genético de *Trametes polyzona*

### Metodología

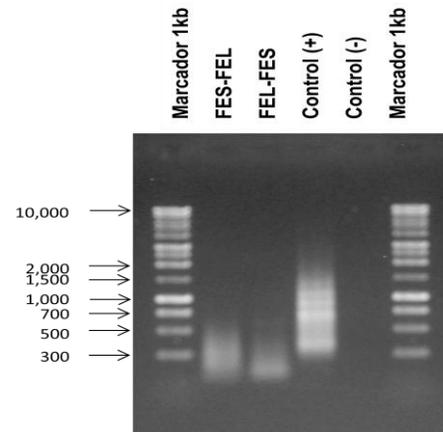
Se empleó agrolita como soporte inerte de crecimiento en FES y xilano de abedul como fuente de carbono.



### Resultados.

Se determinó el día 5 como el día de mayor actividad enzimática (ligninocelulósica) en ambos sistemas de fermentación y se extrajo el ARN total, posteriormente se purificó el ARNm y se realizó el análisis de expresión diferencial (DD).

Se obtuvieron fragmentos de la librería substractiva FEL-FEL de 300 a 700 pb (Figura 1).



**Figura 1.** Resultado del DD por *T. polyzona*.

Se realizó la clonación de la librería substractiva y la secuenciación de los clones positivos, obteniendo un total de 42 secuencias, se buscaron similitudes en las bases de datos de Uniprot ([www.uniprot.org](http://www.uniprot.org)) mediante Blastx (Basic Local Alignment Search Tool) y en National Center of Biotechnological Information (NCBI) para buscar dominios conservados

### Conclusiones.

Se determinó la presencia de factores de transcripción y crecimiento en FES lo que puede representar la respuesta a las ventajas y popularidad de este sistema sobre FEL.

La expresión genética diferencial encontrada en este trabajo puede contribuir a entender el comportamiento metabólico de *T. polyzona* una vez comprobada la función de los genes de la librería.

**Agradecimiento.** Este trabajo fue realizado gracias al financiamiento del proyecto con clave CB-2011-16935 y a la beca de Maestría con el número de registro 279095 de CONACYT.

### Bibliografía.

- 1.- Viniestra-González, G. y Favela-Torres, E. (2006). *Food Technol. Biotechnol.* Vol. 44(3):397-406.
- 2.- Yanjun Li, Xiaowei P., and Hongzhang C. (2013). *Journal of Bioscience and Bioengineering.* Vol. 4; 116-121.
- 3.- Barrios-González J. (2012). *Process Biochemistry.* Vol 47:175-185.