



MODULACIÓN DE LA SUPERÓXIDO DISMUTASA EN CONIDIOS DE *Metarhizium anisopliae* POR CONCENTRACIONES DE OXÍGENO EN EL CULTIVO

Nohemí García¹; Saúl Tlecuil²; Ernesto Favela¹; Octavio Loera¹

¹ Universidad Autónoma Metropolitana-Iztapalapa, Depto. Biotecnología. CP 09340, México, D.F.

² Universidad Politécnica de Tlaxcala, Programa Educativo de Ing. en Biotecnología C.P. 90180, México, Tlaxcala
nohemi_gar.o@hotmail.com

Palabras clave: oxígeno enriquecido, superóxido dismutasa, estrés oxidante

Introducción. El hongo *Metarhizium anisopliae* se considera una alternativa para el control de plagas agrícolas. Las Especies Reactivas de Oxígeno (ERO) que se producen en el metabolismo de células activas provoca un estrés oxidante, cuando las ERO sobrepasan las defensas antioxidantes, resultando en la degeneración genética y la disfunción fisiológica. Las defensas incluyen una serie de enzimas como la superóxido dismutasa (SOD), que se sobregulan en respuesta a la exposición a ERO [1].

El objetivo de este estudio fue determinar el efecto de distintas concentraciones de O₂ en cultivos sobre la actividad superóxido dismutasa (A.SOD) en conidios de *M. anisopliae*.

Metodología. Se usó la cepa *M. anisopliae* CP-OAX crecida en botellas serológicas, a partir de las 60 h y se sometieron a recambios de la atmósfera cada 24 h con O₂ a distintas concentraciones (16, 21, 30 y 40%). Se cosecharon los conidios a diferentes tiempos y se rompieron en un disruptor de células, posteriormente se midió la A.SOD utilizando un Kit comercial que utiliza como principio la formación del anión superóxido (O₂⁻) y se midió la absorbancia a 415 nm. Al mismo tiempo se midió la concentración de proteína soluble por el método de Bradford, la reacción se midió a 595 nm, finalmente la A.SOD se reportó como U µg⁻¹ proteína.

Resultados. La A.SOD en los conidios de *M. anisopliae*, antes de aplicar el primer pulso con la concentración de O₂ a probar, fue 0.039 ± 0.006 U µg⁻¹ de proteína, 24 h después, una vez que ya se habían aplicado los tratamientos se encontró que la A.SOD incrementó un 39.4 % con respecto al día anterior, aunque las actividades no difirieron de lo encontrado con la AN (p>0.05). A las 108 h la A.SOD incrementó un 66.9 % (p<0.05) en los conidios obtenidos con 40% de O₂ con respecto a la AN, a su vez a las 132 y 156 h la A.SOD incrementó un 30.2 y 106.2 % (p<0.05) respecto a la AN, y hasta 90.8 y 202.2 % con respecto a la actividad inicial. Posiblemente, el O₂ que difunde a la célula antes de la diferenciación de micelio a conidio (60 h de cultivo) eleva la concentración ERO (como O₂⁻) y por ende la A.SOD.

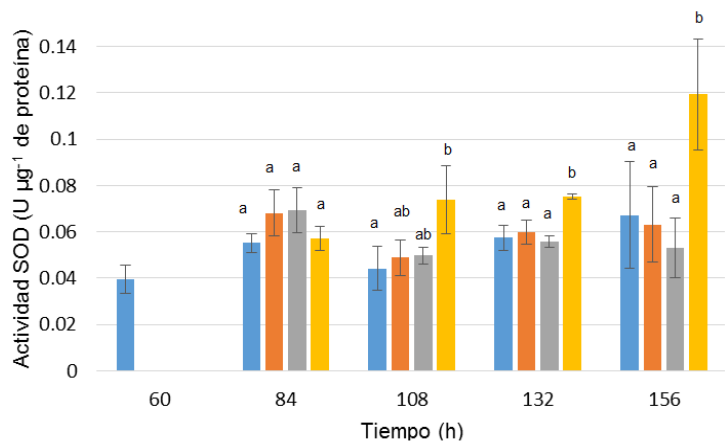


Fig. 1. Actividad SOD en conidios de *M. anisopliae*, obtenidos con distintas concentraciones de oxígeno en la atmósfera (16% ■, 21% ■, 30% ■ y 40% ■). Las letras distinguen los grupos obtenidos en la prueba de Tukey para cada tiempo (p < 0.05).

Los resultados sugieren que hasta con 30% de O₂ la capacidad antioxidante evita daños en las moléculas, pero O₂ con 40% de O₂ provocó un estrés oxidante en *M. anisopliae*. Esto se relaciona con la baja infectividad por los conidios obtenidos con 40% de O₂ hacia larvas de *Tenebrio molitor* [4], con respecto a la AN. Se ha observado que 16 y 26% de O₂ provocaron estrés oxidante en *Beauveria bassiana* lo cual incrementó hasta 25 % la A.SOD [2], este efecto también se observó con estrés térmico en *Aspergillus niger* [3].

Conclusiones. La modificación atmosférica con una alta concentración de O₂ provocó un incremento en la actividad SOD, como indicativo de un desbalance redox en los conidios.

Agradecimiento. Los autores agradecen a CONACyT por la beca otorgada (248839) y a la red PROMEP.

Bibliografía.

- Morano KA, Grant CM y Moye-Rowley WS (2012). *Genetics*. 190(4): 1157-1195.
- Garza-López PM, Königsberg M, Gómez-Quiroz LE y Loera O (2012). *World J Microbiol Biotechnol*. 28(1): 353-359.
- Abrashev R, Dolashka P, Christova R, Stefanova L y Angelova, M (2005). *J Appl Microbiol*. 99(4): 902-909.
- García-Ortiz N, Tlecuil-Beristain S, Favela-Torres E y Loera O (2014). *Appl Microbiol Biotechnol* doi: 10.1007/s00253-014-6225-2