

Análisis bioinformático de proteínas extracelulares de *Neurospora crassa* para identificación de proteínas de aplicación industrial

Daniel Alfonso Salgado Bautista¹, Ernesto Favela Torres² y Ulises Carrasco Navarro²

¹Departamento de microbiología experimental, Centro de Investigación Científica y de Educación Superior de Ensenada, Ensenada, Baja California, México. C.P.: 22860. ²Planta piloto de fermentación en estado sólido, Universidad Autónoma Metropolitana Unidad Iztapalapa, Ciudad de México, México, C.P. 09340. e-mail: em.daniel.alf@gmail.com

Neurospora crassa, proteómica, aplicación industrial

Introducción. *Neurospora crassa* es un hongo filamentoso que ha sido utilizado ampliamente en investigación bioquímica y genética (1). Sin embargo, los estudios sobre su potencial para la producción de proteínas de interés industrial son limitados. Desde los primeros trabajos, el crecimiento y metabolismo de *N. crassa* ha sido ampliamente estudiado en cultivos en medio líquido (CML) y superficial. No obstante, los estudios de *N. crassa* en cultivo en medio sólido son mínimos. Por otro lado, recientemente se ha demostrado que la secreción de proteínas y otros metabolitos por hongos filamentosos es mayor en CMS que en CML (2-4).

El objetivo de este trabajo fue identificar, a través de un análisis bioinformático, algunas proteínas extracelulares producidas por *Neurospora crassa* para inducir su producción en CMS.

Metodología. Para el análisis bioinformático se descargó el proteoma de referencia para *N. crassa* (UniProt: Proteome ID UP000001805). El proteoma se analizó con Phobious, clasificando las proteínas por intracelulares, con presencia de péptido señal o transmembranales. Posteriormente, con GhostKOALA se realizó una clasificación funcional de las proteínas con péptido señal. Con la base de datos String se identificó la interacción y los procesos celulares con que se relacionan las proteínas.

Resultados. El proteoma de referencia de *N. crassa* presentó 10,256 proteínas, su distribución se muestra en la figura 1a. De las 1,224 proteínas con péptido señal, sólo el 29.6% se le asignó una función con GhostKOALA, identificando que la mayor parte se asocia al metabolismo de carbohidratos. De las 1,225 proteínas con péptido señal, únicamente 170 son enzimas, y 399 no han sido caracterizadas, siendo 39 proteínas con una interesante interacción relacionada a mecanismos de señalización celular. Entre las enzimas identificadas se encuentran, principalmente glucanasas y xilanasas, las cuales podrían ser

inducidas con materiales con alto contenido de hemicelulosa.

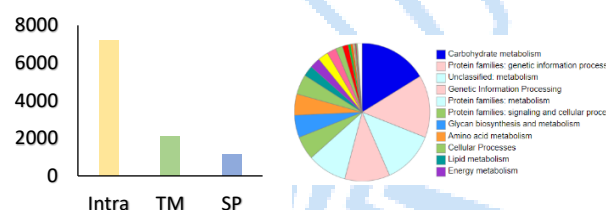


Fig. 1. a) Número de proteínas de *N. crassa* (NEUCR) de acuerdo a su localización usando Phobious. b) Clasificación de las proteínas con péptido señal con GhostKOALA

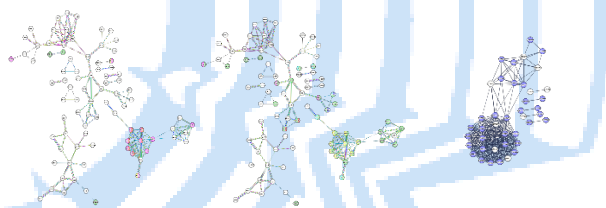


Fig. 2. Redes de interacción obtenidas con *String* (*Confidence*=0.7). a) Proteínas con degradación de polisacáridos como lignina, xilano y lípidos. b) Proteínas asociadas a la degradación de aminoglicanos, arabinosa, celulosa, pectina, fosfolípidos y xilano. c) Interacción de proteínas relacionadas a mecanismos de señalización.

Conclusiones. El análisis bioinformático permitió identificar algunas enzimas de interés industrial susceptibles de ser producidas por *N. crassa* en cultivo en medio sólido.

Agradecimiento. DASB, EFT y UCN agradecen al CONAcYT por el apoyo del proyecto CF-2023-I-1001. DASB agradece a CONAcYT por la beca posdoctoral continuidad 2022.

Bibliografía.

1. Davis, R., Perkins, D. (2002). *Nat Rev Genet* 3, 397–403.
2. Urrutia-Guerrero et al., (2021). *Process Biochem* 108, 169-175.
3. Salgado-Bautista D.A. et al., (2020). *Fungal Biol* 124, 723-734.
4. Molelekoa, T.B.J. et al., (2021) *Fermentation* 7(4), 295.