



# JORNADAS DE MICROBIOLOGÍA

Sobre Temáticas Específicas del NOA

**SAN MIGUEL DE TUCUMÁN  
14 Y 15 DE NOVIEMBRE DE  
2019**

ISBN 978-987-46701-6-8



Libro de resúmenes de las III Jornadas de microbiología sobre temáticas específicas del NOA ;

compilado por Carlos G. Nieto Peñalver ; Pablo Marcelo Fernández. - 1a ed. - Ciudad Autónoma de Buenos Aires : Asociación Argentina de Microbiología, 2019.

Libro digital, PDF

Archivo Digital: descarga y online

ISBN 978-987-46701-6-8

1. Microbiología Aplicada. I. Nieto Peñalver, Carlos G., comp. II. Fernández, Pablo Marcelo, comp.

CDD 579.0282

## AM12 - ESTUDIOS BIOINFORMÁTICOS PARA EL ANÁLISIS DE GENES RELACIONADAS AL ESTRÉS OXIDATIVO EN LEVADURAS RESISTENTES A METALES PESADOS

**BERNAL, Anahí Romina (1), POLITO, Franco (1), CASTELLANOS DE FIGUEROA Lucía I. (1,2), FERNANDEZ, Pablo Marcelo (1,3), NIETO PEÑALVER, Carlos Gabriel (1,4).**

1 PROIMI-CONICET, Av. Belgrano y Pje. Caseros, San Miguel de Tucumán. 2 Cátedra de Microbiología Superior, Facultad de Bioquímica, Química y Farmacia, Universidad Nacional de Tucumán. 3 Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad Nacional de Catamarca. 4 Cátedra de Microbiología General, Facultad de Bioquímica, Química y Farmacia, Universidad Nacional de Tucumán [anahirbernal@gmail.com](mailto:anahirbernal@gmail.com)

Los metales pesados ejercen su toxicidad creando *in vivo* un desequilibrio entre la producción y la destrucción de las especies reactivas del oxígeno (EROs) que puede afectar a lípidos, proteínas, carbohidratos y ácidos nucleicos. Con el objetivo a futuro de poder profundizar la caracterización de las enzimas intervinientes en la respuesta al estrés oxidativo en *Meyerozyma guilliermondii* 7Apo1 y *Rhodotorula mucilaginosa* 6N, se llevaron a cabo análisis bioinformáticos en secuencias nucleotídicas presentes en bases de datos que codifiquen para dichas enzimas. Se comparó la similitud y su grado de conservación. Para ello, a partir de la base de datos *Genome* de NCBI se obtuvieron los genomas y se crearon bases de datos nucleotídicas *ad hoc* con el programa BioEdit. Luego se buscaron secuencias disponibles codificantes de enzimas catalasas, superóxido dismutasas, glutatión peroxidasas, tiorredoxina reductasas y peroxidasas en la base de datos GenBank. Las bases de datos *ad hoc* se “interrogaron” con las secuencias nucleotídicas correspondientes a cada enzima. Las secuencias obtenidas para cada enzima se alinearon con el programa MAFFT y los alineamientos se visualizaron con el programa MView. Cuando fue necesario, los alineamientos se editaron manualmente con el programa Mega6. Finalmente, se comparó el grado de conservación de cada secuencia en cada especie de levadura con matrices de identidad usando el programa BioEdit. Se obtuvieron 4 genomas para *R. mucilaginosa* (cepas C2.5t1, I1PL32, RIT389 y JGTA-S1) y 3 genomas para *M. guilliermondii* (cepas ATCC6260, *strain* y W2). En *R. mucilaginosa* se encontraron dos secuencias de catalasas (*cat*), una de superóxido dismutasa (*sod*), una de glutatión peroxidasa (*ghpx*), dos de peroxidasa (*px*), y dos secuencias de tiorredoxina reductasa (*thrx*). En *M. guilliermondii*, se encontraron tres secuencias de *cat*, siete de *sod*, dos de *px*, una de *ghpx* y una secuencia de *thrx*. El análisis de las secuencias para enzimas relacionadas a la respuesta al estrés oxidativo muestra un alto nivel de conservación. Sin embargo, las secuencias de glutatión peroxidasa (*ghpx*) de *R. mucilaginosa* RIT389 y *R. mucilaginosa* C2.5t, mostraron una menor conservación. Es importante saber el nivel de identidad de las secuencias nucleotídicas que codifican para enzimas que participan en la respuesta al estrés oxidativo, ya que, conociendo la secuencia del gen, se puede proyectar una estrategia de biología molecular para profundizar su caracterización. A partir de estos resultados se podrán diseñar oligonucleótidos para amplificar y luego expresar las enzimas de interés en nuestros aislamientos. A su vez, se facilitará la mutación de los genes para analizar cuánto influyen los mismos cuando las levaduras están en condiciones de estrés y permitirá estudiar cuánto se expresan los genes utilizando técnicas de PCR cuantitativa.

Palabras clave: BIOINFORMATICA, LEVADURAS, ESTRÉS OXIDATIVO