

Análisis proteómico de la bacteria termófila *Bacillus* sp. NP42 para dos condiciones de temperatura de cultivo.

Panel/Poster

Fisiología y metabolismo

Alfredo Álvarez¹, Mauricio Cáceres¹, Coral Pardo-Esté¹, Martha Hengst¹.

(1) Laboratorio de Ecología Molecular y Microbiología Aplicada, Departamento de Ciencias Farmacéuticas, Facultad de Ciencias, Universidad Católica del Norte, Antofagasta 1240000, Chile.

alfredo.alvarez@alumnos.ucn.cl

Introducción: Las bacterias que viven en ambientes extremos son un blanco interesante para la industria biotecnológica debido a que estas producen diversos metabolitos secundarios estables y eficaces en condiciones extremas. El sistema hidrotermal andino poliextremo de Lirima, ubicado en el altiplano chileno a 4.200 m snm, resulta un sitio interesante para la búsqueda de microorganismos productores de bioactivos novedosos. A partir de muestras de sedimento, se aisló la cepa termófila *Bacillus* sp. NP42, cuya actividad antimicrobiana de sus extractos y la secuenciación de su genoma sugieren un alto potencial para la biosíntesis de bioactivos novedosos y termoestables. Sin embargo, los mecanismos que subyacen a su adaptación termófila y su potencial biotecnológico han sido poco explorados.

Métodos: En este proyecto se realizó un análisis proteómico comparativo de la cepa NP42 cultivada a 30°C (control) y 55°C (tratamiento) por triplicado. Los datos se obtuvieron a partir de espectrometría de masas en tándem (LC-MS/MS) con cuantificación *Label Free* (LFQ), con parámetros limitantes de significancia de *Fold Change* ≥ 2 y *p-value* ≤ 0.05 . Los espectros de fragmentación se analizaron en la base de datos Uniprot restringido a *Bacillus licheniformis* y posteriormente se identificaron las vías metabólicas asociadas a estrés térmico como estrategias adaptativas a alta temperatura mediante la búsqueda en base de datos especializadas.

Resultados: Se identificó un total de 11 proteínas comunes en ambas condiciones, pero con diferencias significativas en su expresión de las cuales, a 55°C, se

identificaron 6 proteínas aumentadas y 5 disminuidas en su expresión. De las proteínas sobreexpresadas se destaca el incremento de enzimas chaperonas y enzimas relacionadas con vías metabólicas termoestables para su proliferación a 55°C. Por otro lado, se suprimieron procesos no esenciales como la motilidad, la formación de biopelículas, metabolismo del glicerol y la traducción de proteínas, lo que indica una reasignación de recursos energéticos.

Conclusión: Este estudio revela los mecanismos proteómicos y fisiológicos claves que permiten a la cepa NP42 vivir a alta temperatura, identificando enzimas y vías metabólicas termoestables con alto potencial para su aplicación en la industria biotecnológica.

Palabras Clave

(1) Bacterias termófilas, (2) Proteómica comparativa, (3) Enzimas termoestables, (4) Estrés de temperatura.

Financiamiento:

Laboratorio de Ecología Molecular y Microbiología Aplicada (EMMA) y Departamento de Ciencias Farmacéuticas (UCN).

Agradecimientos:

Se agradece los integrantes y ex-integrantes del Laboratorio de Ecología Molecular y Microbiología Aplicada (EMMA) por la ayuda, guía e insumos entregados durante la realización del proyecto. También al Departamento de Ciencias Farmacéuticas por la suministración de material y orientación.