

# SESIÓN DE PÓSTERS

## Mitigación y Remediación

P268. Estudio proteómico durante la degradación de fenantreno por *Streptomyces* sp. MC1

Guerrero D.S.D.1, Herrera H.M.F.1, Sineli P.E.1, Dávila Costa J.S.1

1 Planta Piloto de Procesos Industriales Microbiológicos (PROIMI-CONICET)

daianasolg@gmail.com

Las actividades antropogénicas impactan negativamente en el medioambiente, provocando efectos nocivos en ecosistemas y en la salud humana. El fenantreno (FEN), hidrocarburo policíclico aromático, puede encontrarse como contaminante de suelos producto de la industria petroquímica. La biorremediación mostró ser una herramienta eficiente frente a un derrame de petróleo. Diferentes estudios fisiológicos demuestran que la actinobacteria *Streptomyces* sp. MC1 es capaz de remover plaguicidas y metales pesados tales como Cr(VI). Sin embargo, su capacidad para degradar FEN y las posibles enzimas involucradas en su degradación, no fueron estudiadas. La proteómica libre de geles es una poderosa herramienta que se utiliza para dilucidar mecanismos involucrados en procesos fisiológicos microbianos. Con el fin de evaluar y comprender la degradación de FEN en *Streptomyces* sp. MC1, se realizó un estudio proteómico cuantitativo libre de marcado basado en espectroscopia de masas (MS). MC1 fue crecida durante 96h a 30°C en medio de cultivo mínimo líquido (MM) utilizando glicerol como fuente de carbono y suplementado con FEN, a una concentración inicial de 0,2 mM. El crecimiento microbiano se cuantificó por peso seco, mientras que la concentración residual de FEN en el sobrenadante del cultivo se determinó por HPLC. Las proteínas utilizadas para los estudios proteómicos se obtuvieron a partir de células desarrolladas hasta fase logarítmica de crecimiento. Las células se sometieron a ruptura mecánica con nitrógeno líquido y las proteínas obtenidas fueron reducidas, alquiladas y precipitadas. Luego de ser resuspendidas y digeridas con tripsina se analizaron por LC-MS/MS. Para la identificación de las proteínas se utilizó el software Proteome Discoverer y la base de datos de proteínas de *Streptomyces* sp. MC1. La validación estadística y los parámetros de significancia fueron establecidos en base al análisis realizado con el software Perseus. MC1 fue capaz de crecer en presencia de FEN, con valores de biomasa entre 0,01g/l y 0,3g/l. Se observó un 60% de remoción de FEN durante el período estudiado. El análisis proteómico mostró que en presencia de FEN, 94 proteínas aumentaron significativamente su abundancia, destacándose enzimas involucradas en las vías altas de la degradación de FEN. Nuestro estudio proteómico confirma, por primera vez, la capacidad fisiológica de MC1 para degradar fenantreno y nos permite dilucidar parcialmente los mecanismos de degradación para esta bacteria.

**Palabras claves:** *Streptomyces* sp. MC1, biorremediación, degradación de fenantreno, proteómica libre de marcado