BIER12

**Análisis proteómico de los secretomas fúngicos de *Pycnoporus sanguineus* y *Ganoderma applanatum* con potencialidad para ser utilizados en la producción de Bioetanol a partir de sustratos lignocelulósicos.**

Gauna, A.1; Larran, A.1-2; Feldman, S.1-2, Permingeat, H.1-2 y Perotti, V.1

1) Laboratorio de Biología Molecular-Facultad de Ciencias Agrarias-UNR-CC 14 (S2125ZAA) Zavalla. 2) Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario (IICAR-CONICET-UNR). Email: valeriaeperotti@gmail.com

La obtención de bioetanol a partir de materiales lignocelulósicos requiere de una etapa inicial de pretratamiento para abrir la pared celular vegetal y posibilitar la posterior hidrólisis enzimática de la celulosa, que es la materia prima ulterior para la liberación de azúcares fermentables (sacarificación). Los pretratamientos químicos tradicionalmente utilizados involucran condiciones muy severas que resultan en la conversión de los compuestos fenólicos y los azúcares presentes en el material vegetal en compuestos inhibitorios del proceso de fermentación posterior. Una alternativa muy atractiva la constituyen los hongos de la podredumbre blanca de la madera, los basidomicetes preferidos para pretratamientos biológicos debido a que degradan la lignina más rápida y efectivamente que cualquier otro organismo estudiado. Sin embargo, el éxito de esta estrategia depende de la compatibilidad del sistema bajo estudio (sustrato lignocelulósico/secretoma fúngico) así como también de hallar las condiciones de crecimiento que propicien la mayor inducción posible de las enzimas clave del proceso.

Con el objetivo de caracterizar el conjunto de proteínas fúngicas secretadas (secretoma) en un medio de crecimiento inductivo (hojas trituradas del pastizal *Panicum prionitis* como única fuente de carbono), para identificar especialmente aquellas involucradas en las etapas de pretratamiento y/o sacarificación se realizaron ensayos de cromatografía líquida acoplada a espectrometría de masas (CL-EM).

Las proteínas presentes en el secretoma de *P. sanguineus* y de *G. applanatum* fueron clasificadas funcionalmente de acuerdo a su rol biológico principal. Las 180 proteínas caracterizadas en el secretoma de *P. sanguineus* se agruparon en: enzimas degradantes de lignina (10%), hemicelulasas (2%), celulasas (2%), glucósido hidrolasas (25%), proteínas no caracterizadas (48%), proteínas con módulo de unión a carbohidratos (3) y otras (10%). En referencia al secretoma de *G. applanatum*, los 73 polipéptidos identificados se clasificaron en: enzimas degradantes de lignina (6%), hemicelulasas (11%), celulasas (3%), glucósido hidrolasas (11%), fosfatasas (3%), proteínas no caracterizadas (22%), y otras (44%). De este modo es posible concluir que el 34% y el 39% de los secretomas de *G. applanatum* y *P. sanguineus,* respectivamente, se encuentran involucrados en la degradación de la biomasa lignocelulósica.

Dado que estudios previos realizados en nuestro laboratorio demostraron una mayor contribución a la etapa de pretratamiento por parte de *P. sanguineus* paralelamente con una mejor contribución de *G. applanatum* sobre la etapa de sacarificación, se profundizó el análisis bioinformático de las proteínas de cada secretoma involucradas en la etapa respectiva de mayor implicancia.

Contrastando los datos así obtenidos con la bibliografía disponible hasta el momento se puede concluir que las candidatas con mayor potencial de aplicación biotecnológica para la obtención de bioetanol de segunda generación utilizando *P. prionitis* como fuente de energía son una lacasa y una β-xilanasa de *P. sanguineus* y una isoforma de β-glucosidasa de bajo peso molecular de *G. applanatum*, candidata a presentar un menor grado inhibición por glucosa.