



## II Micro-simposio Interinstitucional de Microbiología

<http://doi.org/10.5281/zenodo.7558169>

### Transcriptómica comparativa entre *Klebsiella variicola* T29A y su mutante BetR sometidas al estrés por desecación

María Rosete-Enríquez<sup>1</sup>, Jesús Muñoz-Rojas<sup>1</sup>, Víctor Rivelino Juárez-González<sup>2</sup>, Verónica Quintero-Hernández<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Ecology and Survival of Microorganisms Group, Laboratorio de Ecología Molecular Microbiana, Centro de Investigaciones en Ciencias Microbiológicas, Instituto de Ciencias, BUAP. <sup>2</sup>Departamento de Medicina Molecular y Bioprocesos, Instituto de Biotecnología, Universidad Nacional Autónoma de México, Correo-electrónico: mariaroseteenriquez@viep.com.mx

La anhidrobiosis o tolerancia a la desecación es una condición donde los organismos se pueden secar hasta el equilibrio, mantenerse en un estado ametabólico y luego recuperar sus funciones normales con la rehidratación sin sufrir daños. *Klebsiella variicola* cepa T29A ha sido caracterizada como bacteria tolerante a la desecación, razón por la cual se ha obtenido su cepa mutante sensible al estrés hídrico debido a la interrupción de un gen que codifica para una proteína con dominio BetR. El estudio de los perfiles de expresión genética sería de gran relevancia para conocer la regulación transcripcional de genes posiblemente implicados en la tolerancia o la sensibilidad a la desecación. En el presente trabajo primeramente se analizaron las condiciones de precultivo/cultivo y tiempos de rehidratación óptimos de los ensayos de desecación ambiental. Posteriormente, se realizó el estudio de transcriptómica usando un sistema heterólogo de microarreglos de ADN para comparar los patrones de expresión genética de la cepa tolerante (T29A) y la cepa sensible (BetR) antes y después de la desecación durante doce días. Se encontró que en las cepas T29A y BetR desecadas/rehidratadas existe un efecto diferencial en la tasa de supervivencia bacteriana dependiendo del medio de precultivo/cultivo y recuperación durante 18 de desecación ambiental. Asimismo, se demostró que la cepa T29A sometida a desecación durante doce días tiene 135 genes *Up* regulados y 113 genes *Down* regulados. En cambio, la cepa BetR desecada mostró 141 genes *Up* regulados y 60 genes *Down* regulados. La clasificación global por anotación indicó que los genes *Up* regulados en las cepas T29A y BetR básicamente codifican para proteínas de membrana, enzimas implicadas en el metabolismo, mecanismos de reparación y recombinación del ADN, proteínas hipotéticas y control transcripcional. Los genes *Down* regulados para ambas cepas comprenden las categorías de genes codificantes para proteínas de membrana, proteínas hipotéticas, reguladores transcripcionales y metabolismo.