

Genes de *Trichoderma harzianum* involucrados en la degradación de polisacáridos presentes en lirio acuático**Arana-Cuenca, A.^{(1)*}, Anducho-Reyes, M.A.⁽¹⁾, González-Becerra, A.E.⁽²⁾ y Téllez-Jurado, A.⁽¹⁾**

(1) Laboratorio de Microbiología Molecular, Universidad Politécnica de Pachuca, Carr. Pachuca-Ciudad Sahagún Km 20, Ex Hacienda de Santa Bárbara, Zempoala, Hidalgo, México.

(2) Centro de Biología Molecular Severo Ochoa – CSIC, C/Nicolás Cabrera n° 1; Campus de la Universidad Autónoma de Madrid, España

* Correo Electrónico (autor de contacto): ainhoa@upp.edu.mx

RESUMEN

El lirio acuático (*Eichhornia crassipes*) es considerada una plaga¹ y puede ser utilizada como fuente para la obtención de productos de alto valor agregado siempre y cuando los polisacáridos presentes en su pared celular sean hidrolizados². Con la finalidad de conocer qué proteínas están involucradas en la degradación del material celulósico del lirio acuático se decidió realizar un análisis de expresión diferencial estudiando el comportamiento del hongo *Trichoderma harzianum*³ crecido en FES con lirio acuático como sustrato y única fuente de carbono, respecto a su crecimiento cuando los genes celulósicos están reprimidos catabólicamente creciendo al microorganismo en lirio suplementado con glucosa. Se encontraron genes involucrados en la degradación de los azúcares, genes de regulación y secuencias no caracterizadas y no reportadas anteriormente. Este estudio es la base para entender el comportamiento genético de los microorganismos durante su crecimiento en materiales lignocelulósicos que pueden ser utilizados en biorefinerías.

ABSTRACT

Water hyacinth (*Eichhornia crassipes*) is considered a weed and can be used as a source for the production of high value-added products as long as the polysaccharides present in the cell wall are hydrolyzed. In order to know which proteins are involved in the degradation of cellulosic material it was been a differential display analysis to the fungus *Trichoderma harzianum* grown in FES with water hyacinth as substrate and sole carbon source, about their growth when genes are repressed catabolically growing the organism in water hyacinth supplemented with glucose. We found genes involved in degradation of sugars, regulatory genes and uncharacterized sequences and previously unreported. This study is the basis for understanding the genetic behavior of microorganisms while growing in lignocellulosic materials can be used in biorefinery.