

El remodelador de la cromatina ATRX y su importancia en el mantenimiento de la estabilidad genómica

Mauro Magaña Acosta², Zazil Renee Velazquez², Silvia Meyer², Abel Segura², Mario Zurita², Natalia Azpiazu¹, Viviana Valadez-Graham^{2*}

Centro de Biología Molecular Severo Ochoa, Madrid¹, Instituto de Biotecnología, UNAM².

*Autor para correspondencia, viviana.valadez@ibt.unam.mx.

Palabras clave: heterocromatina, estabilidad genómica, complejos remodeladores.

El mantenimiento de la heterocromatina es esencial para el correcto desarrollo de los organismos ya que juega un papel fundamental en distintos procesos celulares como la división celular, la diferenciación y la transcripción genética entre otros. Fallas en su mantenimiento se asocian directamente a una pérdida de la estabilidad genómica que puede resultar en aberraciones cromosómicas y fallas transcripcionales que se traducen en diferentes patologías entre ellas el cáncer.

La heterocromatina puede ser de diferentes tipos, constitutiva y facultativa, la primera se encuentra en regiones pericentroméricas, subteloméricas y contiene secuencias retrovirales, la segunda puede cambiar con respecto al tipo celular estudiado y puede encontrarse en diferentes sitios en el genoma. La heterocromatina se establece y se mantiene durante el ciclo celular y el desarrollo por distintos complejos remodeladores los cuáles son complejos multiproteicos que contienen diferentes funciones enzimáticas que inciden directamente sobre componentes de la cromatina y ayudan a regular estas regiones durante los distintos procesos celulares.

En particular el remodelador ATRX es una proteína que conserva un dominio del tipo SNF2, con una función de ATPasa la cual proporciona la energía necesaria para que, junto con la chaperona DAXX, se lleve a cabo el intercambio de la variante de histona H3.3 en regiones de heterocromatina constitutiva. La presencia de H3.3 en estas regiones es necesaria para mantener la heterocromatinización y el silenciamiento transcripcional, impidiendo así la expresión de elementos transponibles y regulando la replicación de secuencias altamente repetidas que de otra forma pudieran originar inestabilidad cromosomal.

Los mecanismos de silenciamiento y mantenimiento heterocromático están altamente conservados en la evolución de los metazoarios por lo que nosotros utilizamos a *Drosophila melanogaster* como un modelo biológico más simple que nos provee de diversas herramientas genéticas que nos permiten entender las funciones de estas proteínas durante el desarrollo del organismo.

Durante el seminario, presentaremos nuevos datos obtenidos por nuestro grupo en los que demostramos que las proteínas ortólogas a ATRX en la mosca, actúan manteniendo el silenciamiento de la heterocromatina en diferentes estadios del desarrollo y que mutaciones en estas proteínas afectan la expresión de genes que forman parte de vías de señalización importantes para la respuesta al daño al ADN incidiendo directamente en eventos asociados a la progresión tumoral.

Agradecimiento. Proyectos CONACyT A1-S-8239, PAPIIT IN200118, IN203521.

Formato resumen simposio de verano 2023

Comparativa de la fitorremediación de *Ricinus communis* de suelos contaminados versus plantas germinadas en invernadero: revelando el rol del microbioma asociado a raíz.

Daniela Rubio-Noguez¹, Ilse Salinas-Peralta¹, Katy Juárez¹ Luz Breton-Deval^{1*}

¹Departamento de Microbiología Molecular, Instituto de Biotecnología - UNAM

*Autor para correspondencia, luz.breton@ibt.unam.mx

Palabras clave: fitorremediación, Ricinus communis, microbioma.

INTRODUCCION

La contaminación por metales pesados se ha convertido en una preocupación ambiental significativa debido a la persistencia de estos elementos, que tienen el potencial de bioacumularse y pasar a través de la cadena alimentaria. Además de su impacto negativo en la salud, principalmente en los sistemas inmunológico y nervioso.

Una forma muy eficiente de eliminar metales pesados de los suelos contaminados es mediante la fitorremediación, proceso que utiliza plantas y sus microorganismos asociados para extraer contaminantes y/o detoxificar sistemas contaminados inactivando o translocando estas sustancias.

El éxito de la fitorremediación depende de varios factores, pero principalmente del microbioma asociado, también llamado rizobioma. Se ha observado que el rizobioma de las plantas confiere una mayor tolerancia a las tensiones bióticas y abióticas en las que se desarrollan. Varios estudios han propuesto que el "núcleo" de las comunidades microbianas de sitios contaminados pertenece a los géneros Proteobacteria, Actinobacteria y Chloroflexi, ya que mejoran la biodisponibilidad de algunos contaminantes, como los metales pesados, mediante la producción de metabolitos secundarios, como sideróforos, que modifican el medio al promover la quelación y solubilización de los metales pesados (Kuiper et al., 2004; Rajkumar et al., 2012; Ullah et al., 2015; Selvi et al., 2019). Sin embargo, aún es necesario profundizar para entender cómo las dinámicas ecológicas en la rizosfera permiten que la planta haga frente a las tensiones ambientales en sistemas contaminados. Conocer las estrategias empleadas por las plantas para construir tales comunidades en condiciones de presión selectiva en entornos contaminados, y si este núcleo es estable incluso si la planta se mueve de ese sitio. Por lo tanto, en el presente estudio, nuestro objetivo fue probar la siguiente hipótesis: El rizobioma de las plantas que crecen en la ribera de un río contaminado tendrán el potencial metabólico para mejorar la fitorremediación de Cd y Pb en comparación con las plantas germinadas en un laboratorio de invernadero.

MATERIALES Y MÉTODOS

Para llevar a cabo los experimentos se implementaron mesocosmos. Los mesocosmos consisten en cinco bloques, dos bloques pertenecientes a *R. communis* germinadas en laboratorio, un bloque con metal y el otro sin metal. Los otros dos bloques fueron de *R. communis* que vinieron del río (plantas silvestres) con y sin metal y el último bloque corresponde al control de suelo preparado. Cada bloque consiste en 3 macetas holandesas de 33L con 4 plantas por maceta, cada maceta contiene una mezcla de tezontle y grava en partes iguales, y suelo preparado con tierra negra y tierra de hoja en una proporción 70:30. Las plantas permanecieron en el invernadero a una temperatura de 26 ± 5.98 °C y una humedad relativa de $64.42 \pm 3.93\%$ durante todo el experimento y fueron regadas con agua del grifo o una solución de 0.20 mg/L de Cd y 4

mg/L. de Pb, según fuera el caso. Las concentraciones de metales pesados fueron analizadas al inicio y al final del experimento utilizando espectrometría de plasma acoplado inductivamente (ICP). Para las muestras de plantas, fue necesario realizar una digestión ácida, que implicó la adición de 4 ml de HNO₃ y 2 ml de H₂O₂ (30% v/v en agua), seguido de un período de calentamiento de 60 minutos. Posteriormente, las muestras se filtraron a través de papel de filtro Whatman 42.

Todas las muestras se analizaron por duplicado y los resultados se utilizaron para calcular: 1. El Factor de bioacumulación (BF). El BF se define como la cantidad de metales pesados acumulados tanto en las raíces como en las partes aéreas de la planta en relación con la concentración del metal presente en el suelo (Arthur et al., 2022). 2. El factor de translocación (TF), que describe la relación entre la cantidad de MP trasladados desde las raíces hacia las partes aéreas (Arthur et al., 2022).

La extracción de DNA se realizó usando el kit DNAeasy PowerWater Kit (QIAGEN), posteriormente se verificó la calidad del material genómico extraído, el cual fue utilizado para construir librerías para una secuenciación tipo shotgun. Los análisis bioinformáticos y estadísticos se realizaron de acuerdo con lo establecido en Breton-Deval *et al* (2019).

RESULTADOS Y DISCUSION

Los resultados muestran que el rizobioma de las plantas germinadas en laboratorio es más diverso y abundante en comparación con el de las plantas silvestres, con un índice de Shannon de 4.06 frente a 2.78, respectivamente. El rizobioma de las plantas silvestres está particularmente enriquecido en *Acinetobacter johnsonii* (54%), lo cual se atribuye a la contaminación en la zona de recolección, caracterizada por altos niveles de la demanda química de oxígeno (DQO), amoníaco, fosfatos, plomo (Pb), cadmio (Cd) y varios microorganismos como *Acinetobacter* (Breton-Deval et al., 2019).

Por otro lado, el rizobioma presente en las plantas germinadas en laboratorio es bastante diverso y comprende miembros responsables de los principales procesos que se encuentran comúnmente en el suelo. Entre ellos, hay ciertas especies de bacterias que promueven el crecimiento de las plantas, como *Methylobacterium soli* (2%) y *Microvirga ossetica* (2%) (Chauhan et al., 2015; Msaddak et al., 2019). Además, hay otras bacterias que desempeñan un papel en el ciclo del nitrógeno, como *Nitrososphaerales archaeon* (2%) y *Nitrosocosmicus oleophilus* (1%), ambos contribuyen a la oxidación del amoníaco, así como *Nitrobacter vulgaris*, bacteria oxidante de nitritos (1%), e *Hyphomicrobium sp.* (9%), bacteria que participa en la conversión de los nitratos en gas nitrógeno.

Respecto a los resultados de la fitorremediación, las plantas silvestres retadas a Cd y Pb presentaron niveles significativamente más altos de acumulación de Pb principalmente en sus raíces (9.62 mg/kg), tallos (0.33 mg/kg) y hojas (0.15 mg/kg) en comparación con las plantas germinadas en laboratorio, las cuales presentaron los siguientes niveles de Pb, 5.59 mg/kg en raíz, 0.44 mg/kg en tallo y 0.11 mg/kg en hoja. Se observó un patrón similar con la acumulación de Cd, ya que las plantas silvestres mostraron la capacidad de acumular 0.83 mg/kg en sus raíces y 0.08 mg/kg en su tallo en comparación con los 0.34 mg/kg en raíz y los 0.08 mg/kg en hoja en las plantas germinadas en laboratorio. Sin embargo, ninguno de los dos tipos de plantas mostró acumulación de Cd en sus hojas.

La translocación de metales pesados es un aspecto crucial en el contexto de la fitorremediación, este mecanismo implica la fitovolatilización y la fitoextracción, ya que las plantas transfieren iones metálicos desde las raíces hasta los brotes. Se observó una diferencia estadísticamente significativa en el TF para Cd

entre las plantas germinadas en laboratorio y las plantas silvestres, con valores de 0.179 y 0.096, respectivamente. El TF para Pb sigue la misma tendencia y mostró una diferencia estadísticamente significativa entre las plantas germinadas en laboratorio y las plantas silvestres, con valores de 0.099 y 0.048, respectivamente.

Respecto al rizobioma de ambos grupos, Las plantas de ambos grupos, silvestres y germinadas en laboratorio, expuestas a metales, presentaron enriquecimientos similares. Ambas enriquecidas con *Rhizobium_sp_AC44_96*. La principal diferencia de las plantas silvestres en comparación con las germinadas en laboratorio fueron los enriquecimientos con especies del genero *Enterobacter*.

Los resultados nos permiten concluir que *R. communis* es una planta con el potencial de ser usada para la fitorremediación de Pd y Cd, además los resultados muestran que las plantas silvestres presentaron mayores niveles de acumulación de Pd y Cd principalmente en tallo en comparación con las plantas germinadas en laboratorio, así como niveles mas altos de los índices de translocación (TF) y de acumulación (BF).

Agradecimiento. Agradecemos al Instituto de Biotecnología por los espacios brindados para realizar esta investigación. A CONACYT por la beca para realizar la maestría de Daniela Rubio-Noguez y por el financiamiento otorgado bajo el apoyo CONACYT-FOINS 4785.

Bibliografía.

- Aini, S.N., Silva, G., Buchari, H., Salam, A.K., 2023. The phytoremediation potential of several plants in heavy-metal-polluted tropical soils. Presented at the THE 5th INTERNATIONAL CONFERENCE ON AGRICULTURE AND LIFE SCIENCE 2021 (ICALS 2021): “Accelerating Transformation in Industrial Agriculture Through Sciences Implementation,” Jember, Indonesia, p. 020039. <https://doi.org/10.1063/5.0116581>
- Andleeb, S., Ur Rehman, K., Mahmood, A., Elsadek, M.F., Ul Safa, N., Hussein, D.S., Essam El-Din, M.M., 2023. Human health risk hazards by heavy metals through consumption of vegetables cultivated by wastewater. *J. King Saud Univ. - Sci.* 35, 102467. <https://doi.org/10.1016/j.jksus.2022.102467>
- Arthur, G.D., Aremu, A.O., Kulkarni, M.G., Stirk, W.A., Davies, T.C., Penaye, J., Van Staden, J., 2022. Phytoremediation potential of *Beta vulgaris* L. (Swiss chard) using soil from the vicinity of Kette-Batouri Goldmine (Eastern Cameroon). *South Afr. J. Bot.* 151, 713–719. <https://doi.org/10.1016/j.sajb.2022.10.034>
- Bhansé, P., Kumar, M., Singh, L., Awasthi, M.K., Qureshi, A., 2022. Role of plant growth-promoting rhizobacteria in boosting the phytoremediation of stressed soils: Opportunities, challenges, and prospects. *Chemosphere* 303, 134954. <https://doi.org/10.1016/j.chemosphere.2022.134954>
- Burgos-Díaz, C., Pons, R., Espuny, M.J., Aranda, F.J., Teruel, J.A., Manresa, A., Ortiz, A., Marqués, A.M., 2011. Isolation and partial characterization of a biosurfactant mixture produced by *Sphingobacterium* sp. isolated from soil. *J. Colloid Interface Sci.* 361, 195–204. <https://doi.org/10.1016/j.jcis.2011.05.054>
- Bziuk, N., Maccario, L., Sørensen, S.J., Schikora, A., Smalla, K., 2022. Barley Rhizosphere Microbiome Transplantation – A Strategy to Decrease Susceptibility of Barley Grown in Soils With Low Microbial Diversity to Powdery Mildew. *Front. Microbiol.* 13, 830905. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.830905>
- Chauhan, H., Bagyaraj, D.J., Selvakumar, G., Sundaram, S.P., 2015. Novel plant growth promoting rhizobacteria—Prospects and potential. *Appl. Soil Ecol.* 95, 38–53. <https://doi.org/10.1016/j.apsoil.2015.05.011>
- Chen, Y., Ding, Q., Chao, Y., Wei, X., Wang, S., Qiu, R., 2018. Structural development and assembly patterns of the root-associated microbiomes during phytoremediation. *Sci. Total Environ.* 644, 1591–1601. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2018.07.095>
- Hu, X., Pan, Y., Bao, M., Zhang, X., Luo, C., Han, X., Li, F., 2022. The structure, properties and rheological characterisation of exopolysaccharides produced by *Chryseobacterium cucumeris* AP-2 from deteriorated milk. *Int. Dairy J.* 126, 105253. <https://doi.org/10.1016/j.idairyj.2021.105253>
- Jiayuan Qin, Martina Maixnerova, Matej Nemeč, Yu Feng, Xinzhuo Zhang, Alexandr Nemeč, Zhiyong Zong, 2019. *Acinetobacter cumulans* sp. nov., isolated from hospital sewage and capable of acquisition of multiple antibiotic resistance genes 42, 319–325. <https://doi.org/10.1016/j.syapm.2019.02.001>
- Khan, A.H.A., Kiyani, A., Santiago-Herrera, M., Ibáñez, J., Yousof, S., Iqbal, M., Martel-Martín, S., Barros, R., 2023. Sustainability of phytoremediation: Post-harvest stratagems and economic opportunities for the produced metals contaminated biomass. *J. Environ. Manage.* 326, 116700. <https://doi.org/10.1016/j.jenvman.2022.116700>
- Maehana, S., Kitasato, H., Suzuki, M., 2021. Genome Sequence of *Acinetobacter townieri* Strain DSM 16313, Previously Known as the Proposed Type Strain of *Acinetobacter seohaensis*. *Microbiol. Resour. Announc.* 10, e00690-21. <https://doi.org/10.1128/MRA.00690-21>
- Msaddak, A., Rejili, M., Durán, D., Mars, M., Palacios, J.M., Ruiz-Argüeso, T., Rey, L., Imperial, J., 2019. *Microvirga tunisiensis* sp. nov., a root nodule symbiotic bacterium isolated from *Lupinus micranthus* and *L. luteus* grown in Northern Tunisia. *Syst. Appl. Microbiol.* 42, 126015. <https://doi.org/10.1016/j.syapm.2019.126015>
- Mudgal, V., Raniaga, M., Patel, D., Ankoliya, D., Mudgal, A., 2023. A review on Phytoremediation: Sustainable method for removal of heavy metals. *Mater. Today Proc.* 77, 201–208. <https://doi.org/10.1016/j.matpr.2022.11.261>
- Nayak, A.S., Vijaykumar, M.H., Karegoudar, T.B., 2009. Characterization of biosurfactant produced by *Pseudoxanthomonas* sp. PNK-04 and its application in bioremediation. *Int. Biodeterior. Biodegrad.* 63, 73–79. <https://doi.org/10.1016/j.ibiod.2008.07.003>
- Nouha, K., Kumar, R.S., Tyagi, R.D., 2016. Heavy metals removal from wastewater using extracellular polymeric substances produced by *Cloacibacterium normanense* in wastewater sludge supplemented with crude glycerol and study of extracellular polymeric substances extraction by different methods. *Bioresour. Technol.* 212, 120–129. <https://doi.org/10.1016/j.biortech.2016.04.021>
- Ren, H., Lu, Z., Sun, R., Wang, X., Zhong, J., Su, T., He, Q., Liao, X., Liu, Y., Lian, X., Sun, J., 2023. Functional metagenomics reveals wildlife as natural reservoirs of novel β -lactamases. *Sci. Total Environ.* 868, 161505. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2023.161505>
- Urakami, T., n.d. Characterization and Description of *Hyphomicrobium denitricans* sp. nov.
- Wang, W., Chen, X., Yan, H., Hu, J., Liu, X., 2019. Complete genome sequence of the cyprodinil-degrading bacterium *Acinetobacter johnsonii* LXL_C1. *Microb. Pathog.* 127, 246–249. <https://doi.org/10.1016/j.micpath.2018.11.016>

ANÁLISIS TRANSCRIPTÓMICO Y ELECTROQUÍMICO DE UNA CEPA MUTANTE DE *Geobacter sulfurreducens* QUE PRODUCE MAS BIOELECTRICIDAD

Alberto Hernández-Eligio^{1*}, Bernardo Jaramillo-Rodríguez¹, Leticia Vega-Alvarado², Luis Rodríguez-Torres¹, Guillermo Huerta-Miranda¹, Margarita Miranda-Hernández³, Katy Juárez^{1*}

¹Departamento de Ingeniería Celular y Biotecnología, Instituto de Biotecnología UNAM; ²Instituto de Ciencias Aplicadas y Tecnología, UNAM; ³Instituto de Energías Renovables, UNAM.

*alberto.hernandez@ibt.unam.mx, *katy.juarez@ibt.unam.mx

Palabras clave: Geobacter sulfurreducens, bioelectricidad, biopelícula

Geobacter sulfurreducens es una bacteria que puede acoplar la respiración anaeróbica a la reducción de metales a través de un proceso llamado transferencia extracelular de electrones (TEE). La TEE esta dirigida por un pili con características conductivas, mas de 100 citocromos tipo-*c* y la formación de biopelículas electroconductoras. Gracias al proceso de TEE, *G. sulfurreducens* es capaz de producir bioelectricidad cuando es crecida en celdas microbianas de combustible (CMC). En *G. sulfurreducens*, nosotros hemos descrito el papel de los reguladores globales PilR/PilS, IHF, Flp1 y Flp2 en controlar la expresión de algunos genes que codifican proteínas relevantes en el procesos de TEE;^{1,2,3} sin embargo, se desconoce si existen mas reguladores que controlan el proceso de TEE y sus mecanismos de regulación. En este trabajo, describimos la participación del regulador GSU1771 -miembro de la familia Steptomyces Antibiotic Regulatory Protein- en controlar la expresión de citocromos, el gen *pilA* (codifica para la proteína estructural del pili, PilA), la formación de biopelículas conductoras y la producción de bioelectricidad en celda microbianas de combustible. La cepa mutante en el gen *gsu1771* (Δ *gsu1771*) presenta altas tasas de reducción de óxidos de Fe(III) que la cepa silvestre (WT), además de que tiene un incremento tanto en el contenido total de citocromos tipo-*c* como de la proteína PilA, lo cual fue determinado por tinción hemo, western blot y RTqPCR. Un fenotipo relevante que presenta la cepa Δ *gsu1771* es que genera biopelículas hasta 2 veces mas gruesas que la cepa WT, en soportes tanto inertes (vidrio), como conductoras (electrodos tipo FTO y de grafito). Más del 90 % de las células presentes en esas biopelículas son viables. Mediante varios análisis electroquímicos, determinamos que las biopelículas desarrolladas por la cepa Δ *gsu1771* en electrodos de FTO llagan a ser hasta 100 veces mas electroconductoras que las biopelículas de la cepa silvestre.⁴ Debido a esas características, se probó la capacidad de la cepa Δ *gsu1771* para generar bioelectricidad en CMC. Después de dos días de operación de las CMC, las cepas de *G. sulfurreducens* empezaron a generar corriente, alcanzando un máximo al tercer día de operación, 19 μ A para la cepa Δ *gsu1771* y 14 μ A la cepa WT. La corriente producida por ambas cepas se mantuvo estable durante dos semanas. La producción de bioelectricidad por la cepa Δ *gsu1771* se incremento entre un 30-35% más que la cepa WT. Después de 2 semanas, a partir de las biopelículas crecidas en la CMC se realizó un análisis de transcriptoma por RNA-seq. 119 genes se encontraron diferencialmente expresados (DE) en la cepa Δ *gsu1771* (79 sobrerregulados y 40 subregulados), entre los que destacan genes que participan en la generación de energía y transporte de electrones (20 genes DE), regulación transcripcional (17 genes DE) y transporte (13 genes DE). Entre los genes DE destacan los que codifican proteínas homólogas al sistema de secreción tipo VI (SST6), relacionado con virulencia, actividad antimicrobiana, homeostasis de metales y formación de biopelículas⁵.

Agradecimiento. PAPIIT UNAM IN212022.

Bibliografía.

1. Juárez et al., 2009. *J Mol Microbiol Biotech.* 16 (3-4), 146-158.
2. Hernández-Eligio et al., 2017. *Environ Sci Poll Res.* 24 (33), 25693-25701.
3. Andrade, Hernández-Eligio et al., 2021. *Front Microbiol.* 12, 626443.
4. Hernández-Eligio et al 2021. *Bioelectrochem.* 145, 108101.
5. Jaramillo-Rodríguez et al., 2023. *PLOS ONE*, *aceptado*.

MEJORANDO MICROALGAS TROPICALES A TRAVES DE MICROALGAS POLARES.

Jacob S. Kneip¹, Daniela Morales-Sánchez^{1,2*}

¹The Arctic University of Norway; ²Instituto de Biotecnología/UNAM.

*Autor para correspondencia, daniela.morales@ibt.unam.mx.

Palabras clave: microalgas, fotopigmentos, fotoprotección.

Las microalgas psicrófilas, que forman la base de la cadena alimenticia en los océanos polares, se han adaptado con éxito a los gradientes ambientales polares extremos y oscilantes. Además de las temperaturas bajo cero, estos ambientes fríos coinciden con una serie de otros desafíos ambientales como 24 horas de oscuridad en invierno y luz solar en verano, además de estrés osmótico, oxidativo y nutricional [1]. Esto promueve una evolución rápida a través del intercambio horizontal y la recombinación del material genético [2]. Entonces, estos microorganismos representan un recurso para la identificación de nuevos rasgos únicos, nuevos mecanismos fisiológicos de adaptación y nuevos genes. En este sentido, se ha avanzado en el conocimiento de una microalga polar altamente productiva en términos de biomasa y ácidos grasos poliinsaturados, *Chlamydomonas malina* RCC2488. Una de las características más interesantes de esta microalga polar es su adaptación tanto a bajas como a altas intensidades y radiaciones de luz [3,4]. Aunque algunas microalgas tropicales toleran relativamente altas intensidades de luz, aún pueden sufrir de fotoinhibición. Esto conlleva a bajos rendimientos de biomasa y metabolitos de interés. Por lo tanto, es importante disminuir la fotosensibilidad de microalgas tropicales si se desea utilizar microalgas tropicales en cultivos abiertos al ambiente en México, en donde las intensidades y radiación de luz pueden ser muy altas en algunas áreas.

Recientemente, encontramos evidencias de aclimatación a altas intensidades de luz ($6000 \mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$ en periodos de luz intermitente de 10 milisegundos) en *Nannochloropsis gaditana*. Esta microalga tropical sobrevive a estas condiciones a través de la sobrerregulación de uno de los ciclos de las xantofilas, el ciclo de la violaxantina. Este ciclo está involucrado en un mecanismo de fotoprotección al sintetizar pigmentos como violaxantina y zeaxantina. Sin embargo, a pesar de que se acumularon fotopigmentos que ayudaron a la microalga a sobrevivir, su velocidad de crecimiento fue muy baja, por lo que se obtuvieron bajos rendimientos de biomasa y metabolitos de interés [5,6].

Nuestros proyectos enfocados en biotecnología microalgal estudiarán más a detalle los efectos de las altas intensidades de luz en el ciclo de la violaxantina, la síntesis de fotopigmentos y la velocidad de crecimiento en *C. malina* y en la microalga tropical *C. reinhardtii* como modelos de estudio.

Agradecimiento. BIONÆR Programme, Consejo de investigación de Noruega como parte del proyecto Algae2Future (A2F, 267872).

Bibliografía.

- [1] R.M. Morgan-Kiss, J.C. Prisco, T. Pocock, L. Gudynaite-Savitch, N.P.A. Huner, Adaptation and acclimation of photosynthetic microorganisms to permanently cold environments., *Microbiol. Mol. Biol. Rev.* 70 (2006) 222–52. doi:10.1128/MMBR.70.1.222-252.2006.
- [2] B.R. Lyon, T. Mock, Polar microalgae: New approaches towards understanding adaptations to an extreme and changing environment, *Biology (Basel)*. 3 (2014) 56–80. doi:10.3390/biology3010056.
- [3] D. Morales-Sánchez, P.S.C. Schulze, V. Kiron, R.H. Wijffels, Production of carbohydrates, lipids and polyunsaturated fatty acids (PUFA) by the polar marine microalga *Chlamydomonas malina* RCC2488, *Algal Res.* 50 (2020) 102016. doi:10.1016/j.algal.2020.102016.
- [4] D. Morales-Sánchez, P.S.C. Schulze, V. Kiron, R.H. Wijffels, Temperature-Dependent Lipid Accumulation in the Polar Marine Microalga *Chlamydomonas malina* RCC2488, *Front. Plant Sci.* 11 (2020) 2080. doi:10.3389/fpls.2020.619064.

- [5] S. Lima, J. Lokesh, P.S.C. Schulze, R.H. Wijffels, V. Kiron, F. Scargiali, S. Petters, H.C. Bernstein, D. Morales-Sánchez, Flashing lights affect the photophysiology and expression of carotenoid and lipid synthesis genes in *Nannochloropsis gaditana*, *J. Biotechnol.* 360 (2022) 171–181.
doi:10.1016/J.JBIOTEC.2022.11.012.
- [6] S. Lima, P.S.C. Schulze, L.M. Schüler, R. Rautenberger, D. Morales-Sánchez, T.F. Santos, H. Pereira, J.C.S. Varela, F. Scargiali, R.H. Wijffels, V. Kiron, Flashing light emitting diodes (LEDs) induce proteins, polyunsaturated fatty acids and pigments in three microalgae, *J. Biotechnol.* (2021).
doi:10.1016/j.jbiotec.2020.11.019.