



UNIVERSIDAD DE SONORA

DEPARTAMENTO DE INVESTIGACIONES CIENTÍFICAS Y TECNOLÓGICAS
POSGRADO EN BIOCIENCIAS

Análisis transcriptómico y proteómico de *Chaetoceros muelleri* bajo diferentes concentraciones de nitrógeno

M.C. Damaristelma de Jesús Campos

Directora: Dra. Ángela Corina Hayano Kanashiro; Co-Directora: Diana Fimbres Olivarría

Resumen

El contenido bioquímico de las microalgas puede variar en función de los parámetros de cultivo. La concentración de nitrógeno influye en la acumulación de lípidos y carbohidratos en la diatomea marina *Chaetoceros muelleri*; sin embargo, el mecanismo molecular que subyace a esta respuesta no está completamente dilucidado. El estudio a gran escala de genes y proteínas ha ayudado a mejorar el entendimiento de la causa de ciertos fenómenos, por lo que el objetivo de este proyecto es estudiar la respuesta transcriptómica y proteómica de la microalga creciendo en diferentes concentraciones de nitrógeno (f/10, f/4, f y 2f). La calidad de la proteína se evaluó a través de SDS-PAGE y se digirieron con tripsina de grado MS. Los péptidos se marcaron con Amine-reactive TMT 10 plex y fraccionados por SCX. La identificación de las proteínas y el análisis de cuantificación relativa se realizó usando un Orbitrap. Los datos se procesaron contra una base de datos interna que contiene las secuencias de proteínas de *C. muelleri* obtenidas del análisis transcriptómico realizado previamente. Se identificaron aproximadamente 3000 proteínas de las cuales 91 estaban diferencialmente acumuladas en 3 tratamientos estudiados (f/10, f/4, f). Actualmente, se continúa con el análisis de las proteínas identificadas.

Abstract

Microalgae biochemical content varies depending on the culture parameters. Nitrogen concentration influences lipids and carbohydrate accumulation in the marine diatom *Chaetoceros muelleri*, however, the molecular mechanism underlying this response is still scarce. The genes and proteins large-scale study must improve the understanding of certain phenomena cause. The project aims to study the transcriptomic and proteomic response of the microalga *C. muelleri* growing in different nitrogen concentrations (f/10, f/4, f, and 2f). Protein quality was evaluated through SDS-PAGE. Proteins were digested with MS-grade trypsin, peptides were labeled with Amine-reactive TMT 10 plex and fractionated by SCX. Protein identification and relative quantification analysis were performed using an Orbitrap. Raw data were processed against an in-house database containing protein sequences of the *C. muelleri* obtained from transcriptomic analysis previously carried out. Approximately 3000 proteins were identified, of which 91 proteins were differentially accumulated in the 3 treatments studied (f/10, f/4, f). Currently, the analysis of the identified proteins continues.