



ANÁLISIS BIOINFORMÁTICO DE UNA LACASA EXTRACELULAR DEL HONGO *Paraconiothyrium brasiliense*

Marina Arredondo Santoyo¹, Ma. Soledad Vázquez Garcidueñas¹ y Gerardo Vázquez Marrufo¹

¹ Universidad Michoacana de San Nicolás de Hidalgo. mas_mina@hotmail.com

Las lacasas extracelulares fúngicas catalizan la oxidación de gran variedad de compuestos fenólicos, mostrando amplio potencial biotecnológico. En el hongo ascomiceto *Paraconiothyrium variabile* se ha reportado actividad de lacasa extracelular, pero se desconocen las características estructurales de dichas proteínas. El objetivo de este trabajo fue identificar y caracterizar un gen de lacasa extracelular de la cepa CMU-196 de *Paraconiothyrium brasiliense* y realizar un análisis *in silico* de la proteína codificada. Se obtuvo por PCR una secuencia de 1868 pb de la región codificante de un gen de lacasa de la cepa CMU-196. La comparación Blastn de la secuencia obtenida mostró una identidad del 98% con el gen *lac* de la cepa GHJ-4 de *P. variabile*, ambos genes tienen una región codificante de 1716 pb y 2 intrones en las posiciones 180-282 y 734-784. La traducción *in silico* generó secuencias de 571 aa en ambas especies con un peso molecular estimado de 62.84 (GHJ-4) y 62.88 kDa (CMU-196). Se determinó la presencia del péptido señal de 18 aa, seis sitios posibles de N-glicosilación y un pI de 4.2 para ambas lacasas. Un alineamiento múltiple que incluyó las secuencias de lacasas cristalizadas de *Melanocarpus albomyces* y *Thielavia arenaria* permitió identificar las cuatro secuencias consenso L1 a L4 y la puerta SDS en el extremo C-terminal. Las relaciones filogenéticas de las lacasas de *Paraconiothyrium* muestran cercanía con enzimas de ascomicetos saprófitos y fitopatógenos. En conclusión, las secuencias de aminoácidos analizadas presentan las características estructurales y filogenéticas de una lacasa extracelular *sensu stricto*.