

Estructura modular de las enzimas como punto de partida para la síntesis de nuevos biocatalizadores

N. Birkeland^a, A. Diáñez Martínez^{b*}, A. García Moyano^a,

P. García Vázquez^b, M.A. González del Valle^c y J.M. González Grau^d

^aDepartment of Biological Sciences, University of Bergen

^b Departamento de Matemática Aplicada I, Universidad de Sevilla

^c Bioavan S.L.

^d Instituto de Recursos Naturales y Agrobiología de Sevilla

Resumen.

La búsqueda de procesos biológicos más limpios y verdes en los procesos de producción química impulsa el interés de profundizar en el conocimiento de las enzimas como biocatalizadores naturales.

Las enzimas son proteínas y, por tanto, tienen una estructura tridimensional. Inicialmente, podemos pensar una enzima como una secuencia lineal de aminoácidos que interactúan entre sí de forma consecutiva, esta sería su estructura primaria. Pero lo realmente interesante son las interacciones, denominadas de cadena lateral, que se producen entre aminoácidos no consecutivos. Estas interacciones son las que conducen a su estructura tridimensional y a su funcionalidad. De hecho, una misma secuencia primaria puede dar lugar, en función de sus interacciones de cadena lateral, a enzimas con distinta funcionalidad.

Las enzimas son biocatalizadores eficientes pero muy específicos, reaccionan con sustratos concretos. Cada enzima es apropiada para catalizar un número limitado de transformaciones. De ahí el interés que suscita analizar lo que supondría introducir pequeños cambios en la secuencia de una enzima, estos cambios podrían dar como resultado nuevas funcionalidades de potencial interés en biotecnología.

En la naturaleza podemos encontrar microorganismos que se han adaptado a vivir en condiciones extremas: altas temperaturas (termófilos), bajas temperaturas (psicrófilos), altas concentraciones de sal (halófilos)... Las enzimas de estos microorganismos no cambian significativamente en su composición de aminoácidos de otros organismos, sin embargo son capaces de soportar condiciones extremas. Por tanto, resulta de especial interés analizar tales enzimas con el objetivo de diseñar y producir enzimas con la especificidad deseada y capaces de funcionar en las condiciones requeridas. Pero las enzimas son redes complejas en las que se producen una gran cantidad de interacciones, lo que dificulta su análisis.

En este trabajo se presenta una metodología para la modelización de la enzima basada en la detección de comunidades y en el análisis de la posición de los centros activos. Estas comunidades servirían como punto de partida para la experimentación en laboratorio de la búsqueda de nuevos biocatalizadores.

*anadianez@us.es