



## **Funcionalidad de proteínas hipotéticas *via* análisis metagenómica**

Ana Beloqui, Nieves López Cortés, Azam Ghazi, Yamal Al Ramahi, José María Vieites, Manuel Ferrer

Departamento de Biocatálisis Aplicada, CSIC, Instituto de Catálisis, Madrid.

Uno de los problemas con los que nos encontramos durante la interpretación de datos de secuenciación masiva de muestras ambientales es que tenemos miles de secuencias que posiblemente codifican proteínas de las cuales podremos conocer su secuencia de aminoácidos, a partir de la secuenciación del ADN, pero no podremos saber nada directamente sobre su bioquímica, su estructura o su función. Solo será posible deducir indirectamente algunos de estos rasgos mediante la comparación con otras proteínas conocidas en otros organismos diferentes, con las que la secuencia de la proteína en cuestión presente homología. Sin embargo, el análisis de los genomas individuales publicados hasta la fecha y los aprox. seis millones de secuencias génicas depositadas en las bases de datos procedentes de secuenciación masiva, revela que el 40% de los mismos codifican por proteínas con función desconocida.

Es por ello que, en la actualidad, se están llevando a cabo estudios para analizar funcionalmente metagenomas. Se trata de identificar de forma directa nuevas enzimas que puedan resultar válidas como nuevos modelos estructurales (p.e. identificación de nuevos centros catalíticos y/o estructuras), que presenten potencial biotecnológico, o que puedan tener importancia en futuras anotaciones (meta)genómicas.

El presente estudio demuestra la importancia del rastreo funcional en genotecas metagenómicas para [1] la identificación de nuevas familias enzimáticas y [2] la resolución de centros catalíticos en proteínas ya conocidas.

Agradecimientos:

A. Beloqui agradece la beca FPU al Ministerio de Educación y Ciencia (MEC). Parte de este trabajo ha sido financiado por la empresa ViaLactia Biosciences, el MEC y el CSIC.