



Esterasas en el metagenoma intestinal: caracterización y relación con la dieta

Arancha Antelo¹, Maria del Carmen Martínez¹, Jose María Vieites², Ana Beloqui², Manolo Ferrer², Antonio Suárez¹

¹ Dpt. Bioquímica y Biología Molecular 2. Facultad de Farmacia. Universidad de Granada

² Instituto de Catálisis. Campus UAM. Cantoblanco, Madrid

Las esterases (EC 3.1.1.x) representan un grupo muy diverso de hidrolasas que catalizan la ruptura y formación de enlaces éster. Están ampliamente distribuidas en animales, plantas y bacterias. Las esterases muestran especificidad estérica y quiral lo que las hace muy útiles como biocatalizadores para la producción de compuestos óptimamente puros en la síntesis química fina. Además, no requieren cofactores, son bastante estables y activas en soluciones orgánicas. Muchas de ellas presentan tolerancia a una variedad de sustratos lo que indica que han evolucionado para intervenir en rutas catabólicas o para permitir el acceso a fuentes de carbono. La variación en la calidad y composición de los alimentos influye no sólo en la fisiología del individuo sino que puede modular la composición y la funcionalidad de la microbiota intestinal, con efectos sobre la asimilación de los nutrientes por el individuo. Así, el análisis del metagenoma de individuos obesos ha mostrado un enriquecimiento en los genes anotados a rutas metabólicas que podrían favorecer el procesamiento de los nutrientes y su asimilación por el sujeto. Con el objeto de conocer el contexto de la actividad esterasa en el metagenoma de las bacterias intestinales, se crearon dos librerías en fago lambda con DNA obtenido de heces de bebés alimentados con leche humana y de bebés alérgicos a leche de vaca. El rastreo de las librerías para la actividad esterasa se realizó mediante el ensayo de precipitación de naftil acetato con fase blue RR. Tras el análisis de 30000 clones, no se identificó actividad esterasa en la librería de bebés alérgicos. En la librería de bebés alimentados con leche, la secuenciación de dos clones positivos (3,8kb y 5,4kb) muestra la presencia de varias ORF cuya anotación por homología de secuencia no está asociada a alguno de los 76 tipos de esterases conocidos. En estos momentos estamos identificando la ORF responsable de la actividad esterasa en ambos clones. Nuestros datos sugieren que el contexto funcional del microbioma intestinal está influenciado por las condiciones dietéticas de los individuos.