

IDENTIFICACIÓN DE DEPOLIMERASAS DE PHB'S EN MUESTRAS DE METAGENOMAS PROVENIENTES DE UN LAGO SODADO DE LA ISLA ISABEL

Abigail Hernández Vázquez, Luis Mario Hernández Soto, José Abraham Canales Meza, Marcos López Pérez, José Félix Aguirre Garrido, Rina María González Cervantes, Humberto García Arellano, Universidad Autónoma Metropolitana-Lerma, Departamento de Ciencias Biológicas y de la Salud, Lerma 52005, abigail_00hv@outlook.com, hgarcia2274@gmail.com.

Palabras clave: haloalcalófilos, polihidroxicanoatos, depolimerasas de PHB's

Introducción. Los hábitats salino-alcálinos presentan una alta salinidad (>60 g/L) y alcalinidad (pH>9) [1]. En México existen diversos ambientes salinos, entre ellos el lago de cráter de soda salina moderada ubicada en Isla Isabel (Nayarit) [2]. Estos entornos presentan gran diversidad de microorganismos (halófilos, alcalófilos y haloalcalófilos). Los microorganismos haloalcalófilos muestran características estructurales, metabólicas y energéticas que les permiten proliferar en ambientes con alta concentración de sal de hasta un 33% (p/v) y un pH mayor a 9 [1], por lo que la comunidad científica se ha centrado en la búsqueda de biomoléculas con potencial aplicación en procesos biotecnológicos. Los microorganismos haloalcalófilos se han descrito como buenos productores de bioplásticos (PHB's) así como de las enzimas encargadas de degradarlos (depolimerasas de PHB's) y sintetizarlos.

Por lo anterior, el objetivo de este trabajo es identificar potenciales enzimas degradadoras de PHB's en metagenomas aislados de un lago de cráter de soda salina moderada ubicado en Isla Isabel (Nayarit).

Metodología. Las muestras de los metagenomas del lago de la Isla Isabel se tomaron a diferentes profundidades debido a que es un lago estratificado. Una vez que los metagenomas se ensamblaron (metaSPAdes), la estrategia que se siguió para la identificación de las posibles PHB depolimerasas consistió en realizar alineamientos de las proteínas identificadas en esos metagenomas (anotación con prokka) vs una familia de proteínas que ha sido reportada para depolimerasas de PHB PF10503 (esterasas de PHB depolimerasas) [3]. Posteriormente, con las proteínas que presentaron mayor similitud (i-value más cercano a cero, número de falsos positivos) respecto a PF10503 se realizó una predicción de dominios (NCBI domain), las proteínas que presentaron dominios para posibles PHB depolimerasas se alinearon (seaview.exe, método Clustal W) para identificar el dominio catalítico (caja lipasa, G,S,G) de las depolimerasas de PHB's y los aminoácidos conservados (H,D).

Resultados. En la Tabla 1 se enlistan las posibles depolimerasas de PHBs identificadas con la familia de proteínas PF10503.

Tabla 1. Proteínas problema con mayor similitud a depolimerasas de PHB identificadas en los metagenomas

PF10503 Esterasas de phb depolimerasas				
Profundidad (m)	Clasificación	i-value	Microorganismo identificado	% identidad
5	α/β-hidrolasa	2.1x10 ⁻⁸	<i>Halomonas sp</i>	87.64
	α/β-hidrolasa	3.2x10 ⁻⁷	<i>Halomonas sp</i>	79.55
Sedimento	poli (3-hidroxi-butirato) depolimerasa	0.0014	<i>Chloroflexi bacterium</i>	60.95

En la Figura 1 se muestra el alineamiento de las posibles depolimerasas de PHB's, se observa la caja lipasa que contiene la serina catalítica correspondiente a las lipasas/esterasas y los aminoácidos conservados (H, D).



Fig. 1. Alineamiento de las secuencias aminoacídicas de las posibles depolimerasas de PHB identificadas en el metagenoma correspondiente a 5 m de profundidad.

Conclusiones. Se identificaron posibles depolimerasas de PHB's así como su dominio catalítico y los aminoácidos conservados en el metagenoma correspondiente a 5 m de profundidad y en el sedimento. Dichas depolimerasas posteriormente serán evaluadas experimentalmente para verificar su actividad.

Agradecimiento. Al CONACyT por el otorgamiento de la beca (CVU 798752) para los estudios de doctorado.

Bibliografía.

- Uma, G., Babu, M.M., Prakash, V.S.G., Nisha, S.J., Citarasu. (2016) *World Journal of Microbiology and Biotechnology*, 36 1-13.
- Aguirre-Garrido, J.F., Ramírez-Saad, H.C., Toro, N., Martínez-Abarca, F. (2016) *Microbial ecology*. 71(1): 68-77.
- Knoll, M., Hamm, T. M., Wagner, F., Martínez, V., Pleiss, J. (2009) *BMC Bioinformatics*. 10 1-8.