



Contribution ID : 67

Type : **Poster**

Análisis estructural de proteasas de organismos marinos, utilizando como modelo la catepsina D1 de langosta americana.

Wednesday, 12 August 2015 17:30 (1:00)

Abstract content

Debido a su relevancia biotecnológica, diversas proteasas de origen marino han sido descritas desde el punto de vista bioquímico y fisiológico, buscando explicar los procesos que catalizan, para asignarles una aplicación industrial. Las proteasas de organismos marinos se caracterizan por presentar adaptaciones estructurales que les permiten efectuar procesos proteolíticos en las diversas condiciones del medio marino, que pueden llegar a ser extremas en términos de temperatura y presión. La mayoría de los reportes tienen como objeto de estudio a proteasas de microorganismos, buscando entender los mecanismos bioquímicos y las propiedades estructurales que presentan estas proteasas. El medio marino es extremadamente diverso y organismos de otros taxa también presentan proteasas con características sobresalientes que sugieren una alta estabilidad conformacional. Actualmente nuestro grupo estudia enzimas digestivas de crustáceos, más específicamente las de langosta americana, *Homarus americanus*; en esta especie se ha demostrado que las proteasas digestivas presentan hasta 20 veces mayor eficiencia catalítica en comparación con enzimas homólogas de vertebrados. Una de ellas es la catepsina D1 (CD1), la cual ha sido estudiada desde un punto de vista bioquímico, termodinámico y de especificidad por sustrato, se sabe que esta enzima marina comparte especificidad (por residuos hidrofóbicos principalmente) con sus homólogos bovino y porcino, sin embargo, en su estructura primaria presenta menos de 50% de identidad, lo que podría explicar las diferencias en las características bioquímicas y termodinámicas, pues la CD1 presenta una mayor eficiencia catalítica que sus homólogas en un amplio rango de temperaturas (5 - 50 °C), por lo que se ha catalogado como una enzima adaptada al frío. Actualmente se estudia la estabilidad conformacional de la CD1 expuesta a diferentes condiciones de temperatura, pH, concentración de agentes caotrópicos y solventes, utilizando fluorescencia intrínseca y espectro de dicroísmo circular, con el fin de explorar una posible aplicación en la industria. Expresado lo anterior, nuestra participación conjunta con usuarios del Sincrotrón, nos ayudaría a explorar la posibilidad y condiciones experimentales para obtener la estructura de la CD1 por medios cristalográficos y así expandir el conocimiento de enzimas marinas, así como, los mecanismos estructurales que le permiten mantener su actividad catalítica, aún en ambientes extremos.

Summary

Primary author(s) : Mr. RODRÍGUEZ SIORDIA, Iván (Centro de Investigaciones Biológicas del Noreste)

Co-author(s) : Dr. ROJO ARREOLA, Liliana (Centro de Investigaciones Biológicas del Noreste); Mr. GARCÍA CARREÑO, Fernando (Centro de Investigaciones Biológicas del Noreste)

Presenter(s) : Mr. RODRÍGUEZ SIORDIA, Iván (Centro de Investigaciones Biológicas del Noreste)

Session Classification : Posters I