

P6

DESTOXIFICACIÓN DE OCRATOXINA A MEDIANTE ENZIMAS BACTERIANAS

A. Sánchez-Arroyo¹, L. Plaza-Vinuesa¹, J.M. Mancheño², J.M. Silván³, A. Martínez-Rodríguez³, B. de las Rivas¹, R. Muñoz¹

¹ Instituto de Ciencia y Tecnología de Alimentos y Nutrición ICTAN (CSIC). C/José Antonio Novais, 6, 28040 Madrid, España.

² Instituto de Química Física Blas Cabrera IQFR (CSIC), C/Serrano, 119, 28006 Madrid, España.

³ Instituto de Investigación en Ciencias de la Alimentación CIAL (CSIC-UAM). C/Nicolás Cabrera 9, Universidad Autónoma de Madrid, 28049 Madrid, España.

Palabras clave: micotoxina, biodestoxificación, amidohidrolasa, carboxipeptidasa

Resumen

La ocratoxina A (OTA) es una de las micotoxinas más relevantes por su prevalencia y toxicidad¹. Existen numerosos estudios orientados a la búsqueda de métodos eficaces para la degradación de OTA, los cuales se pueden clasificar en métodos físicos, químicos y biológicos. Los métodos biológicos, basados en el uso de microorganismos y/o sus enzimas, son los más prometedores por su mayor especificidad, por su posible aplicación en condiciones suaves y por ser respetuosos con el medio ambiente². La transformación biológica de OTA se consigue generalmente mediante la hidrólisis de su enlace amida, originando ocratoxina α (OT α) y L- β -fenilalanina, ambos compuestos no tóxicos². Este estudio tiene por objetivo la identificación de nuevas enzimas bacterianas capaces de degradar OTA. Uno de los enfoques más comunes para identificar nuevas proteínas con una misma función es mediante la identificación de homólogos, generalmente mediante métodos basados en alineamientos de secuencia³. En este trabajo, se realizó un estudio *in silico*, utilizando las herramientas *BLAST* y *Clustal Omega*, para identificar proteínas similares a las enzimas ocratoxinasa de *Aspergillus niger* (perteneciente a la familia M38 de peptidasas)⁴ y a la N-acil-L-aminoácido amidohidrolasa de *Alcaligenes faecalis* (perteneciente a la familia M20D de peptidasas)⁵. Estas enzimas se tomaron como punto de partida por ser las más eficaces descritas hasta la fecha. De este modo, se identificaron 9 nuevas enzimas pertenecientes a diversos géneros bacterianos candidatas a la degradación de OTA. Se realizó la clonación de los genes que codifican dichas enzimas en *Escherichia coli* y las proteínas recombinantes se hiperprodujeron y purificaron. Entre las candidatas, 7 de las proteínas identificadas mostraron actividad degradadora de OTA.

Agradecimientos: Los autores agradecen la financiación otorgada por el Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades a través de los proyectos PID2021-123291OB-I00 y PID2020-11960RB-I00. A. Sánchez-Arroyo agradece al Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades su contrato de investigación FPI PRE2018-083862.

Bibliografía:

- [1] Klingelhöfer et al., Food Control, 114 (2020)
- [2] Ndiaye et al., Toxins, 14(11) (2022)
- [3] Karlsen et al., FEMS Microbiology Reviews, 47 (2023)
- [4] Dobritzsch et al., Biochemical Journal, 462(3) (2014)
- [5] Zhang et al., Toxins, 11(9) 518 (2019)