



IDENTIFICACIÓN DE UN NUEVO HOMÓLOGO DE TCTA EN UNA METAGENOTECA DE LODOS ACTIVADOS.

Ramón Alberto Batista García¹, Ayixón Sánchez Reyes¹, Nina Pastor Colón¹, Jorge Luis Folch Mallo².
rbatista25@yahoo.com ¹Facultad de Ciencias, Universidad Autónoma del Estado de Morelos. Avenida
Universidad 1001, Chamilpa, Cuernavaca, Morelos, México. C.P. 62209. ²Centro de Investigaciones en
Biotecnología. Universidad Autónoma del estado de Morelos.;

Centro de Investigaciones en Biotecnología. Universidad Autónoma del estado de Morelos. La metagenómica constituye una poderosa herramienta para la identificación de nuevos genes, no solo de aquellos que codifican para enzimas, sino también de otros que codifican para nuevas proteínas con función transportadora. De una metagenoteca de lodos activados construida en *Escherichia coli*, se detectó el gen *tctAra2501* que codifica para un nuevo homólogo de TctA. El marco abierto de lectura que codifica para 463 aminoácidos mostró una alta homología (>50%) mediante PSI-Blast con proteínas TctA. La caracterización del gen permitió encontrar regiones de aminoácidos altamente conservadas en estas proteínas. Se realizó un alineamiento mediante matrices de sustitución Blasun-62 con seis proteínas TctA y arrojó significación estadística por encima del 47% (score value), lo cual avala la homología de esta secuencia con TctA. Igualmente el análisis de filogenia predice una estrecha relación evolutiva de la proteína TctAra2501 con otras TctA bacterianas. La agrupación en cladograma ubica nuestra secuencia entre las TctA consideradas en el análisis. TctAra2501 se confirma como una proteína con 12 segmentos transmembranales según el análisis de perfiles de hidrofobicidad y se describe en su primer segmento una secuencia aminoacídica altamente conservada. La modelación tridimensional de la proteína mediante el programa iTASSER arroja una estructura con similitud estructural a proteínas transmembranales según los templados que selecciona el programa como modelos. TctA es parte de un sistema tripartito para el transporte de tricarboxilatos en bacterias, junto a TctB y TctC. La ecología microbiana moderna enfoca sus estudios a la exploración desde genomas y metagenomas de la diversidad estructural y metabólica de los microorganismos. Este estudio demuestra la competencia y pertinencia de la prospección metagenómica para el hallazgo de nuevos genes de interés para la fisiología y ecología microbiana. Palabras claves: TctA, metagenómica, ecología molecular.