



## DETERMINACIÓN DE LA ESTRUCTURA PRIMARIA, SECUNDARIA Y TERCIARIA DE LA INVERTASA DE CANDIDA GUILLIERMONDI MPIIIA

Karina Luna de Jesús<sup>1</sup>, Maria del Sugeyrol Villa Ramírez<sup>2</sup>, Jose Alejandro Santiago Hernández<sup>3</sup>, Maria Eugenia Hidalgo Lara<sup>3</sup> y Miguel Angel Plascencia Espinosa<sup>2</sup>

1 Instituto Politécnico Nacional - CIBA, 2 Instituto Politécnico Nacional - CIBA, 3 Dentro de Investigaciones y Estudios Avanzados del IPN. karina\_ldj@hotmail.com

Las invertasas son un grupo bioquímicamente diverso de enzimas que hidrolizan la sacarosa en glucosa y fructosa. A pesar de la relevancia histórica de la invertasa como modelo para entender la cinética enzimática, existe poca información con respecto a la estructura y organización de invertasas provenientes de géneros distintos a *Saccharomyces*. En el presente trabajo se reporta la caracterización de la invertasa de *C. guilliermondi* MPIIIa, la cual es un dímero con un peso molecular (PM) de 463 kDa y está compuesto por dos subunidades idénticas de 243 kDa. El gen que codifica para la enzima tiene un ORF de 1545 nucleótidos que codifican para un polipéptido de 514 aminoácidos. A partir de la enzima purificada se secuenciaron fragmentos peptídicos mediante Espectrometría de Masas, los cuales presentaron una homología de 97% con fragmentos del gen *SUC4* de *S. cerevisiae*. A partir del ORF que codifica para la enzima se llevó a cabo un análisis para deducir la secuencia de aminoácidos y se identificaron algunas regiones como la huella de la familia 32 de las glicosil hidrolasas (AFTPSHGWMNDPNG), y un péptido señal de 18 aminoácidos con sitio de corte entre S18 y S19. La estimación del contenido de estructura secundaria fue realizada por Dicroísmo Circular. De acuerdo con el análisis por medio del algoritmo CONTINLL, la invertasa podría estar caracterizada por un 47% de estructura lámina beta, 23% de giros y 30% de espirales al azar. Para la predicción de la estructura tridimensional de la enzima se empleó la plataforma *on line* I-TASSER. El modelo tridimensional presentó la mayor similitud estructural con la invertasa de la levadura *Schwanniomyces occidentalis*. Los resultados obtenidos en el presente trabajo contribuyen al conocimiento general de la estructura y conformación de una de las enzimas con una relevancia histórica como son las invertasas.