

Caracterización de un gen de riñón de cerdo codificante para betaína aldehído deshidrogenasa (BADH)

Jesús A. Rosas-Rodríguez, Lakshmaiah Sreerama y Elisa M. Valenzuela-Soto

La betaína aldehído deshidrogenasa (betaína aldehído:NAD⁺ oxidoreductasa, EC 1.2.1.8, BADH) de mamíferos participa en distintos procesos fisiológicos como el metabolismo de poliaminas, síntesis de ácido γ -aminobutírico (GABA), biosíntesis de carnitina, así como en la oxidación de betaína aldehído a glicina betaína (GB). GB es el principal osmolito en células renales para la protección contra estrés hiperosmótico durante el mecanismo concentrador de orina, que expone a éstas células a elevados niveles de NaCl y urea. En el presente trabajo, una secuencia nucleotídica codificante para BADH (1497bp) se insertó en el vector pGS21a y se transformaron células *E. coli* BL21SI con dicho plásmido. La secuencia codifica para 495 aminoácidos que representa una subunidad de BADH (54 KDa, identificada por SDS-PAGE). Ésta secuencia aminoácida presenta una identidad superior al 90% con otras BADHs de mamíferos que han sido estudiadas a la fecha (aldehído deshidrogenasa E3, 4-N-trimetil aminobutiraldehído deshidrogenasa, aldehído deshidrogenasa clase 9). A su vez se identificó la secuencia correspondiente al sitio activo de la BADH recombinante, que a diferencia de *Pseudomonas aeruginosa* ésta contiene 2 cisteínas vecinales. Se analizó la especificidad por el sustrato aldehído encontrándose que la BADH recombinante presentó mayor afinidad por el sustrato betaína aldehído lo cual coincide con lo demostrado para la BADH nativa. En este trabajo se obtuvo y se identificó un clon que codifica para la betaína aldehído deshidrogenasa de riñón de cerdo. Nuestros resultados indican que la secuencia de riñón e hígado de cerdo es idéntica, lo cual concuerda con la evidencia que indica que las BADHs de mamíferos provienen del mismo gen.