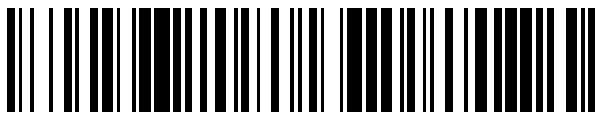


(19)



OFICINA ESPAÑOLA DE  
PATENTES Y MARCAS  
ESPAÑA



(11) Número de publicación: **2 538 719**

(21) Número de solicitud: 201331890

(51) Int. Cl.:

**C12P 13/04** (2006.01)  
**C12P 21/00** (2006.01)

(12)

## SOLICITUD DE PATENTE

A1

(22) Fecha de presentación:

**20.12.2013**

(43) Fecha de publicación de la solicitud:

**23.06.2015**

(71) Solicitantes:

**UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE MADRID (100.0%)**  
Ciudad Universitaria de Cantoblanco,  
C/ Einstein 3  
28049 Madrid ES

(72) Inventor/es:

**CAVA VALENCIANO, Felipe y**  
**ESPAILLAT FERNÁNDEZ, Akbar**

(74) Agente/Representante:

**PONS ARIÑO, Ángel**

(54) Título: **Racemasa BsrAb para la racemización de aminoácidos**

(57) Resumen:

Racemasa BsrAb para la racemización de aminoácidos.

En la presente invención se incluye una racemasa de *Acinetobacter baumannii* (BsrAb) la cual presenta un amplio espectro de racemización y por tanto permite la obtención de L aminoácidos desde el enantiómero D y de D aminoácidos desde el enantiómero L. Por tanto la presente invención se refiere tanto al uso de dicha racemasa *in vitro* y también a un método de racemización de aminoácidos. Además la presente invención se refiere a un método de síntesis de muropéptidos.

**Racemasa BsrAb para la racemización de aminoácidos****DESCRIPCIÓN**

5 La presente invención describe una racemasa presente en el organismo *Acinetobacter baumannii* la cual produce la racemización reversible de aminoácidos a su forma enantiomérica (L, D). Por tanto, la invención se podría encuadrar en el campo de la biotecnología.

**10 ESTADO DE LA TÉCNICA**

En la naturaleza, de forma habitual, los aminoácidos se suelen encontrar en su forma enantiomérica L (levógira). Las proteínas que forman parte de los organismos vivos están formadas únicamente por los enantiómeros L de los aminoácidos. Sin embargo, 15 existen diversas estructuras en la naturaleza que incorporan algunos enantiómeros D (dextrógiros), como pueden ser por ejemplo, pequeños polipéptidos bacterianos, normalmente inferiores a 20 aminoácidos tales como aquellos que conforman el peptidoglicano (PG) de las paredes bacterianas (Vollmer W *et al.* 2008 *FEMS Microbiol Rev* 32: 149-167) o bien como constituyentes de péptidos no ribosomales (Strieker M 20 *et al.* 2010 *Curr Opin Struct Biol* 20:234-240).

Los péptidos que incluyen D-aminoácidos (es decir, aminoácidos de forma enantiomérica D), de forma habitual, no son sintetizados mediante la maquinaria habitual de formación de proteínas mediante la síntesis de ácido ribonucleico 25 mensajero (ARNm) y la incorporación de los aminoácidos mediante la mediación del ARN de transferencia, sino mediante la polimerización directa de unos aminoácidos a otros mediante enzimas bacterianas.

Los D-aminoácidos que forman habitualmente parte del peptidoglicano y que se 30 denominan D-aminoácidos canónicos son los aminoácidos D-alanina y D-glutámico. Sin embargo algunas bacterias son capaces de producir D-aminoácidos no canónicos (NCDAAs) y liberarlos al ambiente extracelular en altas concentraciones (Lam H *et al.* *Science*. 2009, 325: 1552-1555). Los NCDAAs tienen influencia en la composición y por tanto en la consistencia y resistencia del peptidoglicano en bacterias, permitiendo

que las bacterias que los incluyen presenten una mayor resistencia a los cambios ambientales a los que se enfrentan. Además de su influencia en el peptidoglicano, los NCDAAs tienen influencia en otros procesos como por ejemplo la dispersión del biofilm que se puede formar en una superficie viva o inerte, (Kolodkin-Gal I *et al.* 2010.

5 Science 328: 627-629). Además también presentan influencia en la germinación de esporas en diversas especies bacterianas como por ejemplo organismos del género *Bacillus*.

Debido a las múltiples aplicaciones de los D-aminoácidos, especialmente a su 10 capacidad para formar péptidos antibacterianos que permitan la inhibición de biofilms, es de interés su producción a nivel industrial. Sin embargo, en la actualidad su producción resulta cara ya que se utilizan catalizadores químicos. De esta forma se puede pasar de L-aminoácidos, los cuales son abundantes en la naturaleza y baratos de obtener, a D-aminoácidos. Los catalizadores utilizados son por ejemplo el piridoxal 15 fosfato o el ácido salicílico (Gong *et al.* Inorg Chem. 2010, 49:7692-7699). Sin embargo estos catalizadores presentan un rendimiento de reacción muy bajo además de un elevado coste, lo que hace el proceso de obtención de D-aminoácidos poco rentable económicamente. Esto provoca que el posterior uso de los mismos e investigación de nuevos compuestos que los incluyen resulte limitado dado el coste.

20

Para tratar de solventar los problemas incluidos en este método de obtención de aminoácidos, en la actualidad se están desarrollando otras vías de obtención de forma que se solventen las limitaciones y se acelere el proceso de obtención. De esta forma se están tratando de utilizar biocatalizadores como por ejemplo racemases específicas 25 de aminoácidos. Esta aproximación presenta como inconveniente que estas enzimas presentan especificidad de sustrato y por tanto sería necesaria una enzima para cada tipo de sustrato, lo que no permitiría usar mezclas complejas de L-aminoácidos como material de partida para abaratar el proceso. Además la necesidad de usar un catalizador para cada reacción implica un incremento en los costes de producción. 30 Además, en la actualidad no se conocen suficientes enzimas monoespecíficas que se puedan combinar para llevar a cabo el procedimiento.

Por tanto, resulta necesario conseguir elementos que permitan la obtención de D-aminoácidos a partir de L-aminoácidos de forma que el proceso sea barato, rápido y

sencillo, minimizando el número de agentes implicados, y que permita una multiespecificidad del proceso.

## DESCRIPCION DE LA INVENCION

5

La presente invención se refiere a una enzima de *Acinetobacter baumannii* la cual se encuentra codificada por el locus YP\_001084387 de este organismo, la cual aparece anotada como una putativa alanina racemasa, y la hemos denominado BsrAb (*Broad spectrum racemase in Acinetobacter baumannii*, o racemasa de *Acinetobacter baumannii* de amplio espectro). Esta enzima presenta multiespecificidad de racemización frente a diversos aminoácidos de forma que puede transformar enantiómeros L en enantiómeros D y viceversa. Los aminoácidos que pueden ser racemizados por esta enzima son tanto naturales como sintéticos. De esta forma la enzima puede ser utilizada para racemizar aminoácidos partiendo tanto de un sólo aminoácido como de mezclas de aminoácidos, y tanto de un enantiómero puro como de mezclas de enantiómeros. La enzima de la presente invención, secuencia SEQ ID NO: 1, presenta como ventaja que para llevar a cabo la racemización de aminoácidos no requiere un aporte exógeno de energía. En la presente invención se demuestra cómo la enzima reacciona con los aminoácidos y a partir de L-aminoácidos, D-aminoácidos, puros o mezclas de estos se alcanza un equilibrio que está siempre próximo a una relación 1:1 entre las formas enantioméricas de los aminoácidos sustrato.

Dada la utilidad de los enantiómeros D, resulta de especial relevancia dentro de la biotecnología la capacidad de la enzima racemasa BsrAb de racemizar de enantiómero L, el cual es fácil de obtener y barato dado que es el presente de forma mayoritaria en las proteínas de los organismos en la naturaleza, a enantiómero D. También resulta interesante la capacidad de alcanzar un equilibrio de reacción, de forma que se puede ir eliminando u obteniendo el enantiómero D según se va produciendo de forma que dejando evolucionar la reacción se alcanzan de nuevo ciertas cantidades del enantiómero de interés al alcanzarse el equilibrio de nuevo. El equilibrio se alcanza dejando evolucionar la reacción. Sin embargo, puntos cercanos al equilibrio se alcanzan rápidamente y varían en función del tiempo que se deje evolucionar la reacción.

Otro elemento que resulta interesante de la racemasa BsrAb es la capacidad de racemizar los aminoácidos a partir de mezclas racémicas o enantioméricas impuras, ya que estas son más baratas y fáciles de obtener que el enantiómero de forma pura.

5

De igual forma que ocurre entre muchas de las proteínas descritas, como por ejemplo entre proteínas homólogas en diferentes organismos, BsrAb podría tener alterado algún aminoácido, con respecto a SEQ ID NO: 1 sin que se produjera una alteración sustancial en la proteína (Muth T. et al. 2012 *Bioinformatics* 28:584-586). Esto significa 10 que esta alteración no sería determinante en el polipéptido ni para su estructura ni para su actividad. La enzima BsrAb puede por lo tanto presentar variantes. Estas variantes se refieren a variaciones limitadas en la secuencia aminoacídica, que permiten el mantenimiento de la funcionalidad de la enzima descrita en la presente invención. Esto quiere decir que la secuencia de referencia y la secuencia de la 15 variante son similares en conjunto, e idénticas en muchas regiones. Estas variaciones se generan por sustituciones, delecciones o adiciones. Dichas sustituciones se dan entre aminoácidos que presentan similares características como por ejemplo en cuanto a polaridad, tamaño o carga, e incluyen, aunque sin limitarse, sustituciones entre ácido glutámico (Glu) y ácido aspártico (Asp), entre lisina (Lys) y arginina (Arg), 20 entre asparragina (Asn) y glutamina (Gln), entre serina (Ser) y treonina (Thr), y entre los aminoácidos que componen el grupo alanina (Ala), leucina (Leu), valina (Val) e isoleucina (Ile). Las variaciones pueden ser variaciones existentes en la naturaleza como por ejemplo variaciones alélicas, o generadas artificialmente como por ejemplo, mediante mutagénesis o síntesis directa. Estas variaciones no provocan 25 modificaciones esenciales en las características o propiedades esenciales del polipéptido, por lo que dichas variantes mantienen su actividad biológica. Todos estos péptidos pueden ser péptidos presentes en la naturaleza o bien ser producidos de forma artificial como por ejemplo, aunque sin limitarse, de forma recombinante, de forma sintética, o mediante la combinación de métodos naturales e ingeniería 30 genética. Existiendo una serie de aminoácidos que se consideran esenciales en la presente invención, como son: Cys 53, Arg 102, Arg 104, Ala 148, Asn 150, Gly 152, Asn 157, Ala 189, Glu 191, Arg 199, Phe 229, Ala 246, Asn 331, Thr 332, Thr 378 y Ser 383 (obtenidos mediante procedimientos informáticos, *JDet software*, (Muth T et al. 2012 *Bioinformatics* 28:584-586).

Se entiende por “aminoácido no canónico” o “NCDA” en la presente invención, a aquellos aminoácidos distintos de alanina y ácido glutámico, y que forman parte del PG de todas las bacterias conocidas.

5

Por todo ello un primer aspecto de la invención se refiere al uso de una enzima, aislada o sintética, de ahora en adelante enzima o proteína de la invención, que comprende una secuencia de aminoácidos que tiene al menos un 95%, preferiblemente al menos un 98%, más preferiblemente al menos un 99% y aún más 10 preferiblemente un 100% de identidad con respecto a la secuencia SEQ ID NO: 1 como reactivo para la racemización de al menos un aminoácido. En una realización preferida la enzima, aislada o sintética, consiste en una secuencia de aminoácidos que tiene al menos un 95%, preferiblemente al menos un 98%, y más preferiblemente al menos un 99% de identidad con respecto a la secuencia SEQ ID NO: 1. De forma aún 15 más preferible, la enzima consiste en la secuencia SEQ ID NO: 1.

El porcentaje de identidad se puede calcular mediante los métodos conocidos por el experto en la materia.

20 En otra realización preferida del primer aspecto de la invención el aminoácido se selecciona de la lista que comprende: cisteína, histidina, lisina, leucina, metionina, asparragina, glutamina, arginina, serina, ornitina, homoserina y norleucina. Otra realización preferida se refiere al uso donde el aminoácido es alanina. En una realización preferida el aminoácido es un aminoácido básico, por este motivo, una 25 realización aún más preferida se refiere al uso de la enzima del primer aspecto de la invención donde el aminoácido es la lisina, la arginina, la glutamina, la histidina y/o la ornitina.

30 Se entiende por “BsrAb” (*Broad spectrum racemase in Acinetobacter baumannii*, o racemasa de *Acinetobacter baumannii* de amplio espectro) o “enzima BsrAb” en la presente invención a la proteína codificada por el locus YP\_001084387 de *Acinetobacter baumannii* y que tiene la secuencia de aminoácidos SEQ ID NO: 1. La enzima de la invención participa como “catalizador” en la reacción de racemización, es decir, como racemasa.

Se entiende por "racemización" en la presente invención el proceso por el cual un isómero óptico de aminoácido se transforma en su opuesto óptico o enantiómero. En la presente invención se entiende por racemización la transformación de un 5 aminoácido de enantiómero L a D o de D a L. Por todo ello, en una realización preferida de este aspecto de la invención el aminoácido que se racemiza es el enantiómero L. En otra realización preferida el aminoácido que se racemiza es el enantiómero D. La racemización es llevada a cabo por la racemasa, en la presente invención, por la enzima de la invención.

10

Como se demuestra en los ejemplos de la invención, el punto de equilibrio varía entre los diferentes aminoácidos de forma que a partir de mezclas racémicas se pueden producir los diferentes aminoácidos. Esta mezclas racémicas son baratas y fácilmente obtenibles por lo que resultan uno de los sustratos de partida para la racemización 15 más interesantes. Además se puede acoplar a la racemización de aminoácidos un sistema que elimine o consuma alguno de los enantiómeros D o L de los aminoácidos de forma que se desplace el equilibrio y por tanto la racemasa actúe sobre el enantiómero restante racemizándolo para restaurar el equilibrio. La racemización también se puede dar a partir de cualquier proporción de enantiómeros D y L, dado 20 que la enzima provocará que se alcance el equilibrio racemizando los aminoácidos correspondientes. Por todo ello, en una realización preferida del primer aspecto de la invención la racemización se hace a partir de una mezcla racémica o enantiomérica. En otra realización preferida la racemización se produce a partir de composiciones que comprenden únicamente uno de los enantiómeros, es decir la racemización se realiza 25 a partir de un enantiómero puro. En una realización aún más preferida, el enantiómero puro es el enantiómero "L".

Se entiende por "mezcla racémica" o "mezcla enantiomérica" en la presente invención cualquier mezcla que comprenda tanto enantiómeros D como L en cualquier 30 proporción.

Por otro lado, cabe indicar que dada la multiespecificidad de la enzima, se puede partir bien de un único aminoácido el cual sea posible racemizar por la enzima o bien de mezclas complejas de aminoácidos (es decir, mezclas de más de un aminoácido

racemizable por la enzima) de forma que se obtengan diferentes aminoácidos. De esta forma, por ejemplo, se puede partir de una mezcla compleja de L-aminoácidos o D-aminoácidos o incluso de L y D aminoácidos, la cual mediante BsrAb será trasformada para dar lugar a una mezcla donde los aminoácidos presentes alcanzarán el equilibrio 5 correspondiente entre los enantiómeros D y L, y por tanto se podrán obtener por ejemplo los D-aminoácidos o los L-aminoácidos en función del interés de cada caso. Por todo ello, otra realización preferida de este primer aspecto de la invención se refiere al uso donde la racemización se hace a partir de una mezcla de aminoácidos, donde dicha mezcla comprende cisteína, histidina, lisina, leucina, metionina, 10 asparragina, glutamina, arginina, serina, alanina, ornitina, homoserina y/o norleucina.

El uso de BsrAb presenta su mayor aplicabilidad en procesos de laboratorio y fundamentalmente en procesos industriales, ya que su capacidad de racemizar se puede acoplar a otros sistemas que permitan el consumo del enantiómero de interés y 15 por tanto, se seguirá produciendo dicho enantiómero ya que la enzima tratará de alcanzar el punto de equilibrio. Dado que los procesos industriales requieren de una enzima con elevada actividad y estabilidad, esta enzima se puede encontrar por ejemplo inmovilizada de forma que se encuentre más protegida sin producir un perjuicio en el acceso a los sustratos. De esta forma se asegura una mayor estabilidad 20 de la enzima así como una mayor facilidad de manejo de la misma. Todo esto conlleva además una menor necesidad de recambio de la misma enzima en el proceso industrial ya que puede ser reutilizada en varias ocasiones sin que se produzca una disminución considerable en su actividad. Esta inmovilización de la enzima se puede producir por ejemplo, aunque sin limitarse, mediante retención física (atrapamiento o 25 inclusión en membranas), o por unión química (adsorción, unión covalente o reticulado), y en diferentes soportes conocidos en el estado de la técnica tales como los soportes porosos glixil-agarosa, agarosa activada con bromocianógeno, soportes activados con glutaraldehído, grupos aminos primarios (Sepabeads® EA), epóxido (EC-EP), epóxido y grupos amino (Sepabeads® EC-HFA). Por todo ello, en otra 30 realización preferida de este aspecto de la invención la enzima BsrAb se encuentra inmovilizada.

La racemización con la enzima de la invención también se puede acoplar a la producción de un compuesto en concreto que requiera la racemización de un

aminoácido. Si es una enzima enantioselectiva (es decir, que su actividad esté restringida a uno de los enantiómeros,) desplazará el equilibrio favoreciendo la producción hacia uno de los enantiómeros. Por otra parte, si la racemasa es capaz de utilizar tanto el enantiómero L como el D de los aminoácidos ya mencionados, si la 5 reacción se acopla con otra enzima, la cual utiliza exclusivamente bien el D o el L, se desplazaría el equilibrio de la reacción hacia la formación de unos de los enantiómeros, generando productos que puedan ser de interés.

Otro aspecto de la invención se refiere a un método de racemización de aminoácidos 10 que comprende poner en contacto al menos un aminoácido seleccionado de la lista que comprende cisteína, histidina, lisina, leucina, metionina, asparragina, glutamina, arginina, serina, ornitina, homoserina y norleucina con una enzima, aislada o sintética, de ahora en adelante enzima o proteína de la invención, que comprende una secuencia de aminoácidos que tiene al menos un 95%, preferiblemente al menos un 15 98%, más preferiblemente al menos un 99% y aún más preferiblemente un 100% de identidad con respecto a la secuencia SEQ ID NO: 1 como reactivo para la racemización de al menos un aminoácido. En una realización preferida la enzima, aislada o sintética, consiste una secuencia de aminoácidos que tiene al menos un 95%, preferiblemente al menos un 98%, y más preferiblemente al menos un 99% de identidad con respecto a la secuencia SEQ ID NO: 1. De forma aún más preferible, la 20 enzima consiste en la secuencia SEQ ID NO: 1. En una realización preferida el aminoácido es un aminoácido básico, por este motivo, una realización aún más preferida se refiere al método donde el aminoácido es la lisina, la arginina, la glutamina, la histidina y/o la ornitina. En una realización preferida de este aspecto de la 25 invención el aminoácido se encuentra en forma de mezcla racémica o enantiomérica. En otra realización preferida de este aspecto de la invención el aminoácido se encuentra en una forma enantiomérica pura. En una realización aún más preferida, el enantiómero puro es el enantiómero L. En otra realización preferida el aminoácido se encuentra incluido en una mezcla de aminoácidos. En otra realización preferida la 30 enzima se encuentra aislada, es decir, no inmovilizada.

Dada la capacidad de la enzima BsrAb de racemizar los enantiómeros L en enantiómeros D, esta enzima puede ser utilizada por ejemplo en un sistema multienzimático para llevar a cabo un método de obtención de muropéptidos no

canónicos (incorporación de un D-aminoácido diferente a la D-alanina en un muropéptido canónico), a partir de un L-aminoácido, preferiblemente seleccionado de la lista que comprende L-cisteína, L-histidina, L-lisina, L-leucina, L-metionina, L-asparagina, L-glutamina, L-arginina, L-serina, L-homoserina, L-norleucina y L-ornitina,

5 y un muropéptido canónico (no modificado por algún D-aminoácido distinto a los presentes de forma habitual en el peptidoglicano) o un muropéptido no canónico. El sistema multienzimático además de comprender la enzima de la invención ha de incluir al menos una L, D transpeptidasa y/o al menos una ligasa. Estas enzimas pueden ser provenientes del mismo o diferente organismo que la racemasa de la invención.

10

Se entiende por "muropéptido" en la presente invención a cada una de las unidades estructurales que constituyen el peptidoglicano (PG) (disacárido N-acetil glucosamina-N-acetil murámico unido a una cadena peptídica de longitud y composición variable). Estos muropéptidos pueden estar entrecruzados, acetilados, amidados y/o 15 deshidratados (terminales de cadena o anhidro-muropéptidos).

20 Se entiende por "L-D transpeptidasa" en la presente invención, aquella transpeptidasa que presenta la capacidad de formar un enlace peptídico L-D bien entrecruzando muropéptidos a través del meso-diaminopimelato o bien intercambiando el aminoácido C-terminal (posición 4) en un tetrapéptido.

Se entiende por "muropéptido no canónico" en la presente invención al muropéptido que comprende al menos un NCDA.

25 Por todo ello, otro aspecto de la invención se refiere a un método de producción de un muropéptido que comprende:

a) poner en contacto al menos un L-aminoácido seleccionado de la lista que comprende L-cisteína, L-histidina, L-lisina, L-leucina, L-metionina, L-asparagina, L-glutamina, L-arginina, L-serina, L-homoserina, L-norleucina y L-ornitina con la enzima

30 BsrAb para racemizar el aminoácido a su forma D, y

b) poner en contacto el D-aminoácido obtenido en (a) con un muropéptido y al menos una L, D transpeptidasa y/o al menos una ligasa.

En una realización preferida de este aspecto de la invención se refiere al método donde la identidad de la enzima del paso (a) con respecto a la secuencia SEQ ID NO: 1 es de al menos un 98%, más preferiblemente un 99%. En otra realización aún más preferida la enzima comprende la secuencia de aminoácidos SEQ ID NO: 1. En una 5 realización aún más preferida, la enzima consiste en la secuencia de aminoácidos SEQ ID NO: 1.

Otra realización preferida de este aspecto de la invención se refiere al método donde el muropéptido que se sintetiza es un muropéptido no canónico.

10

En una realización preferida de este aspecto de la invención el aminoácido del paso (a) se encuentra incluido en una mezcla racémica o mezcla enantiomérica. En otra realización preferida el aminoácido de partida se encuentra en una forma enantiomérica pura. En otra realización preferida el aminoácido del paso (a) se 15 encuentra en una mezcla compleja de aminoácidos. En otra realización preferida de este aspecto de la invención, la L, D transpeptidasa del paso (b) es LdtA (codificada por el locus *vc1268* de *V. cholerae* N16961) o cualquiera de sus ortólogos L,D-transpeptidasas en otras bacterias. En una realización aún más preferida la enzima LdtA carece de dominio transmembrana por lo que puede ser empleada en mezclas de 20 reacción enzimática libres de detergentes. En otra realización preferida la ligasa del paso (b) es Vc-Ddl (codificada por el locus *vca0572* de *V. cholerae* N16961) y/o Vc-MurF (codificada por el locus *vc2405* de *V. cholerae* N16961) o cualquiera de sus ortólogos Ddl/MurF en otras bacterias. En otra realización preferida cualquiera de las 25 enzimas BsrAb, y/o L,D transpeptidasa y/o ligasa se encuentran aisladas (es decir, puras).

Se entiende por "mezcla compleja de aminoácidos" aquella mezcla que comprende varios aminoácidos donde algunos de ellos se van a racemizar y otros no, de modo que sólo se incorporan al muropéptido aquellos que racemizan. Esta mezcla conlleva 30 que la reacción de racemización sea más económica.

Mediante el sistema descrito se obtienen por ejemplo, los muropéptidos muro3-X (es decir, la sustitución se realiza en la posición 4) y muro4-X (es decir, la sustitución se realiza en la posición 5). Por todo ello, en una realización preferida de este aspecto de

la invención, el muropéptido que se produce es muro3-X o muro4-X donde X es cualquier aminoácido en su forma D distinto de la D-alanina. En una realización más preferida X es cualquier aminoácido seleccionado de la lista que comprende D-cisteína, D-histidina, D-lisina, D-leucina, D-metionina, D-asparagina, D-glutamina, D-arginina, D-serina, D-ornitina, D-homoserina y D-norleucina. En otra realización más preferida el aminoácido es un aminoácido básico en su forma D. En una realización aún más preferida X es arginina.

A lo largo de la descripción y las reivindicaciones la palabra "comprende" y sus variantes no pretenden excluir otras características técnicas, aditivos, componentes o pasos. Para los expertos en la materia, otros objetos, ventajas y características de la invención se desprenderán en parte de la descripción y en parte de la práctica de la invención. Los siguientes ejemplos y figuras se proporcionan a modo de ilustración, y no se pretende que sean limitativos de la presente invención.

15

### **BREVE DESCRIPCIÓN DE LAS FIGURAS**

Figura 1. En la figura se muestra una representación esquemática de la metodología realizada mediante racemización y posterior derivatización con el reactivo de Marfey (FDAA, 1-fluoro-2-4-dinitrofenil-5-L-alanina amida).

Figura 2. Cromatogramas obtenidos después de realizar ensayos de racemización de BsrAb con alanina y ser derivatizados con FDAA y analizados en el HPLC. El eje X corresponde a tiempo representado en minutos. El eje Y a Absorbancia a 340 nm.

25

Figura 3. Cromatogramas obtenidos después de realizar ensayos de racemización de BsrAb con cisteína y ser derivatizados con FDAA y analizados en el HPLC. El eje X corresponde a tiempo representado en minutos. El eje Y a Absorbancia a 340 nm.

30 Figura 4. Cromatogramas obtenidos después de realizar ensayos de racemización de BsrAb con histidina y ser derivatizados con FDAA y analizados en el HPLC. El eje X corresponde a tiempo representado en minutos. El eje Y a Absorbancia a 340 nm.

Figura 5. Cromatogramas obtenidos después de realizar ensayos de racemización de

BsrAb con lisina y ser derivatizados con FDAA y analizados en el HPLC. El eje X corresponde a tiempo representado en minutos. El eje Y a Absorbancia a 340 nm.

Figura 6. Cromatogramas obtenidos después de realizar ensayos de racemización de  
5 BsrAb con leucina y ser derivatizados con FDAA y analizados en el HPLC. El eje X corresponde a tiempo representado en minutos. El eje Y a Absorbancia a 340 nm.

Figura 7. Cromatogramas obtenidos después de realizar ensayos de racemización de  
10 BsrAb con metionina y ser derivatizados con FDAA y analizados en el HPLC. El eje X corresponde a tiempo representado en minutos. El eje Y a Absorbancia a 340 nm.

Figura 8. Cromatogramas obtenidos después de realizar ensayos de racemización de  
BsrAb con asparragina y ser derivatizados con FDAA y analizados en el HPLC. El eje X corresponde a tiempo representado en minutos. El eje Y a Absorbancia a 340 nm.

15 Figura 9. Cromatogramas obtenidos después de realizar ensayos de racemización de  
BsrAb con glutamina y ser derivatizados con FDAA y analizados en el HPLC. El eje X corresponde a tiempo representado en minutos. El eje Y a Absorbancia a 340 nm.

20 Figura 10. Cromatogramas obtenidos después de realizar ensayos de racemización de  
BsrAb con arginina y ser derivatizados con FDAA y analizados en el HPLC. El eje X corresponde a tiempo representado en minutos. El eje Y a Absorbancia a 340 nm.

Figura 11. Cromatogramas obtenidos después de realizar ensayos de racemización de  
25 BsrAb con serina y ser derivatizados con FDAA y analizados en el HPLC. El eje X corresponde a tiempo representado en minutos. El eje Y a Absorbancia a 340 nm.

30 Figura 12. Cromatogramas obtenidos después de realizar ensayos de racemización de  
BsrAb con ornitina y ser derivatizados con FDAA y analizados en el HPLC. El eje X corresponde a tiempo representado en minutos. El eje Y a Absorbancia a 340 nm.

Figura 13. Cromatogramas obtenidos después de realizar ensayos de racemización de  
BsrAb con homoserina y ser derivatizados con FDAA y analizados en el HPLC. El eje X corresponde a tiempo representado en minutos. El eje Y a Absorbancia a 340 nm.

Figura 14. Cromatogramas obtenidos después de realizar ensayos de racemización de BsrAb con norleucina y ser derivatizados con FDAA y analizados en el HPLC. El eje X corresponde a tiempo representado en minutos. El eje Y a Absorbancia a 340 nm.

5

Figura 15. Ejemplo de producción de muropéptidos. A, esquema de la reacción acoplada de la racemasa BsrAb y la Ldt (Ld-transpeptidasa) para generar muropéptidos modificados. La enzima Ldt sustituye el amino acido terminal en los muropéptidos. Dado que esta enzima tan solo utiliza D-aminoácidos, se desplaza el equilibrio de la reacción reduciendo progresivamente el porcentaje de aminoácidos D libres. Este hecho, a su vez, implica que la racemasa BsrAb convierte L- en D-aminoácidos para restablecer constantemente el equilibrio entre enantiómeros los cuales terminarán incorporados en su totalidad en la estructura del muropéptido. BsrAb corresponde a la racemasa y Ldt corresponde a una Ld-transpeptidasa. M4 corresponde al muropéptido habitual (N-acetilglucosamina-N-acetilmurámico-L-alanina-D-glutámico-meso-Diaminopimelico-D-alanina) y M4<sup>aa</sup> corresponde a un M4 en el que se ha sustituido la alanina final por un D-aminoácido. B, cromatogramas de la reacción acoplada durante dos horas con la racemasa BsrAb y la Ldta de *Vibrio cholerae*. El eje X corresponde a tiempo representado en minutos. El eje Y a Absorbancia a 204 nm.

## EJEMPLOS

A continuación se ilustrará la invención mediante unos ensayos realizados por los

25 inventores, que pone de manifiesto la efectividad del uso de la enzima de la invención.

### Ejemplo 1: Producción y Purificación de BsrAb

La racemasa de amplio espectro BsrAb es expresada de forma heteróloga en

30 *Escherichia coli* BL21 (DE3). Para ello, el gen codificante de BsrAb (codificada por el locus YP\_001084387 de *Acinetobacter baumannii* ATCC 17978) fue amplificado por PCR usando para ello oligonucleótidos (colección del laboratorio de Felipe Cava: FCP44: SEQ ID NO: 2 5'-aatctagataaggaggataccatgcaattggccatgctgcaccttactc- 3' (sentido) y FCP45: SEQ ID NO: 3 5'-aaagcggccgcctcagcggttgctgcaactttactattgg-3')

(antisentido o reverso) que portaban sitios de restricción apropiados (XbaI, NotI) para su posterior clonaje en el vector pET28b (Novagen). Además, el oligonucleótido reverso adicionaba una diana de restricción NotI permitiendo la utilización de la secuencia codificante de 6 histidinas (6His) justo antes del codón de terminación, del 5 vector pET28b. La fusión de las 6His en el extremo C-terminal de BsrAb permite su posterior purificación mediante cromatografía de afinidad Ni-NTA (Qiagen). La purificación se realizó en tampón Tris-HCl 150mM pH7,5; 0,2M NaCl; 10% Glicerol, y se eluyó la enzima de la columna competitivamente mediante el mismo tampón 10 suplementado con imidazol 0,5M. El imidazol fue eliminado al dializar las muestras contra un tampón Tris HCl 20mM pH7,5. Finalmente las muestras fueron concentradas a 10mg/ml usando centricones (*Centrifugal Filter Units*, Millipore).

#### **Ejemplo 2: Ensayo *in vitro* de racemización**

15 Para caracterizar el espectro de aminoácidos utilizables por BsrAb se incubó en buffer bicarbonato 30 mM (pH 8) 1 µg de BsrAb con 20 mM del L-aminoácido deseado. La reacción se prolongó durante 15 min tras los cuales se inactivó BsrAb hirviendo la muestra durante 5 min y centrifugando para eliminar el precipitado (BsrAb desnaturalizada). La actividad de BsrAb fue probada con actividad siempre mayor del 20 >90% con tampones Tris-HCl, PBS, CHES así como pH entre 6,5 y 9.

La enzima BsrAb utilizó varios aminoácidos como sustratos (ver figuras 1 a 14) y todos ellos los transformó en su forma enantiomérica hasta alcanzar una relación 50% 25 aproximadamente entre las formas enantioméricas, demostrándose así que la reacción era reversible. Como la reacción de racemización alcanzaba un equilibrio, esto implica que la enzima no sólo utilizó el L-aminoácido como sustrato sino también la forma enantiomérica D, demostrándose así la utilidad tanto en la racemización de enantiómeros L como D.

30 Además, se utilizaron tanto enantiómeros puros como mezclas racémicas. En las mezclas racémicas se utilizaron mezclas del mismo aminoácido tanto en su forma L como en su forma D.

#### **Ejemplo 3: Cuantificación de la actividad BsrAb**

Para cuantificar la actividad BsrAb es necesario separar cromatográficamente las formas enantioméricas. Esto es posible gracias al reactivo de Marfey (1-fluoro-2,4-dinitrofenil-5-L-alanina amida), el cual reacciona con los grupos amino primarios de los 5 aminoácidos alterando su tiempo de retención en cromatografía en fase reversa (ver esquema en fig. 1).

Para la derivatización se siguieron las indicaciones técnicas del distribuidor (*Thermo Scientific Pierce*). La reacción tiene lugar durante 5 min a 80°C y se detiene agregando 10 un volumen de HCl 1 M ,tal y como se describe en (Bhushan and Bruckner, 2004).

Los resultados indicaron que al cabo de 5 minutos BsrAb convirtió el 50% (alcanzado el equilibrio) de los siguientes aminoácidos: Ala (fig. 2), Cys (fig. 3), His (fig. 4), Lys (fig. 5), Leu (fig. 6), Met (fig. 7), Asn (fig. 8), Gln (fig. 9), Arg (fig. 10), Ser (fig. 11), 15 Ornitina (fig. 12), homoserina (fig. 13) y norleucina (fig. 14). Al cabo de 90 minutos se confirmó que el resto de aminoácidos naturales no fueron racemizados en modo alguno por lo que la especificidad de BsrAb queda restringida a los aminoácidos mencionados anteriormente. Entre los aminoácidos naturales no racemizados se encuentran los siguientes: glutámico, aspártico, isoleucina, valina, treonina, 20 fenilalanina, tirosina, triptófano y prolina.

Por lo tanto, la BsrAb es una racemasa de amplio espectro. Este amplio espectro de racemización es sorprendente puesto que no es lo esperado en racemadas monoespecíficas (como pueden ser las alaninas racemadas monoespecíficas).

25

#### **Ejemplo 4: Formación de muropéptidos**

La formación de muropéptidos mediante la enzima BsrAb consistió en el intercambio del último aminoácido terminal (alanina) por otro de interés, ver figura 15, según el 30 protocolo descrito en Cava F *et al.* 2011 *The EMBO Journal* 30:3442-3453. En la reacción se utilizó la racemasa BsrAb y una Ldt (Ld-transpeptidasa) para generar muropéptidos modificados, en la cual a partir de una mezcla racémica, (como la Ldt es enantioespecífica para las formas D) se desplazó el equilibrio de la reacción (favoreciendo la formación del D) y se cambió la alanina terminal por el aminoácido de interés.

## REIVINDICACIONES

1. Uso de una enzima que comprende una secuencia de aminoácidos que tiene al menos un 95% de identidad con respecto a la secuencia SEQ ID NO: 1 como catalizador para la racemización de al menos un aminoácido seleccionado de la lista que comprende cisteína, histidina, lisina, leucina, metionina, asparragina, glutamina, arginina, serina, ornitina, homoserina y norleucina.
2. Uso de una enzima según la reivindicación 1 donde la identidad con respecto a la secuencia SEQ ID NO: 1 es de al menos un 98%.
3. Uso de una enzima según la reivindicación 2 donde la identidad con respecto a la secuencia SEQ ID NO: 1 es de al menos un 99%.
4. Uso de una enzima según la reivindicación 3 donde la enzima comprende la secuencia de aminoácidos SEQ ID NO: 1.
5. Uso de una enzima según la reivindicación 4 donde la enzima consiste en la secuencia de aminoácidos SEQ ID NO: 1.
6. Uso según cualquiera de las reivindicaciones 1 a 5 donde el aminoácido es al menos un aminoácido seleccionado de la lista que comprende la histidina, la lisina, la arginina, la ornitina y la glutamina.
7. Uso según cualquiera de las reivindicaciones 1 a 6 donde la racemización se hace a partir de una mezcla enantiomérica.
8. Uso según cualquiera de las reivindicaciones 1 a 6 donde la racemización se hace a partir de un enantiómero puro.
9. Uso según la reivindicación 8 donde el enantiómero puro es el enantiómero L.
10. Uso según cualquiera de las reivindicaciones 1 a 9, donde la racemización se hace a partir de una mezcla de aminoácidos.

11. Uso según cualquiera de las reivindicaciones 1 a 10 donde la enzima se encuentra inmovilizada.

5    12. Método de racemización de aminoácidos que comprende poner en contacto al menos un aminoácido seleccionado de la lista que comprende cisteína, histidina, lisina, leucina, metionina, asparragina, glutamina, arginina, serina, ornitina, homoserina y norleucina con una enzima que comprende una secuencia de aminoácidos que tiene al menos un 95% de identidad con respecto a la secuencia SEQ ID NO: 1.

10    13. Método según la reivindicación 12 donde la identidad con respecto a la secuencia SEQ ID NO: 1 es de al menos un 98%.

14. Método según la reivindicación 13 donde la identidad con respecto a la secuencia

15    SEQ ID NO: 1 es de al menos un 99%.

15. Método según la reivindicación 14 donde la enzima comprende la secuencia de aminoácidos SEQ ID NO: 1.

20    16. Método según la reivindicación 15 donde la enzima consiste en la secuencia de aminoácidos SEQ ID NO: 1

17. Método según cualquiera de las reivindicaciones 12 a 16 donde el aminoácido es al menos un aminoácido seleccionado de la lista que comprende la histidina, la lisina, la arginina, la ornitina y la glutamina.

25    18. Método según cualquiera de las reivindicaciones 12 a 17 donde la racemización se hace a partir de una mezcla enantiomérica.

30    19. Método según cualquiera de las reivindicaciones 12 a 17 donde la racemización se hace a partir de un enantiómero puro.

20. Método según la reivindicación 19 donde el enantiómero puro es el enantiómero L.

21. Método según cualquiera de las reivindicaciones 12 a 20, donde la racemización se hace a partir de una mezcla de aminoácidos.

22. Método según cualquiera de las reivindicaciones 12 a 21 donde la enzima se 5 encuentra inmovilizada.

23. Método de producción de un muropéptido que comprende:

a) Poner en contacto al menos un L-aminoácido seleccionado de la lista que comprende cisteína, histidina, lisina, leucina, metionina, asparagina, glutamina, 10 arginina, serina, ornitina, homoserina y norleucina con una enzima que comprende una secuencia de aminoácidos que tiene al menos un 95% de identidad con respecto a la secuencia SEQ ID NO: 1 para racemizar el aminoácido a su forma D, y

b) poner en contacto el D-aminoácido obtenido en (a) con un muropéptido y al menos una L, D transpeptidasa y/o al menos una ligasa.

15

24. Método según la reivindicación 23 donde la identidad de la enzima con respecto a la secuencia SEQ ID NO: 1 es de al menos un 98%.

25. Método según la reivindicación 24 donde la identidad de la enzima con respecto a 20 la secuencia SEQ ID NO: 1 es de al menos un 99%.

26. Método según la reivindicación 25 donde la enzima comprende la secuencia de aminoácidos SEQ ID NO: 1.

25 27. Método según la reivindicación 26 donde la enzima consiste en la secuencia de aminoácidos SEQ ID NO: 1.

28. Método según cualquiera de las reivindicaciones 23 a 27 donde el muropéptido que se sintetiza es un muropéptido no canónico.

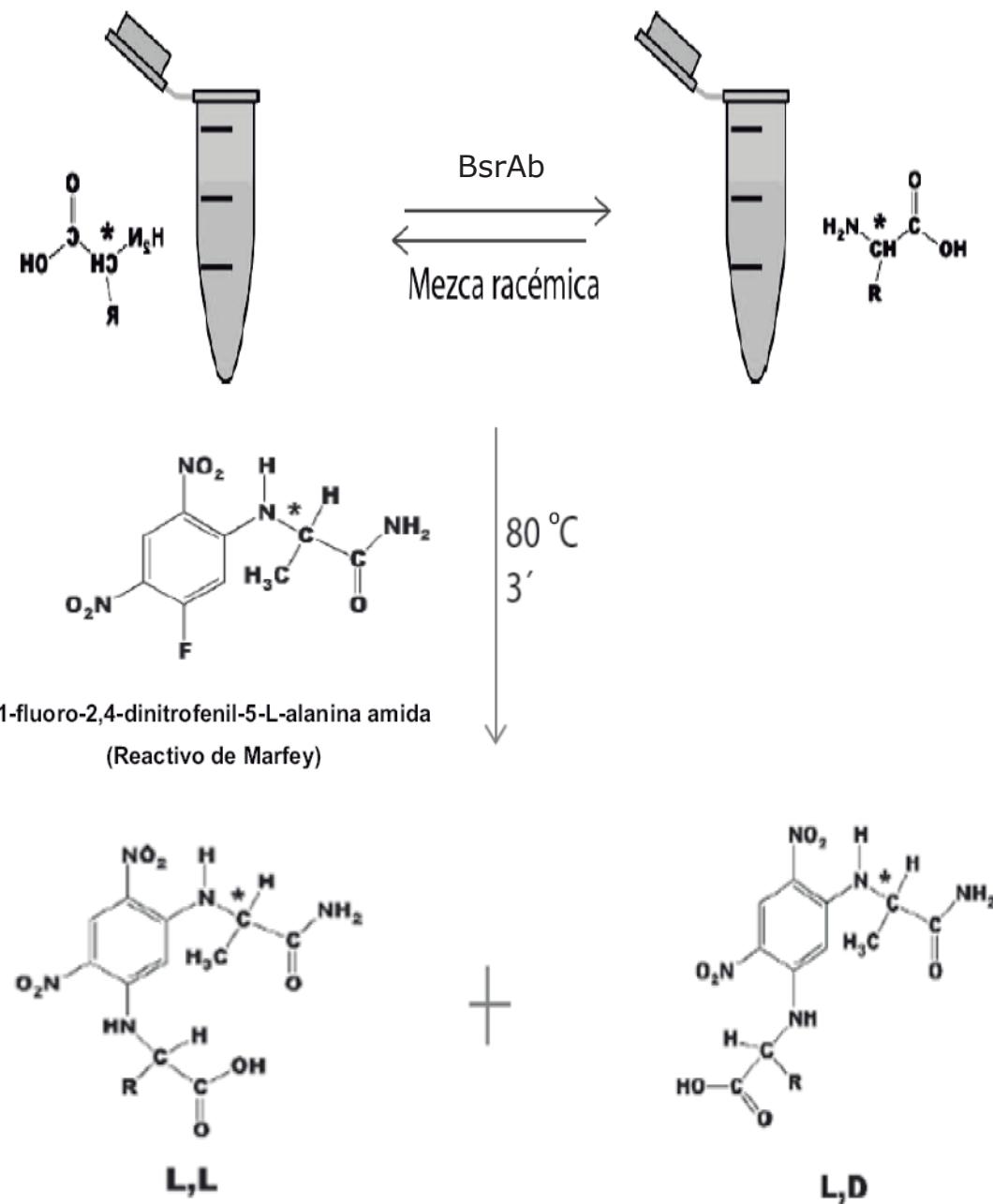
30

29. Método según cualquiera de las reivindicaciones 23 a 28 donde el aminoácido del paso (a) se encuentra en forma de mezcla enantiomérica.

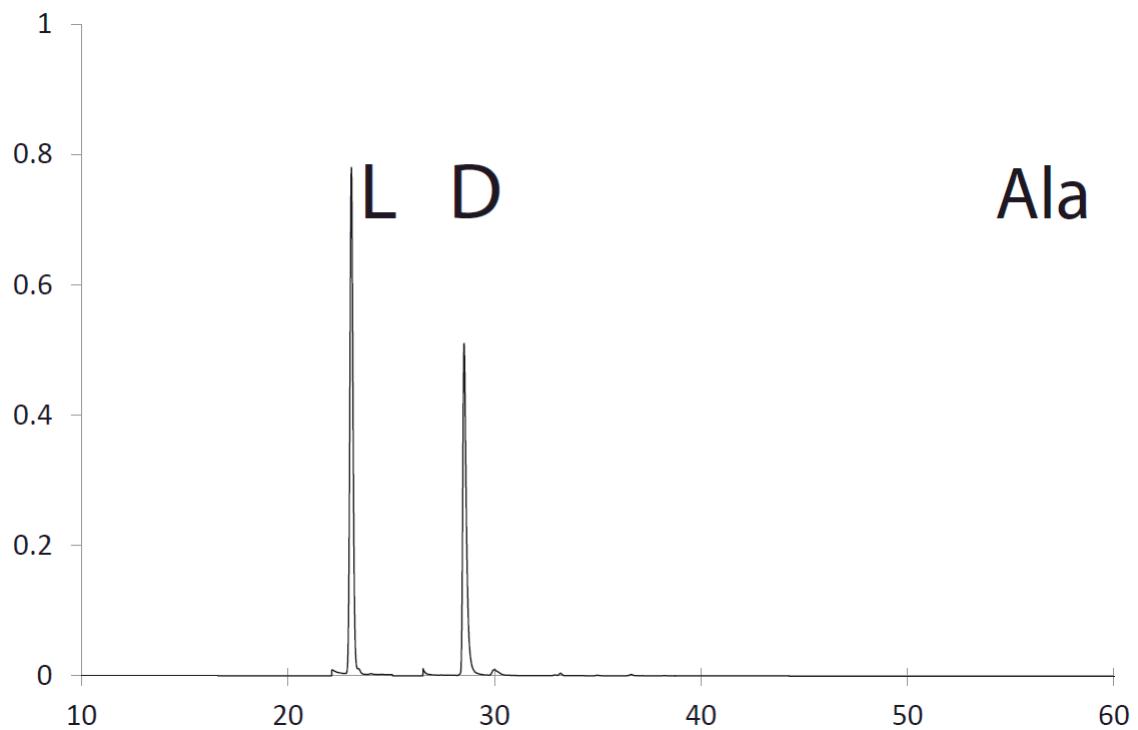
30. Método según cualquiera de las reivindicaciones 23 a 29 donde el aminoácido del paso (a) se encuentra en una forma enantiomérica pura.

31. Método según cualquiera de las reivindicaciones 23 a 30 donde el aminoácido del  
5 paso (a) se encuentra en una mezcla de aminoácidos.

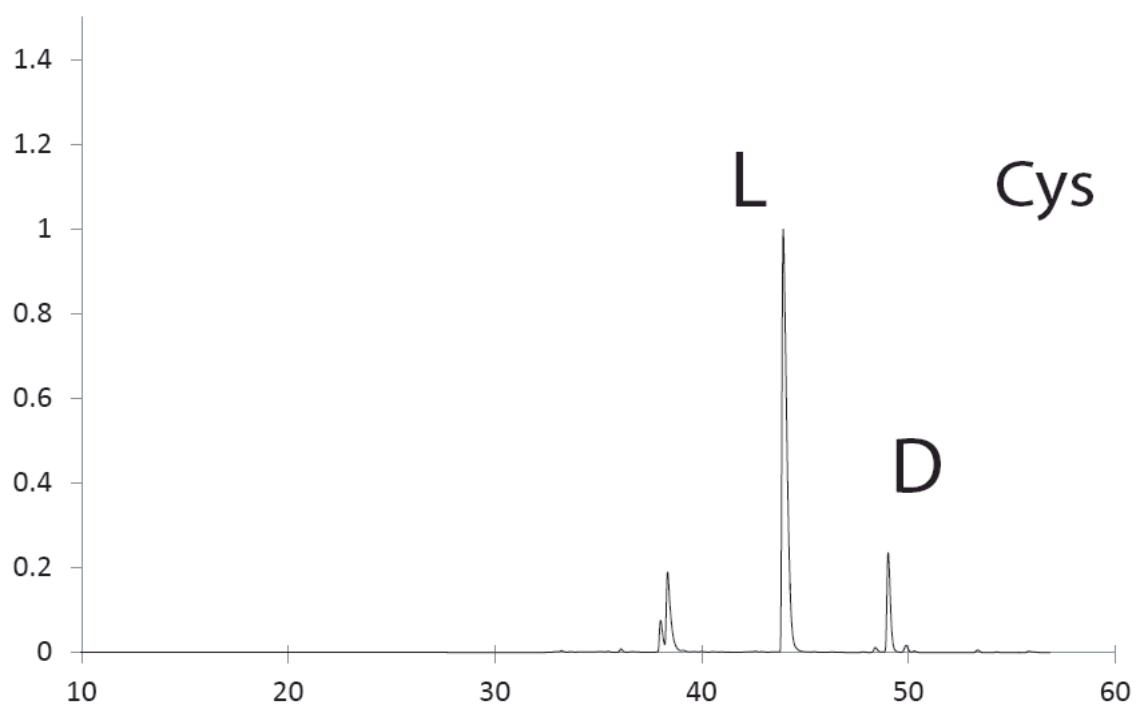
FIG 1



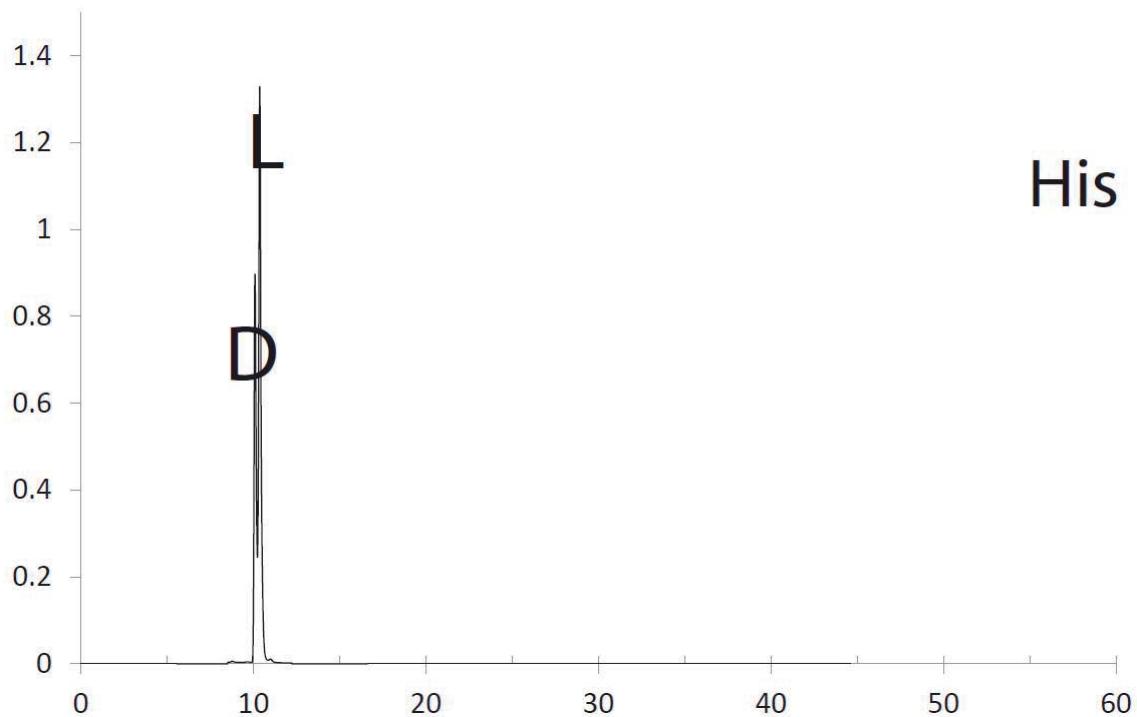
**FIG.2**



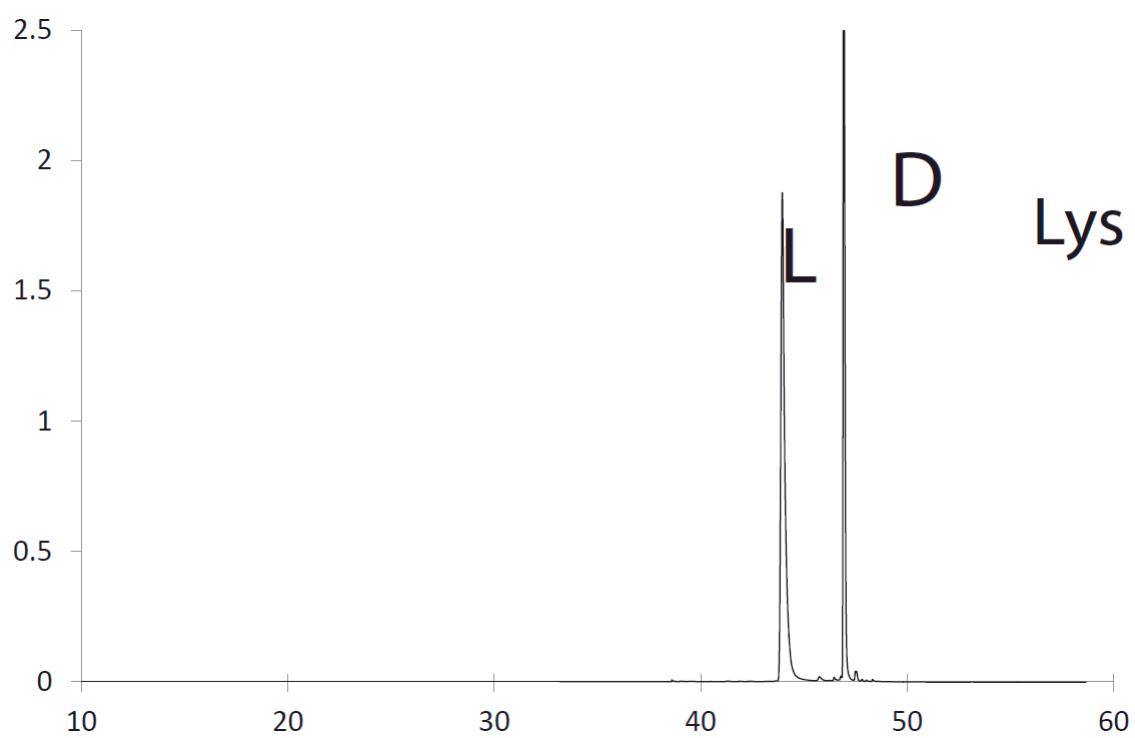
**FIG 3**



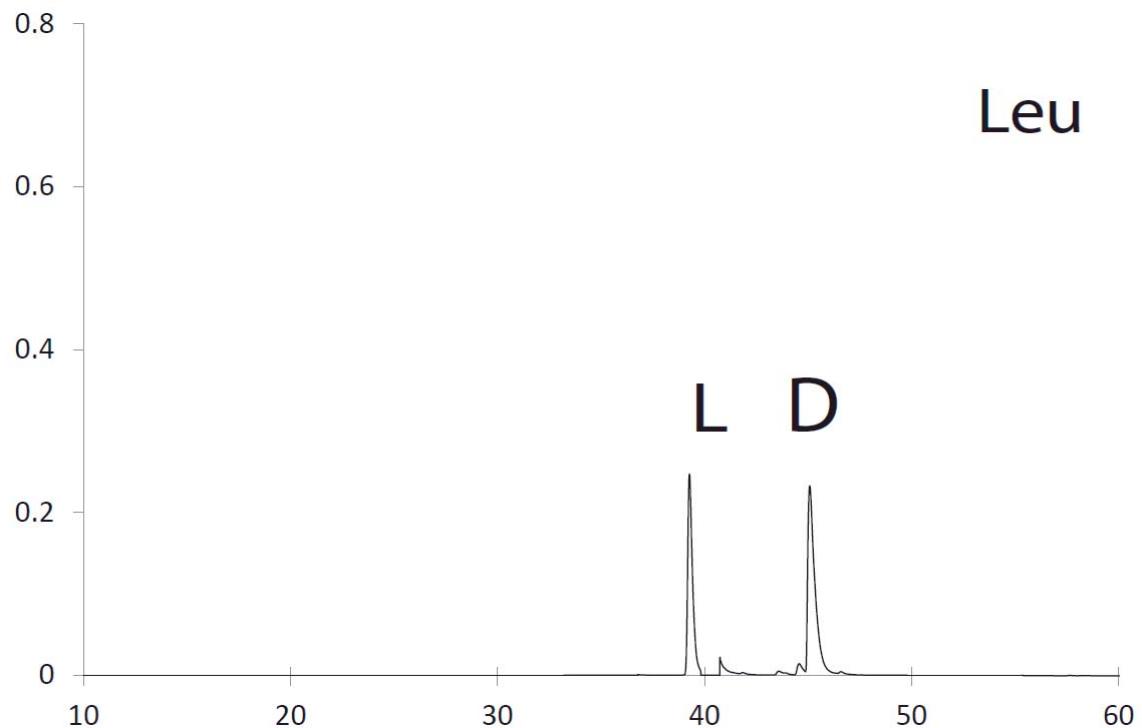
**FIG.4**



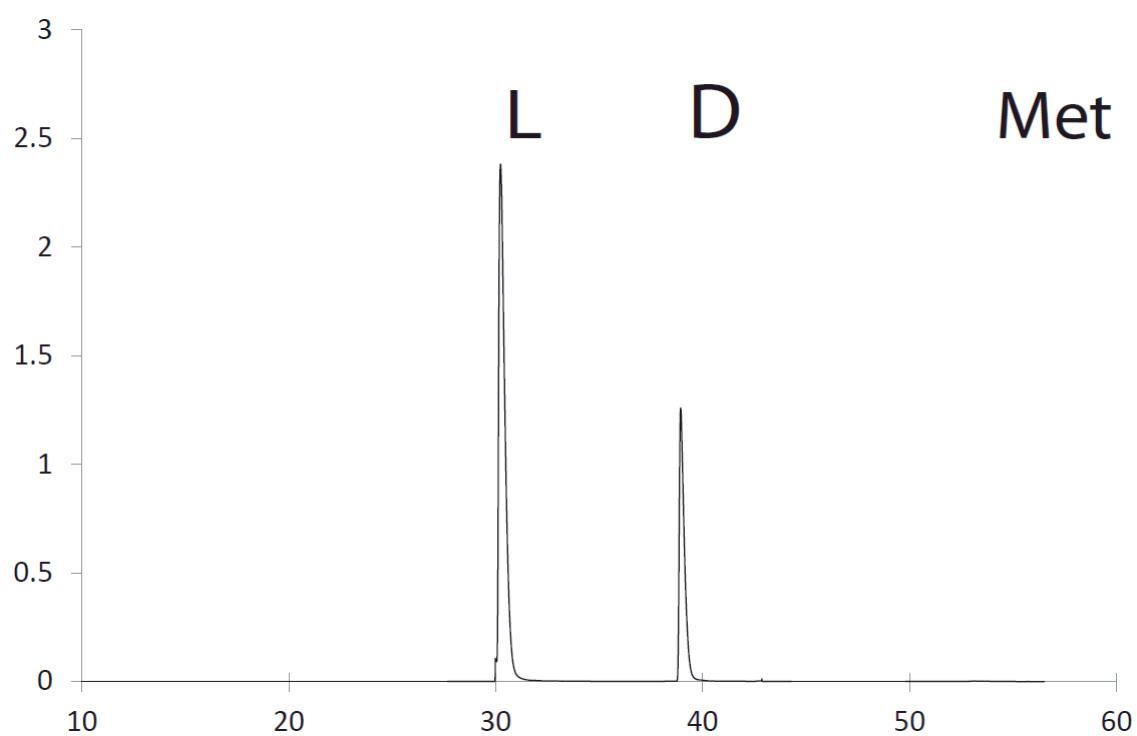
**FIG.5**



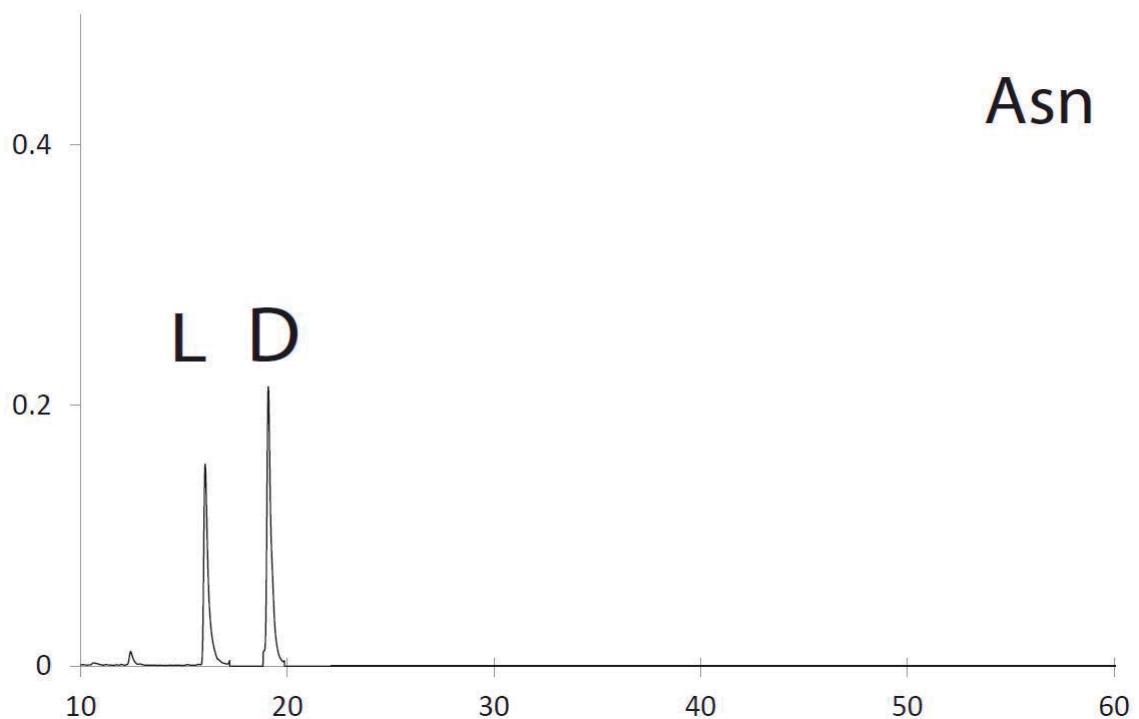
**FIG.6**



**FIG.7**

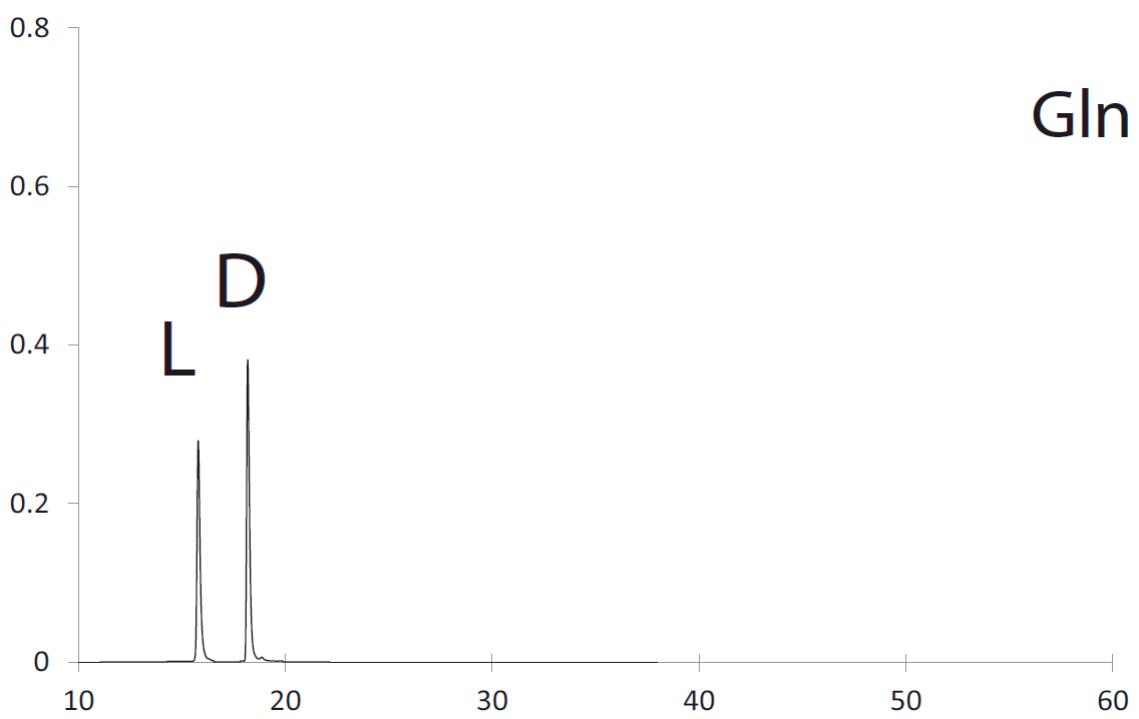


**FIG.8**



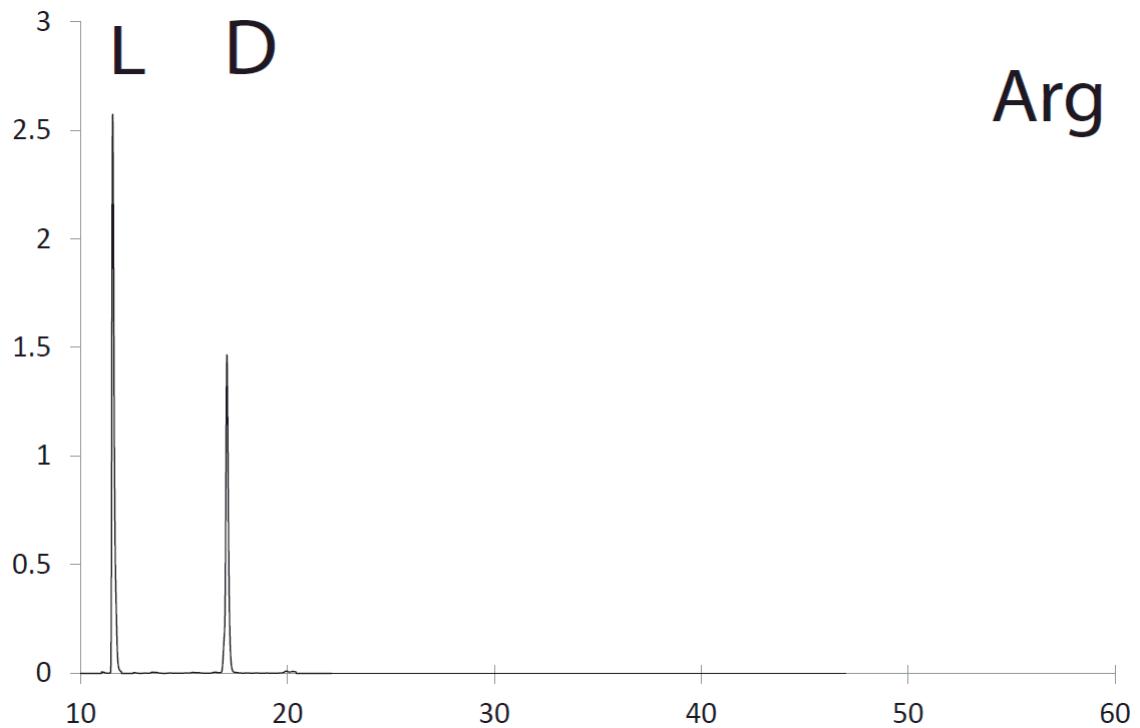
Asn

**FIG.9**



Gln

**FIG.10**



**FIG.11**

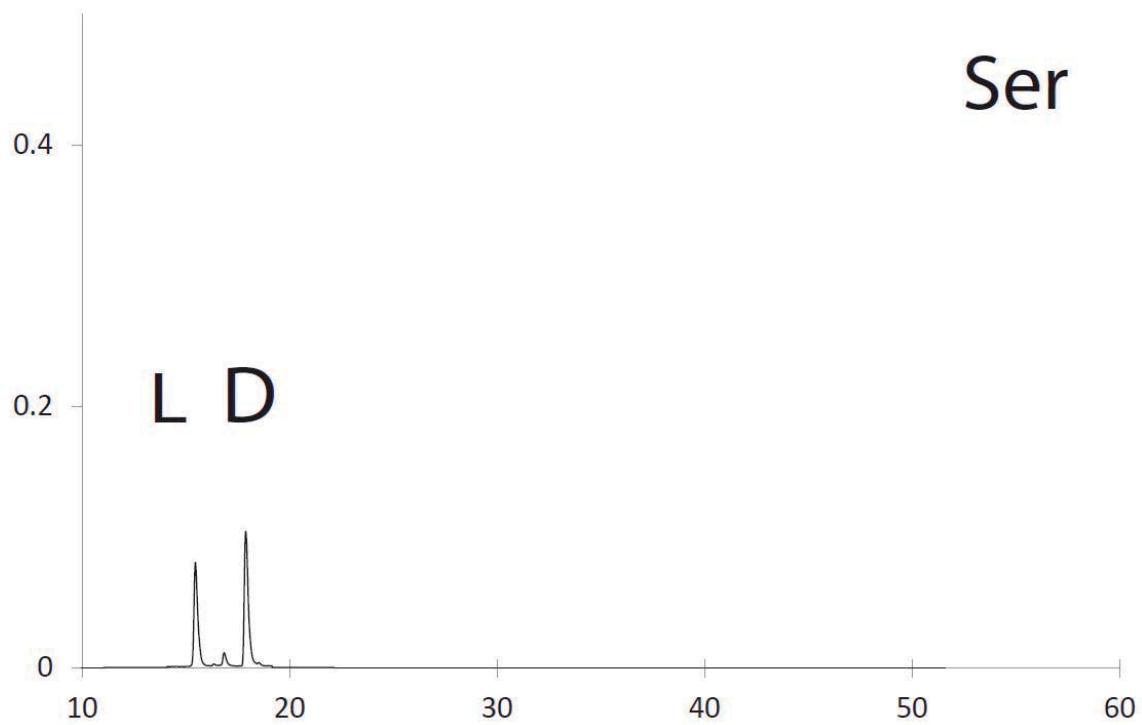


FIG.12

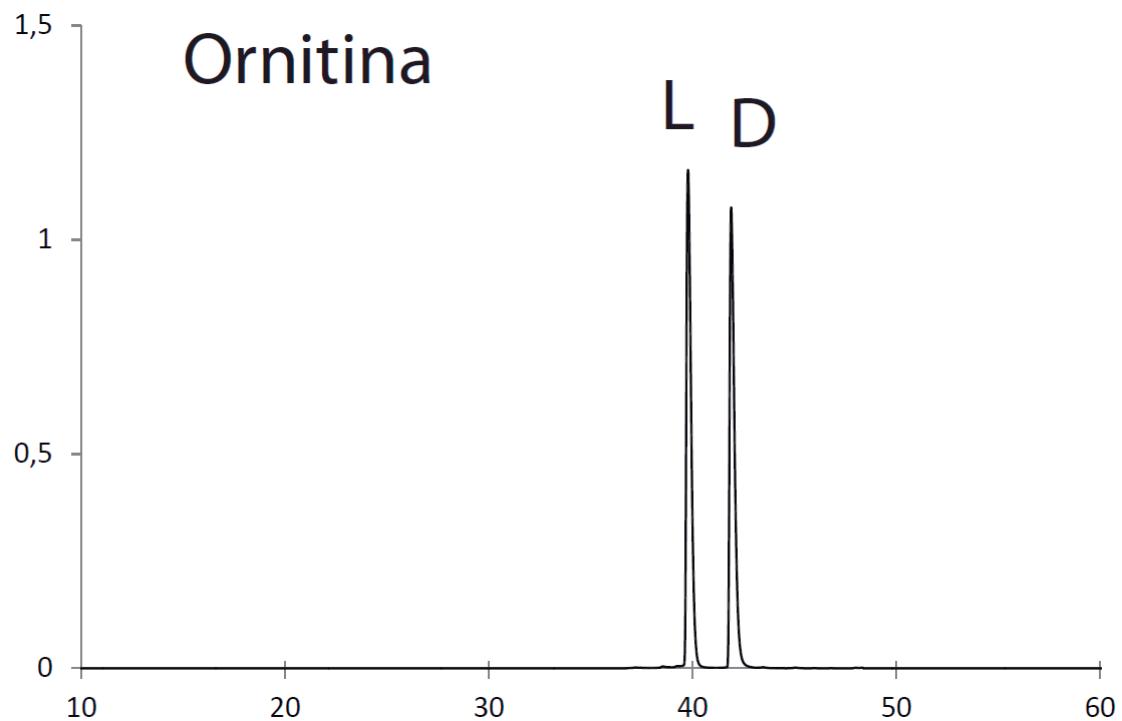


FIG.13

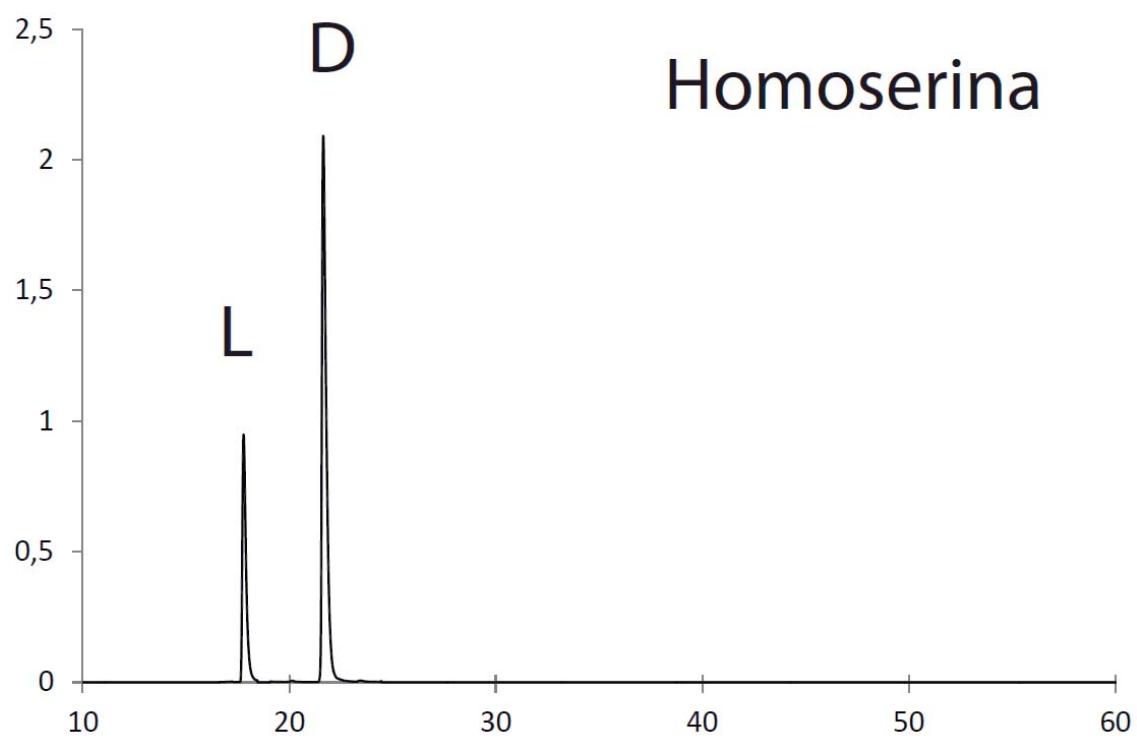


FIG.14

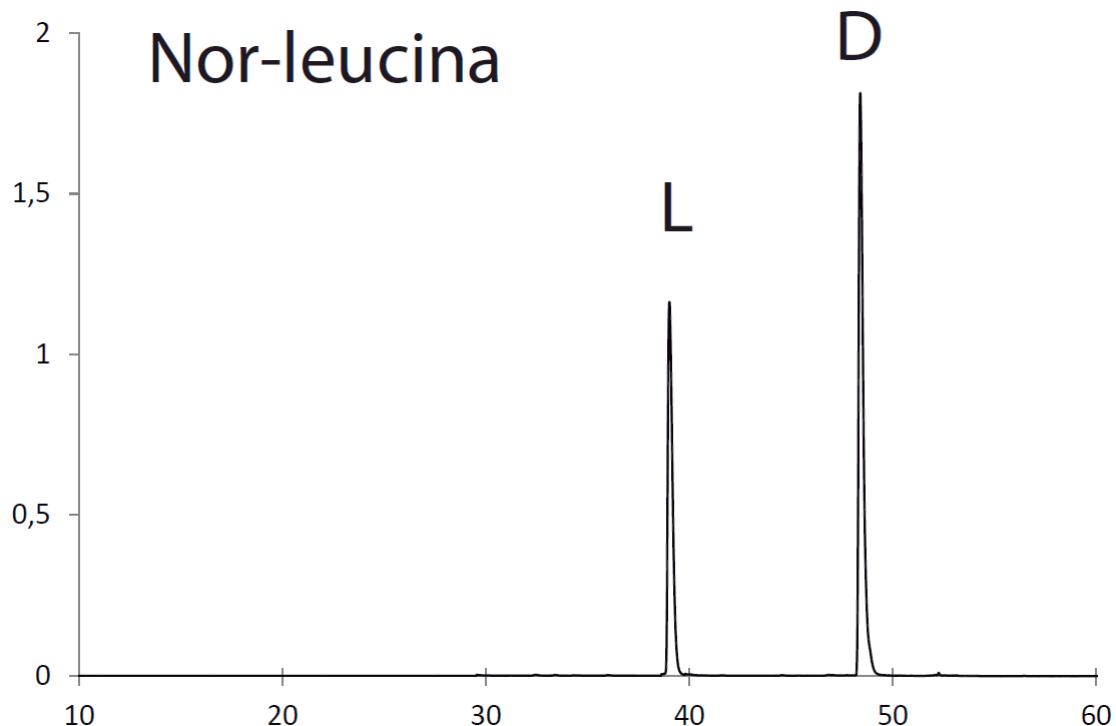
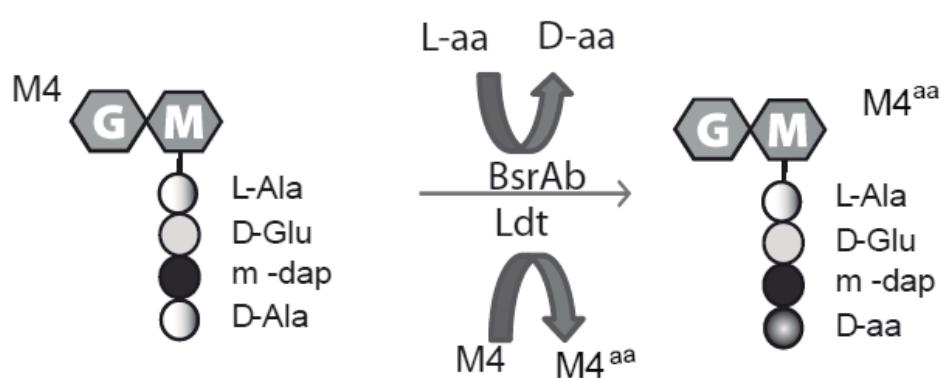
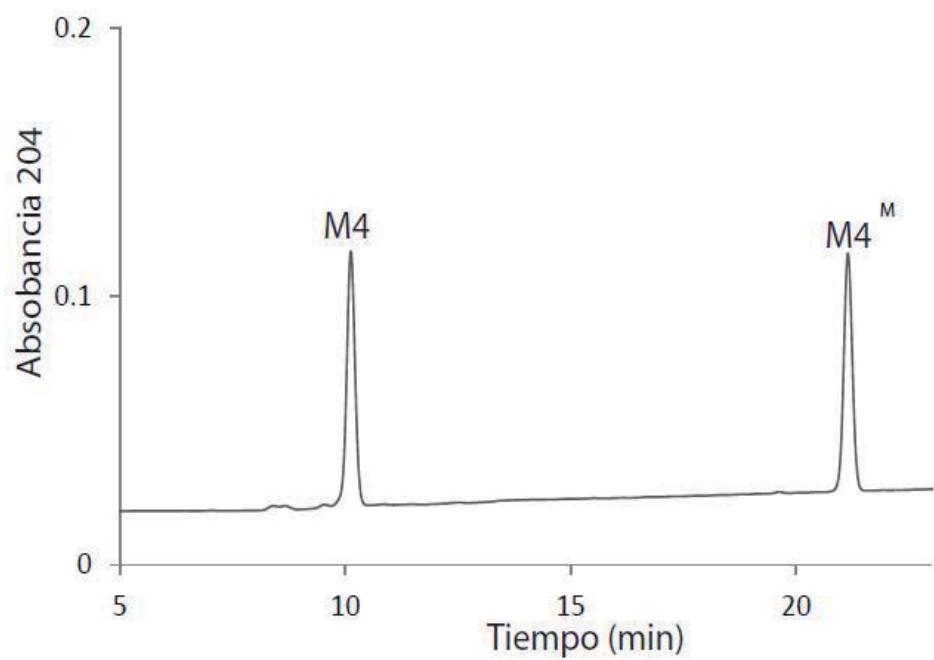


FIG.15 A



**FIG.15 B**



## LISTADO DE SECUENCIAS

<110> Universidad Autónoma de Madrid  
 <120> Racemasa BsrAb para la racemización de aminoácidos  
 <130> ES1595.47  
 <160> 3  
 <170> PatentIn version 3.5  
 <210> 1  
 <211> 409  
 <212> PRT  
 <213> Acetinobacter baumannii  
 <400> 1

Met Gln Phe Ala His Ala Ala Pro Leu Leu Thr Ser His Ile Thr Asn  
 1 5 10 15

Glu Val Ser Pro Ala Pro Thr Ala Asn Ala Trp Ile Glu Val Asp Thr  
 20 25 30

Gln Ala Phe Glu Asp Asn Ile Lys Arg Thr Asn Gln Leu Leu Asn Gly  
 35 40 45

Lys Thr Gln Leu Cys Val Val Met Lys Ala Asn Ala Tyr Gly His Ser  
 50 55 60

Ile Asp Leu Leu Met Pro Ser Val Met Lys Leu Asn Val Ser Cys Ile  
 65 70 75 80

Gly Ile Thr Ser Asn Ala Glu Ala Ala Met Val Arg Lys His Gly Tyr  
 85 90 95

Lys Gly Lys Ile Thr Arg Leu Arg Thr Ala Thr Asp Ser Glu Ile Ile  
 100 105 110

Asn Ala His Ala Leu Asn Ile Glu Glu Leu Leu Gly Asn Tyr Asp Gln  
 115 120 125

Ala Thr Arg Ile Ser Lys Trp Ala Glu Ala Asn Asn Thr Thr Val His  
 130 135 140

Tyr Ser Leu Ala Leu Asn Ser Gly Gly Met Asp Arg Asn Gly Leu Glu  
 145 150 155 160

Met Ser Thr Ala Gln Gly Lys Glu Gln Ala Val Ala Ile Thr Lys Leu  
 165 170 175

Pro Asn Leu Lys Ile Asp Gly Ile Met Thr His Tyr Ala Val Glu Asp  
 180 185 190

Glu Lys Tyr Val Arg Glu Arg Leu Ala Gln Phe Asn Glu Gln Thr Ala  
 195 200 205

Trp Leu Ile Lys Lys Ala Lys Leu Asn Arg Lys Glu Leu Thr Leu His  
 210 215 220

Thr Ala Asn Ser Phe Ala Thr Val Asn Val Pro Glu Ser His Leu Asp  
 225 230 235 240

Met Val Arg Ala Gly Ala Ile Ile Tyr Gly Asp Phe Pro Asn His Pro  
 245 250 255

Glu Tyr Lys Arg Met Met Ala Phe Lys Thr Gln Ile Ala Ala Val Asn  
 260 265 270

Asn Tyr Leu Lys Gly Ser Thr Val Gly Tyr Asp Gln Thr Tyr Thr Leu  
 275 280 285

Thr Arg Asp Ser Lys Leu Ala Asn Leu Pro Val Gly Tyr Ser Asp Gly  
 290 295 300

Tyr Arg Arg Ser Phe Ser Asn Lys Ala Phe Val Leu Val Asn Gly Gln  
 305 310 315 320

Lys Ala Pro Val Val Gly Arg Val Ser Met Asn Thr Val Met Val Asp  
 325 330 335

Val Thr Asp Ile Pro Glu Ala Lys Ala Gly Asp Glu Val Val Leu Phe  
 340 345 350

Gly Arg Gln Gly Asn Ala Glu Val Gln Ser Ser Asp Leu Thr Ser Leu  
 355 360 365

Thr Gly His Ile Leu Thr Glu Ala Tyr Thr Pro Trp Ser Asn Ser Asn  
 370 375 380

Pro Gln Val Ile Lys Pro Ile Gln Ser Pro Gln Gln Val Ile Leu Thr  
 385 390 395 400

Asn Ser Lys Val Ala Ala Thr Ala Glu  
 405

<210> 2  
 <211> 53  
 <212> DNA  
 <213> Secuencia artificial

<220>  
 <223> oligonucleótido sentido

<400> 2  
 aatctagata aggaggatat accatgcaat ttgccccatgc tgcaccttta ctc

53

<210> 3  
 <211> 40  
 <212> DNA

<213> secuencia artificial

<220>

<223> oligonucleótido antisentido

<400> 3

aaagcggccg cctcagcggt tgctgcaact ttactattgg

40



②1 N.º solicitud: 201331890

②2 Fecha de presentación de la solicitud: 20.12.2013

③2 Fecha de prioridad:

## INFORME SOBRE EL ESTADO DE LA TECNICA

⑤1 Int. Cl.: **C12P13/04** (2006.01)  
**C12P21/00** (2006.01)

### DOCUMENTOS RELEVANTES

Categoría	⑥6 Documentos citados	Reivindicaciones afectadas
A	BASE DE DATOS [online] UniProtKB/TrEMBL. Número de acceso: A3M4E1, 13.11.2013. Recuperado de EMBL-EBI [recuperado el 25.03.2015]. Recuperado de internet: <a href="http://www.uniprot.org/uniprot/A3M4E1.txt?version=54">http://www.uniprot.org/uniprot/A3M4E1.txt?version=54</a> ", todo el documento.	1-22
A	CAVA, F et al. Distinct pathways for modification of the bacterial cell wall by non-canonical D-aminoacids. The EMBO Journal. 2011, vol. 30 (16), páginas 3442-3453, especialmente páginas 3442-3444,3452.	23-31
A	EP 1489166 A1 (KYOWA HAKKO KOGYO KK) 22.12.2004, todo el documento.	1-22

#### Categoría de los documentos citados

X: de particular relevancia

Y: de particular relevancia combinado con otro/s de la misma categoría

A: refleja el estado de la técnica

O: referido a divulgación no escrita

P: publicado entre la fecha de prioridad y la de presentación de la solicitud

E: documento anterior, pero publicado después de la fecha de presentación de la solicitud

#### El presente informe ha sido realizado

para todas las reivindicaciones

para las reivindicaciones nº:

Documentación mínima buscada (sistema de clasificación seguido de los símbolos de clasificación)

C12P

Bases de datos electrónicas consultadas durante la búsqueda (nombre de la base de datos y, si es posible, términos de búsqueda utilizados)

INVENES, EPODOC, WPI, TXPUS, GENBANK, EBI-EMBL, DGENE

Fecha de Realización de la Opinión Escrita: 27.03.2015

**Declaración****Novedad (Art. 6.1 LP 11/1986)**

Reivindicaciones 1-31  
Reivindicaciones

SI  
NO

**Actividad inventiva (Art. 8.1 LP11/1986)**

Reivindicaciones 1-31  
Reivindicaciones

SI  
NO

Se considera que la solicitud cumple con el requisito de aplicación industrial. Este requisito fue evaluado durante la fase de examen formal y técnico de la solicitud (Artículo 31.2 Ley 11/1986).

**Base de la Opinión.-**

La presente opinión se ha realizado sobre la base de la solicitud de patente tal y como se publica.

**1. Documentos considerados.-**

A continuación se relacionan los documentos pertenecientes al estado de la técnica tomados en consideración para la realización de esta opinión.

Documento	Número Publicación o Identificación	Fecha Publicación
D01	BASE DE DATOS [online] UniProtKB/TrEMBL. Número de acceso: A3M4E1.	13.11.2013
D02	CAVA, F et al. The EMBO Journal. 2011, vol. 30 (16), páginas 3442-3453	26.07.2011

**2. Declaración motivada según los artículos 29.6 y 29.7 del Reglamento de ejecución de la Ley 11/1986, de 20 de marzo, de Patentes sobre la novedad y la actividad inventiva; citas y explicaciones en apoyo de esta declaración**

La presente solicitud tiene por objeto el uso de una alanina-racemasa de *Acinetobacter baumannii* para la racemización de ciertos aminoácidos distintos de la alanina. Asimismo, la solicitud se refiere a un método de producción de un muropéptido que comprende la obtención de aminoácidos en su forma D mediante el empleo de la citada racemasa de *A. baumannii*.

El documento D01 divulga las características de la enzima alanina-racemasa de *A. baumannii* anotadas en una base de datos de secuencias biológicas (ver todo el documento).

El documento D02 se refiere a un estudio sobre la incorporación de D-aminoácidos no canónicos (siglas inglesas NCDAAs) al peptidoglicano (ver páginas 3442-3444, 3452).

NOVEDAD (art. 6.1 de la LP 11/1986)

Reivindicaciones 1-22

El documento del estado de la técnica más cercano al objeto de la reivindicaciones independientes 1 y 12 es D01. Dicho documento divulga el uso de una alanina-racemasa de *A. baumannii* ATCC 17978, que comprende una secuencia que tiene un 99,8 % de identidad con la SEQ ID NO:1 de la presente solicitud y que funciona como catalizador para la racemización de alanina. Asimismo, en D01 se indica que, en base a la similitud de secuencia con otras racemisas, la mencionada alanina-racemasa podría actuar sobre otros aminoácidos.

De acuerdo con lo anterior, el documento D01 no divulga todas las características de las reivindicaciones 1 ó 12, ya que no hace mención expresa de ninguno de los aminoácidos definidos en dichas reivindicaciones. Por lo tanto, el objeto de las reivindicaciones independientes 1 y 12 y, por lo tanto, el de sus reivindicaciones dependientes 2-11 y 13-22 cumple con el requisito de novedad establecido en el art. 6.1 de la LP 11/1986.

Reivindicaciones 23-31

El documento del estado de la técnica más cercano al objeto de la reivindicación independiente 23 es D02. Dicho documento divulga un método de producción de un muropéptido, que comprende poner en contacto L-aminoácidos con una racemasa para obtener NCDAAs (como por ejemplo, D-metionina y D-leucina) y, posteriormente, poner en contacto el NCDAAs con un muropéptido y una L, D transpeptidasa y/o una ligasa.

De lo anterior se desprende que D02 no anticipa de forma idéntica o implícita todas las características del método objeto de la reivindicación 23, ya que en D02 no se hace mención a una racemasa con una identidad de secuencia de al menos el 95% con la SEQ ID NO:1 de la presente solicitud. Por lo tanto, se considera que la reivindicación independiente 23 y sus reivindicaciones dependientes 24-31 satisfacen el requisito de novedad del art. 6.1 de la LP 11/1986.

## ACTIVIDAD INVENTIVA (art. 8.1 de la LP 11/1986)

## Reivindicaciones 1-22

Como ya se ha indicado, la diferencia entre el documento D01 y el objeto de las reivindicaciones independientes 1 y 12 es que D01 no hace referencia a que la enzima alanina-racemasa de *A. baumannii* ATCC 17978 pueda emplear como sustratos alguno de los aminoácidos particulares definidos en las citadas reivindicaciones, a saber: cisteína, histidina, lisina, leucina, metionina, asparragina, glutamina, arginina, serina, ornitina, homoserina y norleucina. A este respecto, D01 menciona que la enzima podría actuar sobre otros aminoácidos distintos de la alanina, lo cual se infiere a partir de la similitud de su secuencia con la de otras racemosas, de las que es conocida su baja especificidad de sustrato. Sin embargo, los inventores han desarrollado una serie de experimentos y análisis para determinar qué aminoácidos, alternativos a la propia alanina, pueden servir en particular como sustratos de la alanina-racemasa de *A. baumannii*. Así pues, se considera que el uso particular de dicha enzima para la racemización de cisteína, histidina, lisina, leucina, metionina, asparragina, glutamina, arginina, serina, ornitina, homoserina o norleucina, no resultaría obvio para un experto en la materia a la vista meramente de lo divulgado en D01, ni combinando las enseñanzas de este documento con las de los otros documentos del estado de la técnica considerados.

En conclusión, el objeto de las reivindicaciones 1-22 cumpliría con el requisito de actividad establecido en el art. 8.1 de la LP 11/1986.

## Reivindicaciones 23-31

La diferencia esencial entre el documento D02 y el objeto de la reivindicación independiente 23 es, como ya se ha dicho, que D02 no divulga el uso de una racemasa con al menos un 95% de identidad con la SEQ ID NO:1. Por otra parte, el uso de esta racemasa concreta se considera, como se acaba de exponer, inventivo, y ello conferiría actividad inventiva al método de las reivindicaciones 23-31 que comprende dicho uso (art. 8.1 de la LP 11/1986).