

B. de las Rivas¹, F. López de Felipe¹, J. M. Mancheño², R. Muñoz¹

¹ Grupo de Biotecnología Bacteriana, Instituto de Ciencia y Tecnología de Alimentos y Nutrición (ICTAN), CSIC, Madrid

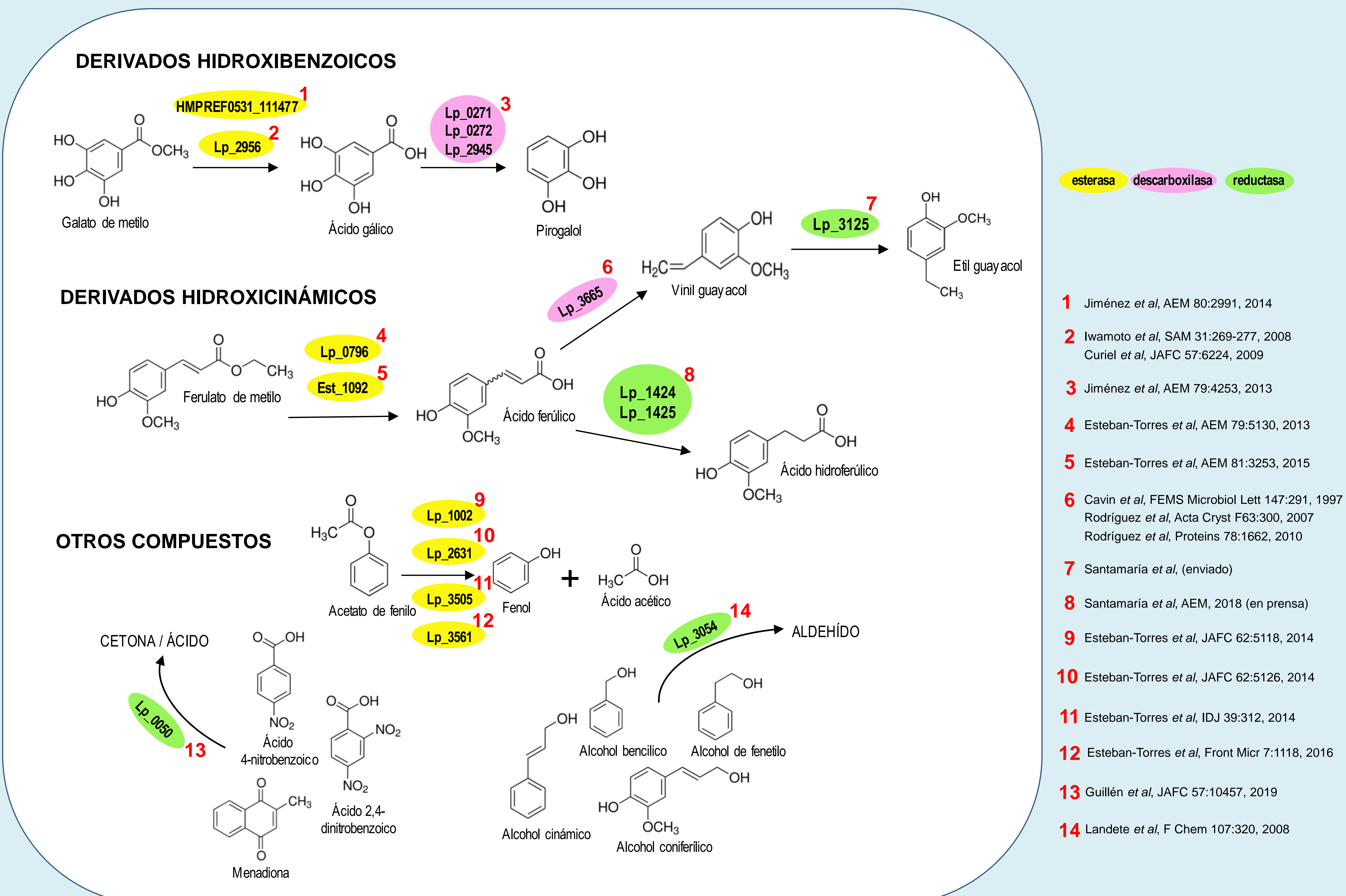
² Departamento de Cristalografía y Biología Estructural, Instituto de Química-Física "Rocasolano" (IQFR), CSIC, Madrid

INTRODUCCIÓN

En los últimos años ha aumentado el interés por los compuestos fenólicos presentes en la dieta debido a las evidencias que señalan su efecto beneficioso en la salud humana. Desde un punto de vista sensorial, los compuestos fenólicos son importantes en el color, sabor, aroma y textura de alimentos y bebidas de origen vegetal. *Lactobacillus plantarum* es una bacteria muy versátil que se encuentra en gran variedad de nichos ecológicos, como el tracto gastrointestinal humano (TGI), y se puede considerar la bacteria láctica modelo para la fermentación de sustratos vegetales. Tanto en la fermentación de alimentos vegetales como en el TGI humano, las cepas de *L. plantarum* están expuestas a la presencia de compuestos fenólicos. La transformación de estos compuestos fenólicos por *L. plantarum* origina otros nuevos que confieren diferentes características sensoriales y nutritivas al alimento fermentado, o bien ejercen diferentes efectos en la microbiota del TGI, y en último término en la salud del consumidor.

Durante los últimos años los integrantes del Grupo de Investigación de Biotecnología Bacteriana del ICTAN-CSIC, en colaboración con el Dr. Mancheño del IQFR-CSIC, han desarrollado una línea de investigación, amplia y compleja, en la que han obtenido resultados que han supuesto importantes avances científicos. Nuestro grupo de investigación ha identificado y caracterizado numerosas enzimas de *L. plantarum* con actividad reductasa, esterasa y descarboxilasa de compuestos fenólicos. Hemos descrito que las cepas de *L. plantarum* son capaces de biotransformar ésteres de ácidos hidroxibenzoicos e hidroxicinámicos mediante rutas similares que implican la acción sucesiva de enzimas con actividad esterasa y descarboxilasa. Los ácidos hidroxicinámicos poseen además unas etapas posteriores de reducción que no presentan los ácidos hidroxibenzoicos. Nuestro grupo de investigación ha elucidado estas rutas metabólicas en su totalidad y ha identificado y caracterizado las enzimas responsables de las mismas.

RESULTADOS



*Se representa un compuesto modelo de cada grupo

Agradecimientos