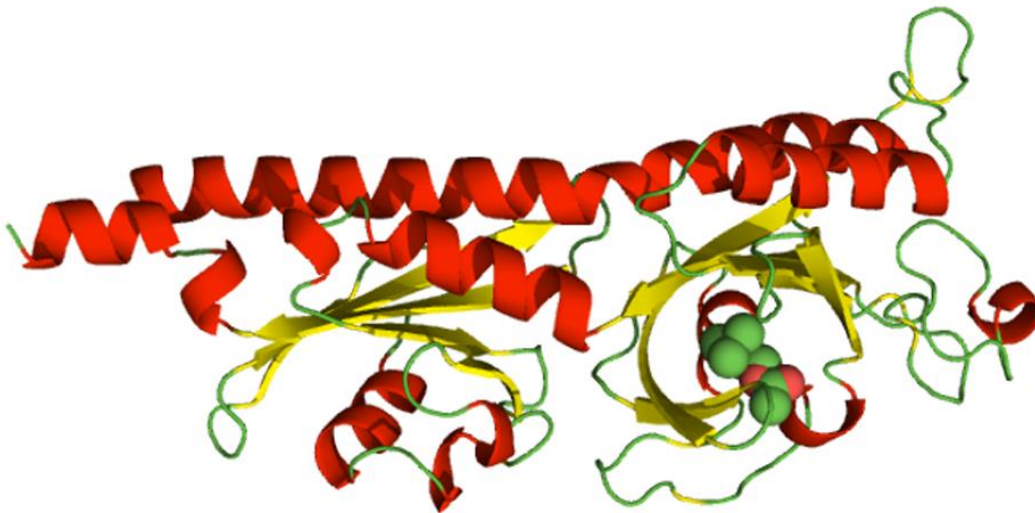


NOTA DE PRENSA

MICROBIOLOGÍA

Identifican una familia de dominios que une aminas, una acción responsable de procesos celulares clave



Estructura tridimensional de un dominio dCache_AM unido a una amina (la acetilcolina)

- El dominio dCache_1AM activa proteínas receptoras que regulan procesos como la quimiotaxis o la expresión génica
- El trabajo permitirá estudiar dichos receptores como posibles dianas terapéuticas frente a infecciones bacterianas

Sevilla, a 25 de octubre de 2023. Investigadores de la Estación Experimental del Zaidín (EEZ), centro de investigación del Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC) en Granada, han identificado un gran grupo de proteínas receptoras que se encuentran en bacterias y arqueas responsables de unir específicamente aminas.

En los seres vivos, las aminos son moléculas derivadas del metabolismo de aminoácidos y tienen numerosas funciones, actuando como protectores celulares frente al frío o el exceso de salinidad, e incluso como neurotransmisores. La unión de estas aminos a los receptores de las bacterias da como resultado el dominio llamado dCache_1AM, causando la activación de dichos receptores e iniciando un proceso de señalización encargado de regular procesos celulares clave, como la expresión génica, el control de varios segundos mensajeros o la quimiotaxis.

El dominio dCache_1AM aparece en más de 13.000 receptores de, al menos, 8.000 especies, incluyendo bacterias de la microbiota humana, así como patógenos humanos y de plantas. El trabajo, liderado por Igor Zhulin de la Ohio State University (EE.UU) y Tino Krell de la EEZ-CSIC, acaba de ser publicado en la revista [*Proceedings of the National Academy of Sciences USA*](#).

Este trabajo, que actúa sobre las limitaciones de la microbiología para conseguir información de las moléculas señal que activan los receptores, demuestra también que este dominio evolucionó a partir de un dominio llamado dCache_1AA que une específicamente aminoácidos, identificado por los mismos grupos el año pasado.

“Los resultados obtenidos aumentan nuestros conocimientos sobre las señales ambientales que modulan la vida bacteriana y sus correspondientes receptores, y sientan las bases para futuros estudios destinados a investigar la interferencia en la señalización de estos receptores como posible estrategia para luchar contra patógenos humanos”, indica **Tino Krell**, uno de los investigadores responsables de este estudio (EEZ). “Actualmente, los antibióticos son nuestras principales armas contra infecciones bacterianas. Como los antibióticos matan o reducen el crecimiento de bacterias, esto genera una presión evolutiva que resulta en mutantes bacterianos que son resistentes a antibióticos. La emergencia de cepas bacterianas multi-resistentes está entre los principales desafíos de la salud humana. Nuestro trabajo, entonces, investiga las bases que mejoren nuestro conocimiento sobre procesos de regulación en bacterias. Este conocimiento se puede también utilizar para desarrollar estrategias para interferir con receptores con el fin de luchar contra bacterias patógenas”.

El trabajo ha recibido financiación de la Junta de Andalucía (Proyecto P18-FR-1621) y la Agencia Estatal de Investigación - MICIN (PID2020- 112612GB-I00), ambos con fondos FEDER.

Más información:

J.P. Cerna-Vargas, V.M. Gumerov, T. Krell, I. B. Zhulin (2023) Amine recognizing domain in diverse receptors from bacteria and archaea evolved from the universal amino acid sensor. Proc. Natl. Acad. Sci. USA (en prensa)

<https://www.pnas.org/doi/10.1073/pnas.2305837120>

Contacto: Tino Krell (tino.krell@eez.csic.es), Igor Zhulin (jouline.1@osu.edu),
Jean Paul Cerna Vargas (jeanpaul.cerna@eez.csic.es),

Contacto:
Área de Comunicación y Relaciones Institucionales
Delegación del CSIC Andalucía
Consejo Superior de Investigaciones Científicas
Pabellón de Perú
Avda. María Luisa, s/n
41013 – Sevilla
954 23 23 49 / 690045854
comunicacion.andalucia@csic.es

