

Valencia, 7 de febrero de 2020

Aclaran el mecanismo molecular de los principales sistemas señalizadores en bacterias e implicados en la resistencia a los antibióticos

- **Investigadores del IBV (CSIC) descubren que el mecanismo molecular que emplean las bacterias para percibir su entorno no es solo dirigido por el pH ambiental**
- **El hallazgo, que podría tener aplicaciones futuras en el diseño de antibióticos, aparece publicado en la revista *Nature Communications***

Investigadores del Instituto de Biomedicina de Valencia (IBV) del Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), junto con investigadores de la Universidad UTE de Ecuador, la Universitat de València-ERI Biotecmed, el CIBER de enfermedades raras CIBERERE-ISCIIII y la Universidad de Glasgow han mostrado que el mecanismo molecular que emplean las bacterias para percibir y responder a cambios en su entorno no está constitutivamente condicionado por el pH del ambiente, como se había propuesto. Los resultados del trabajo han sido publicados por la revista *Nature Communications*.

Alberto Marina, investigador del CSIC en el IBV, explica que “las bacterias emplean un sistema totalmente diferente al que utilizamos los humanos para percibir su entorno. Estos sistemas se denominan de dos componentes al utilizar una proteína que percibe el entorno y otra que media la respuesta. Hasta ahora se pensaba que el pH, es decir, la medida de acidez del entorno en el que está la bacteria, jugaba un papel determinante en la transferencia de la información entre ambos componentes, pudiendo actuar como un interruptor que apagaba parte del proceso de señalización. Nosotros hemos revisado este modelo desde un enfoque estructural y funcional, y hemos mostrado que esta visión es errónea ya que la acidez del pH no determina la actividad señalizadora de estos sistemas”.

Al ser los sistemas de dos componentes exclusivos de microorganismos y a la vez esenciales para muchas bacterias patógenas el conocimiento mecánico de éstos sistemas aportado por los investigadores del IBV podría tener aplicaciones futuras en el diseño de antibióticos.

Enlace artículo científico: <https://rdcu.be/b1lpW>

Cristina Mideros-Mora, Laura Miguel-Romero, Alonso Felipe-Ruiz, Patricia Casino y Alberto Marina. ***Revisiting the pH-gated conformational switch on the activities of HisKA-family histidine kinases.*** *Nature Communications*. DOI: 10.1038/s41467-020-14540-5



Instituto de Biomedicina de Valencia (IBV, CSIC).

CSIC Comunicación Valencia
casadelacienciavalencia@dicv.csic.es

Más información:
Javier Martín López
Tel.: 96.362.27.57

<http://www.dicv.csic.es>
jmartin@dicv.csic.es