

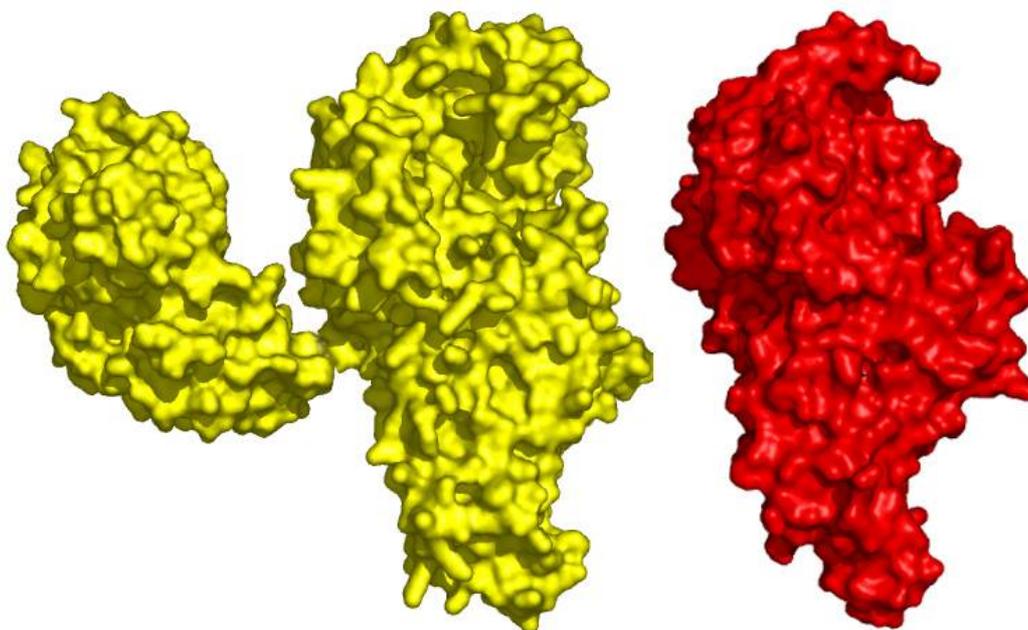
LOS RESULTADOS DEL ESTUDIO SE PUBLICAN EN EL ÚLTIMO NÚMERO DE 'MOLECULAR CELL'

Hallan en bacterias un nuevo mecanismo de control para la traducción del código genético

Investigadores del IRB Barcelona han descubierto que un proceso molecular esencial y, hasta ahora, considerado único para todos los seres vivos como es la determinación del inicio de la síntesis de proteínas es distinto en la bacteria *Mycoplasma penetrans*, un patógeno humano que afecta el tracto respiratorio. *M. penetrans* es un patógeno que afecta a pacientes inmunodeprimidos, como los infectados por el virus HIV o algunos enfermos de cáncer.

IRB Barcelona

14/2/2008 18:00 CEST



La bacteria *M. penetrans* tiene un añadido en su enzima MetRS (en amarillo) que la distingue del resto de organismos. El estudio de esta enzima condujo al hallazgo de un nuevo mecanismo de control de la traducción genética

Casi todos los organismos, desde las bacterias hasta los seres humanos, comparten un mismo código genético, un conjunto de normas universal que utilizan para convertir secuencias de DNA o RNA en proteínas, las “máquinas” que nos hacen funcionar. Las diferencias evolutivas entre el

sistema de traducción del código genético humano y el del resto de organismos, como las bacterias, es útil para, por ejemplo, diseñar nuevos antibióticos.

Investigadores del IRB Barcelona han descubierto que un proceso molecular esencial y, hasta ahora, considerado único para todos los seres vivos como es la determinación del inicio de la síntesis de proteínas es distinto en la bacteria *Mycoplasma penetrans*, un patógeno humano que afecta el tracto respiratorio. *M. penetrans* es un patógeno que afecta a pacientes inmunodeprimidos, como los infectados por el virus HIV o algunos enfermos de cáncer.

El líder del estudio, Lluís Ribas de Pouplana, investigador del Instituto de Investigación Biomédica (IRB) Barcelona y jefe de grupo del Laboratorio de Traducción Genética, explica que “nuestro trabajo refuerza la teoría que muchos de los componentes del código genético inicial, establecido hace 3.500 millones de años, han ido madurando separadamente entre las distintas ramas evolutivas: en bacterias, arqueobacterias y en eucariotas”. El origen del código genético es uno de los problemas de la biología evolutiva con más interrogantes abiertos. “La maquinaria de traducción es tan compleja, tan universal y tan esencial que es difícil imaginar como surgió y como ha evolucionado. Gracias a estos descubrimientos estamos viendo que el código genético y el sistema de traducción de proteínas no es tan universal como pensábamos y que algunos de los elementos clave del sistema de traducción son mucho más tardíos” concluye Ribas.

Lo que han descubierto los científicos es una diferencia en el mecanismo que las bacterias utilizan para diferenciar entre metionina y isoleucina, dos aminoácidos esenciales para la formación de proteínas. En concreto, la metionina es el aminoácido utilizado universalmente para iniciar la formación de una proteína.

Una enzima demasiado grande: una pista falsa para el hallazgo

Como acostumbra a ocurrir en ciencia, el hallazgo de este nuevo mecanismo se produjo de forma casual. Los científicos estudiaban una enzima denominada metionina-tRNA-sintetasa (MetRS) que se encuentra en todos los seres vivos, pero que en las bacterias *Mycoplasma* tiene un apéndice que la hace mucho mayor. “La estudiábamos porque queríamos entender la

función de este añadido”, dice Ribas. La función de MetRS en todos los organismos es la de recoger metionina y engancharla al RNA transcriptor de metionina para indicarle a la célula cuando debe iniciar la formación de una determinada proteína. Esta misión es complicada porque el RNA transcriptor de isoleucina es prácticamente igual. “Entonces vimos que la enzima del Mycoplasma distinguía entre el los dos RNA transcriptores de una forma mucho más sencilla y hábil a como se había observado hasta el momento en otros organismos”.

Lo más lógico era pensar que el añadido de la enzima era la clave de este sistema diferente de reconocimiento, pero cuando los científicos eliminaron la extensión en laboratorio, la selección seguía realizándose a la perfección. “Aún no sabemos la función que desempeña esta extensión de la enzima de Mycoplasma, pero mientras tanto hemos podido descubrir un nuevo mecanismo de control en el sistema de traducción, que además, ya hemos observado que comparten otras bacterias”. El hallazgo aporta una mejor comprensión sobre la evolución del código genético y nos indica también su plasticidad. “Según a mi entender el logro de un cierto grado de complejidad por parte del código genético es uno de los principales parámetros que determina el momento en qué los organismos actuales empiezan a evolucionar” apunta el investigador. Eventualmente, estas diferencias fundamentales entre el metabolismo de patógenos humanos y el ser humano mismo pueden representar la clave para el desarrollo de nuevas terapias anti-infecciosas.

Derechos: **IRB Barcelona**

TAGS

CÓGIDO GENÉTICO | BIOLOGÍA MOLECULAR | BIOQUÍMICA | EVOLUCIÓN |
BACTERIAS |

Creative Commons 4.0

Puedes copiar, difundir y transformar los contenidos de SINC. [Lee las condiciones de nuestra licencia](#)

