

Madrid, viernes 19 de agosto de 2011

Identifican el mecanismo por el que las bacterias logran adaptarse a los cambios ambientales

- **Las bacterias liberan D-aminoácidos, moléculas que permiten la adaptación coordinada de toda la población a condiciones adversas**
- **El estudio, que ha sido publicado en la revista *EMBO*, ha tomado como modelo el agente *Vibrio cholerae*, causante del cólera**

Un estudio en el que ha participado el Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC) ha identificado el mecanismo por el que las bacterias logran adaptarse a los cambios ambientales. Según esta investigación, publicada en el último número de la revista *EMBO*, las bacterias liberan un tipo de molécula al ambiente, los D-aminoácidos, que son capaces de modular la biosíntesis del peptidoglicano, principal componente de la pared celular bacteriana.

“La pared bacteriana es la primera barrera que permite a las bacterias protegerse y comunicarse con su entorno. Por tanto, la regulación de la síntesis de esta envoltura celular es fundamental para la supervivencia de la bacteria. En ciertas ocasiones, cuando las condiciones ambientales se vuelven desfavorables, bien por falta de nutrientes, presencia de antibióticos o cualquier otro tipo de estrés, las bacterias deciden detener su crecimiento. Por lo tanto, una falta de coordinación entre el ritmo de crecimiento y la síntesis del peptidoglicano supondría un riesgo letal para toda la población. La liberación de los D-aminoácidos permite que toda una comunidad bacteriana sea capaz de sincronizar su síntesis de peptidoglicano con el crecimiento celular en respuesta a los cambios ambientales.”, explica el investigador del CSIC Felipe Cava, del Centro de Biología Molecular Severo Ochoa.

En aquellas situaciones en que deben parar su crecimiento, las bacterias liberan D-aminoácidos al ambiente, que se incorporan en la composición del peptidoglicano y de esta forma toda la población de bacterias se beneficia de estos reguladores. “Este tipo de sistemas, conocidos como *quórum sensing*, en el que las bacterias liberan metabolitos reguladores al ambiente para generar un tipo de comportamiento social coordinado, suele traducirse en cambios en la expresión de los genes. Sin embargo,

este parece ser un nuevo paradigma de regulación poblacional ya que no hemos observado que los D-aminoácidos generen variaciones en la expresión génica; al contrario, parecen modular directamente la actividad las proteínas que sintetizan y modifican el peptidoglicano”, continúa Cava.

Según el estudio, que ha tomado como modelo el agente causante del cólera, *Vibrio cholerae*, el mecanismo mediante el cual los D-aminoácidos modifican la composición del peptidoglicano está ampliamente conservado en otros tipos bacterianos. Esto sugiere que, aunque muchos son los tipos bacterianos capaces de producir estas moléculas, son aún más aquellos capaces de responder ante ellas. De este modo, al menos en algunos casos, la presencia de la molécula en el medio puede representar un mecanismo por el cual las bacterias de una especie pueden modificar el comportamiento, ya sea de forma negativa o positiva, de otras especies que compartan un mismo nicho ambiental.

“El presente trabajo, que toma como punto de partida una investigación previa de nuestro grupo publicada en 2009 en la revista *Science*, muestra que tanto la producción de D-aminoácidos como su incorporación en la pared bacteriana se rige por un sistema de regulación mediado por estrés. Este hecho aumenta notablemente los escenarios hipotéticos, tales como en una infección, donde el papel de los D-aminoácidos pudieran ser clave para la supervivencia de la bacteria. Si los D-aminoácidos pueden favorecer a la bacteria a prosperar en un ambiente hostil, como es una infección, saber cómo funciona este mecanismo de adaptación puede permitirnos bloquearlo o reducirlo, lo que podría conducir a nuevas terapias para combatir enfermedades causadas por agentes infecciosos bacterianos”, concluye el investigador del CSIC.

Esta investigación ha sido fruto de un trabajo de colaboración entre el Centro de Biología Molecular Severo Ochoa y la Universidad de Harvard, en Boston (EEUU).

Felipe Cava, Miguel A. de Pedro, Hubert Lam, Brigid M Davis, Matthew K. Waldor. Distinct pathways for modification of the bacterial cell wall by non-canonical D-amino acid. EMBO. DOI: 10.1038/emboj.2011.246