

Madrid, martes 2 de noviembre de 2010

Describen la estructura de las fibras del bacteriófago T4

- **Los bacteriófagos, virus que infectan exclusivamente a bacterias, pueden ser usados como antibióticos naturales**
- **El hallazgo abre el camino para modificar las características de la unión de este virus con su bacteria**

Una investigación con participación del Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC) ha descrito por primera vez la estructura cristalográfica de las fibras del bacteriófago T4. El hallazgo permite entender mejor el mecanismo de unión de este virus con su bacteria receptora y abre el camino a la incorporación de mutaciones que puedan cambiar ésta. El trabajo se publica en el último número de la revista *Proceedings of the National Academy of Sciences*.

Los bacteriófagos son virus que infectan exclusivamente a bacterias, por lo que se usan microbiología como un modo de identificar estas y por sus aplicaciones como antibióticos naturales. Descubiertos en 1917, se sabe que son los organismos más numerosos de la biosfera. De hecho, se estima que el 70% de las bacterias marinas pueden estar infectadas por ellos.

En este estudio se ha logrado descifrar la estructura cristalográfica de una de las fibras largas del bacteriófago T4, uno de los más conocidos, modelo habitual en biología molecular desde los años 50 y del que ya se conocía la estructura de algunas de sus proteínas.

“Conocer la estructura de las fibras es importante porque son las responsables del reconocimiento de la bacteria”, explica Mark van Raaij, investigador del CSIC en el Centro Nacional de Biotecnología. “Se sabe que contienen la región responsable de la unión al receptor bacteriano, *Escherichia coli* en el caso del bacteriófago T4. Conocer su estructura permitirá en un futuro modificar las características de esta unión, haciendo que, por ejemplo, se acoplen a bacterias especialmente peligrosas de modo que puedan usarse como antibiótico natural”, señala.

De hecho, a principios del s.XIX los bacteriófagos eran usados para el tratamiento de infecciones bacterianas, aunque cayeron en desuso con el advenimiento de los antibióticos modernos, más sencillos de producir. Actualmente se usan en infecciones difíciles que no responden a los tratamientos antibióticos. “Es un campo complicado

porque no se conocen tantos bacteriófagos y es necesaria aún mucha investigación, pero dado el continuo aumento de las resistencias a antibióticos, pueden ser un campo interesante de estudio”, apunta van Raaij.

La investigación ha revelado que la estructura de la fibra es similar a la de otro bacteriófago llamado lambda: un dominio en forma de aguja con siete iones de hierro coordinados por seis histidinas que se entrelazan para formar un dominio “cabeza” que se une con el receptor bacteriano.

En el estudio han participado la Universidad de Santiago de Compostela y el Institut de Biologie Structurale de Grenoble (Francia).

Sergio G. Bartual, José M. Otero, Carmela Garcia-Doval, Antonnio L. Llamas-Saiz, Richard Kahn, Gavin C. Fox, Mark J van Raaij. **Structure of the bacteriophage T4 long tail fiber receptor-binding tip.** *PNAS*. DOI: 201011218