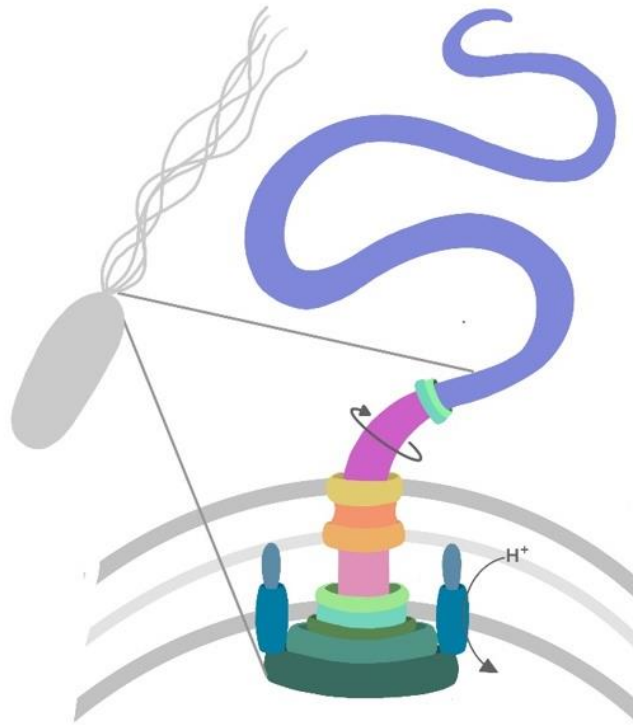




Madrid, jueves 13 de enero de 2022

Un nuevo modelo describe cómo las bacterias construyen el flagelo, el eficaz ‘propulsor’ que les permite desplazarse

- El estudio de investigadores del CSIC muestra cómo se forma esta estructura crucial en el desplazamiento de determinadas bacterias
- El flagelo bacteriano es la máquina más pequeña que existe y permite propulsar a las bacterias a la mayor velocidad en relación a su tamaño registrada en un ser vivo



Estructura simplificada de un flagelo bacteriano. / CSIC Comunicación

Para sobrevivir, algunas bacterias se desplazan y colonizan nuevos lugares, ya sea en el medio ambiente o infectando a otros seres vivos, o bien escapan de ambientes hostiles, por ejemplo, debido a la presencia de un compuesto tóxico. El desplazamiento se convierte así en una condición esencial para la supervivencia de determinadas bacterias y, para ello, necesitan disponer de una estructura imprescindible, el flagelo, una perfecta y pequeña máquina

molecular compuesta de varias partes que interactúan y contribuyen a la función básica, donde eliminar alguna de ellas interrumpiría las funciones de ese sistema.

Estudiar cómo se comportan y funcionan las bacterias es determinante para conocer los numerosos procesos fundamentales para la vida en los que participan. Por ello, un grupo de investigación del Centro Andaluz de Biología del Desarrollo (CABD) ha establecido un modelo innovador que explica cómo las bacterias leen y ejecutan el manual para construir el flagelo, estructura esencial que permite que éstas se desplacen. El estudio, liderado por el investigador del Área de Microbiología de la Universidad Pablo de Olavide **Fernando Govantes**, ha sido publicado recientemente en la revista *Environmental Microbiology*.

“Llevamos más de una década investigando la movilidad bacteriana utilizando como organismo modelo *Pseudomonas putida*, una bacteria de gran interés en biotecnología ambiental y agricultura ya que se asocia a las raíces de las plantas y promueve su crecimiento, a la vez que las protege de posibles patógenos”, afirma **Fernando Govantes**, investigador de la UPO y responsable del grupo ‘Genética del desarrollo de biofilms bacterianos’ del CABD, centro mixto del Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), la Universidad Pablo de Olavide y la Junta de Andalucía.

En este trabajo, el equipo ha combinado por primera vez datos de secuenciación, análisis computacionales de la conservación y organización de los genes flagelares entre distintas especies de *Pseudomonas* y trabajo experimental, para explicar de manera realista en qué orden se ejecutan todas estas instrucciones para construir los flagelos bacterianos. El modelo simplista que la comunidad científica asumía hasta ahora se basaba en que los genes flagelares se expresan por grupos muy definidos en 3-4 oleadas de manera secuencial: serían los saltos de la cascada. Primero se expresan las proteínas que dan la orden a la célula para empezar a construir el flagelo. Estas proteínas se encargan de hacer que se exprese el núcleo central de la máquina que se inserta dentro de la pared celular. Más tarde, otras dan la orden para construir el filamento que se extiende hacia afuera de la bacteria.

“Sin embargo, con la estrategia que hemos seguido integrando resultados de análisis diferentes, hemos descubierto en *P. putida* que la realidad es mucho más compleja: no solo existen estos saltos en la cascada, sino que nos encontramos con un segundo nivel de regulación superpuesto: proteínas que ordenan la construcción de las últimas piezas de la máquina también ordenan que se fabriquen más piezas de las iniciales. Además, cuando se escriben las instrucciones para hacer el filamento, se escriben a la vez las que hacen que la célula vuelva a iniciar la síntesis del flagelo desde el principio”, explica Fernando Govantes.

“La gran conservación entre diferentes especies bacterianas sobre cómo se organizan estos bloques de instrucciones en el genoma y las secuencias de ADN que reconocen las proteínas que las ejecutan, nos indica que esta nueva forma de concebir la cascada flagelar se aplica, como mínimo, al resto de especies de *Pseudomonas* que habitan en suelos y sobre las superficies de las plantas”, concluye Fernando Govantes.

Antonio Leal-Morales, Marta Pulido-Sánchez, Aroa López-Sánchez, Fernando Govantes. **Transcriptional organization and regulation of the *Pseudomonas putida* flagellar system.** *Environmental Microbiology*. <https://doi.org/10.1111/1462-2920.15857>