

- [Inicio](#)
- [Noticias](#)
- [Reportajes](#)
- [Entrevistas](#)
- [Actividades](#)
- [Vídeos](#)
- [Imágenes](#)
- [Tribuna](#)

Biomedicina y Salud | Otras especialidades médicas

Un equipo europeo presenta la primera descripción de una célula mínima autosuficiente

Investigadores del Centro de Regulación Genómica (CRG) en Barcelona y del European Molecular Biology Laboratory (EMBL) acaban de mostrar los elementos imprescindibles para el funcionamiento de una célula autosuficiente. Sus resultados, liderados por Peer Bork, Anne-Claude Gavin y Luis Serrano, aparecen hoy en tres artículos de la revista *Science*.

CRG | Europa | 26.11.2009 20:00



¿Qué es estrictamente esencial para la vida? ¿Cuáles son los ingredientes indispensables para producir una célula capaz de sobrevivir por sí misma? ¿Podemos describir la anatomía molecular de una célula y entender todas las funciones de un organismo como si se tratara de un sistema?

Éstas son algunas de las preguntas que seis equipos de investigadores del **Centro de Regulación Genómica (CRG)** en Barcelona y del **European Molecular Biology Laboratory (EMBL)** en Heidelberg se propusieron responder hace unos años.

En tres artículos científicos que se publican hoy en *Science*, los investigadores aportan por primera vez la descripción exhaustiva de una célula mínima, a partir de un estudio cuantitativo extensivo de la biología de la bacteria que causa neumonía atípica: *Mycoplasma pneumoniae*.

El nuevo estudio descubre novedades "fascinantes" relacionadas con la biología bacteriana y muestra que, incluso la célula más simple, es en realidad más compleja del que se esperaba.

Mycoplasma pneumoniae es una pequeña bacteria unicelular que causa neumonía atípica en seres humanos. También es uno de los procariontes (organismos en los cuales sus células no tienen núcleo) más pequeños, y no depende de una célula huésped para reproducirse.

Es por ello que estos equipos de investigadores, liderados por Peer Bork, Anne-Claude Gavin y Luis Serrano, se propusieron describir una célula mínima en y escogieron *M. pneumoniae* como modelo.

"Es suficientemente compleja como para sobrevivir por ella misma, aunque es pequeña y, teóricamente, suficientemente simple como para representar una célula mínima y permitir un análisis global", dicen los investigadores en el estudio.

Una red de grupos de investigación en la Unidad de Biología Computacional y Estructural del EMBL y la Unidad de Investigación en Biología de Sistemas EMBL/CRG del CRG se ha aproximado a la bacteria desde tres niveles diferentes.

El primer equipo describió el transcriptoma de *M. pneumoniae*, identificó todas las moléculas de ARN o transcritos producidos por el ADN, en diferentes condiciones ambientales. Otro equipo definió todas las reacciones metabólicas que sucedían (metaboloma), en las mismas condiciones que el primero. Un tercer equipo identificó cada complejo multiproteínico producido por la bacteria y, por tanto, hizo evidente la organización de su proteoma.

"En los tres niveles hemos encontrado que *M. pneumoniae* es más compleja de lo que esperábamos", afirma Luis Serrano, co-iniciador del proyecto, coordinador del programa de Biología de Sistemas del CRG y autor principal de dos de los tres artículos publicados.

Luis Serrano fue galardonado recientemente por el Consejo Europeo de Investigación y consiguió una ayuda del Consejo Europeo de Investigación (ERC, por sus siglas en inglés) de investigadores senior para un proyecto de ingeniería y monitorización de *M. pneumoniae* como si se tratara de un orgánulo celular como las mitocondrias.

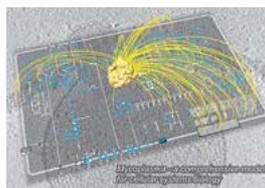
Necesitamos moléculas multifuncionales

Mientras estudiaban el proteoma y el metaboloma de la bacteria, los investigadores encontraron que muchas moléculas eran multifuncionales: enzimas metabólicas que catalizan múltiples reacciones u otras proteínas que participan en más de un complejo proteínico. A su vez, encontraron que *M. pneumoniae* une procesos biológicos en el espacio y el tiempo.

Cabe destacar que la regulación del transcriptoma de esta bacteria es mucho más parecida a la de los organismos eucariotas (organismos cuyas células tienen núcleo) de lo que se creía. Igual que en los organismos eucariotas, una gran proporción de los transcritos no se traducen a proteínas. Y, aunque sus genes se agrupan como en una bacteria típica, *M. pneumoniae* no siempre transcribe todos los genes juntos en un grupo y puede expresarlos selectivamente o reprimir genes individualmente de cada grupo.

A diferencia de otras bacterias más grandes, el metabolismo de *M. pneumoniae* no parece buscar la reproducción en el menor tiempo posible, quizá a causa de su estilo de vida como patógeno.

Otra sorpresa fue el hecho que, aún teniendo un genoma muy pequeño, esta bacteria es increíblemente flexible y está preparada para ajustar su metabolismo a cambios drásticos de las condiciones ambientales. Esta adaptabilidad y sus mecanismos de regulación hacen que *M.*



La figura vincula la información del proteoma, transcriptoma y metaboloma que se presenta en los tres artículos de *Science*, que describen una **mirada en profundidad a la bacteria *Mycoplasma pneumoniae***. Foto: Takuyi Yamada / SCB / EMBL.



Usuario:

Contraseña:

> Recordar contraseña

Entrar

> Para instituciones

> Para periodistas

> Para invitados



pneumoniae tenga el potencial para evolucionar rápidamente y, sobre todo, son rasgos que también comparte con otros organismos más evolucionados.

“La clave está en estos rasgos compartidos”, explica Anne Claude Gavin, una de las jefas de grupo del EMBL que dirigió el estudio del proteoma de la bacteria. “Estas son las cosas sin las cuales ni siquiera el organismo más simple podría existir y que se han mantenido intactas tras millones de años de evolución, lo que es estrictamente esencial para la vida”, afirma la experta.

Este estudio ha requerido un amplio abanico de expertos, para entender justamente la organización molecular de *M. pneumoniae* a escalas diferentes, y para integrar todos los datos que han resultado del trabajo.

Los seis equipos han podido obtener un retrato completo de las funciones de todo un organismo tratándolo como si se tratara de un sistema, una aproximación que tiene un nombre: Biología de Sistemas.

“En la Unidad de Biología Computacional y Estructural del EMBL tenemos una única combinación de métodos y los hemos coordinado todos para este proyecto”, comenta Peer Bork, otro jefe de la unidad, iniciador del proyecto y responsable del análisis computacional. “En colaboración con el grupo del CRG hemos podido construir un retrato completo y general basado en estudios detallados a muchos niveles diferentes”, asegura.

Referencias bibliográficas:

Güell, M. et al. “Transcriptome Complexity in a Genome-Reduced Bacterium”. *Science* (2009) Vol. 326. DOI: 10.1126/science.1176951.

Yus, E. et al. “Impact of Genome Reduction on Bacterial Metabolism and Its Regulation”. *Science* (2009) Vol. 326. DOI: 10.1126/science.1177263.

Kühner, S. et al. “Proteome Organization in a Genome-Reduced Bacterium”. *Science* (2009) Vol. 326. DOI: 10.1126/science.1176343.

Fuente: CRG/EMBL

Comentarios

[Conectar](#) o [crear una cuenta de usuario](#) para comentar.