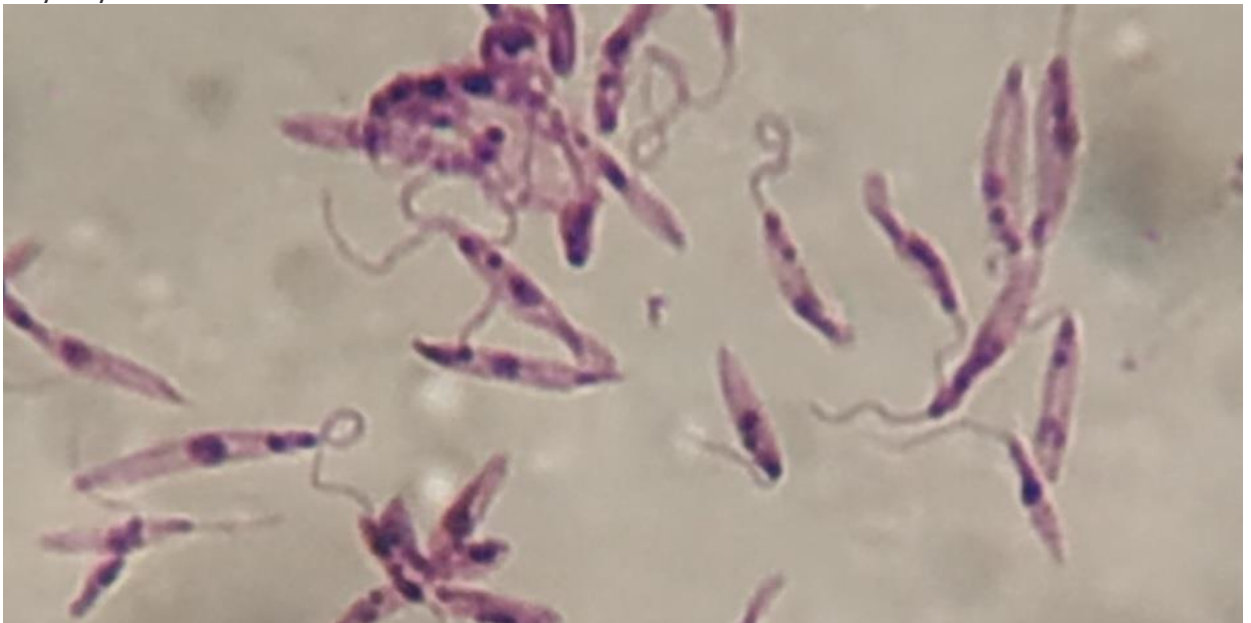


Una revisión sobre una familia de proteínas en los parásitos que causan la leishmaniasis podría facilitar la búsqueda de nuevos tratamientos

13/05/2022



Protozoos Leishmania infantum, especie causante de leishmaniasis en España.

Una colaboración entre el Centro de Biología Molecular Severo Ochoa (CBMSO) y el Instituto de Salud Carlos III (ISCIII), llevada a cabo por investigadores que también pertenecen al mismo grupo del CIBER de Enfermedades Infecciosas (CIBERINFEC), ha permitido publicar en la revista *Genes* **una revisión** sobre un grupo de proteínas presentes en los parásitos *Leishmania*, causantes de enfermedades tropicales desatendidas como la leishmaniasis cutánea y la leishmaniasis visceral, endémicas en España. Estas proteínas pueden ser una buena diana para buscar nuevos fármacos contra esta infección.

- [Accede al artículo](#)

La revisión está firmada por **José M. Requena** y **José Carlos Solana**, del CBMSO (Instituto mixto perteneciente a la Universidad Autónoma de Madrid y el Consejo Superior de Investigaciones Científicas, CSIC), y que actúan como autores principales; los demás autores son **Begoña Aguado**, del mismo centro, y **Javier Moreno** y **Lorena Bernardo**, del Centro Nacional de Microbiología del ISCIII.

La leishmaniasis es una enfermedad parasitaria provocada por los protozoos llamados *Leishmania*, que son principalmente transmitidos por la picadura de mosquitos (flebotomos) que actúan como vector de la infección. Esta infección afecta tanto a animales, como perros y roedores, como a personas. La revisión que acaban de publicar los investigadores del CBMSO y del ISCIII está centrada en los cambios genómicos y proteómicos que se producen en *Leishmania* durante su ciclo vital, especialmente cuando pasan del insecto transmisor al huésped infectado.

Cuando llegan al interior de las células del individuo infectado, los parásitos se enfrentan a un cambio drástico de las condiciones ambientales, con condiciones como aumento de la temperatura, falta de nutrientes y del oxígeno disponible, estrés oxidativo y la respuesta del sistema inmunitario del hospedador. A pesar de ello, *Leishmania* es capaz de adaptarse rápidamente, reconfigurar la expresión de sus genes y establecer nuevas interacciones proteicas para sobrevivir en este nuevo entorno hostil y producir la enfermedad. Estudiar estos cambios supone un mejor conocimiento de la leishmaniasis y puede facilitar la búsqueda de nuevas terapias contra la enfermedad.

Conocer mejor la función de las chaperonas

En concreto, los investigadores se han centrado en el estudio de unas proteínas denominadas chaperonas, entre las que se encuentran las familias llamadas HSP40 y HSP70. Las chaperonas desempeñan un papel clave en el mantenimiento de la homeostasis y procesos celulares tan relevantes como el correcto plegamiento de nuevas proteínas, la translocación de proteínas a los lugares de la célula en los que realizan sus funciones y la eliminación de las proteínas que están dañadas. Casi el uno por ciento del contenido génico del genoma de *Leishmania* corresponde a miembros de la familia HSP40, un grupo de chaperonas que ayudan a las HSP70 en sus múltiples funciones celulares; a pesar de su importancia en los procesos biológicos del parásito, hasta el momento se conoce muy poco sobre la relación entre estas dos familias

de proteínas y el papel de las HSP40 en la infección y adaptación del parásito al huésped que infecta. En este trabajo se ha definido la existencia de 72 proteínas HSP40 codificadas en el genoma de *Leishmania infantum*, especie causante de leishmaniasis en España, y se han analizado sus características estructurales para clasificarlas en cuatro categorías diferentes.

Según los resultados obtenidos, *Leishmania* posee una de las familias HSP40 más numerosas de entre todos los organismos conocidos -los humanos, por ejemplo, poseen 41 genes HSP40-, lo cual indica su gran importancia en la vida de este parásito. Además, estudiar estos datos proteómicos y las secuencias genéticas ha permitido empezar a conocer las funciones de estas chaperonas, facilitando nueva información que se puede aplicar al descubrimiento de nuevos fármacos contra estas nuevas dianas terapéuticas y a la mejora de los tratamientos actuales contra la leishmaniasis.

• **Referencia del artículo:** Solana, J.C.; Bernardo, L.; Moreno, J.; Aguado, B.; Requena, J.M. *The Astonishing Large Family of HSP40/DnaJ Proteins Existing in Leishmania*. *Genes* 2022, 13, 742. <https://doi.org/10.3390/genes13050742>.