

TISKOVÁ ZPRÁVA

Praha 20. listopadu 2024

Akademie věd ČR
Národní 1009/3, 110 00 Praha 1
www.avcr.cz

VĚDCI ODHALILI KLÍČOVÝ PROTEIN PRO VÝVOJ NOVÉ GENERACE ANTIBIOTIK ÚČINNÝCH PROTI ODOLNÝM BAKTERIÍM

Bakterie rezistentní vůči antibiotikům představují globální hrozbu pro veřejnost. Tato rezistence ztěžuje léčbu nemocí, jako je například tuberkulóza nebo zápal plic. Vědci z Mikrobiologického ústavu AV ČR ve spolupráci s Biotechnologickým ústavem AV ČR a CEITEC Masarykovy univerzity odhalili nový mechanismus, který by mohl vydláždít cestu k budoucí léčbě bakteriálních onemocnění. Výsledky zveřejnil časopis [Journal of Bacteriology](#).

Schopnost odolávat antibiotikům je zakódována v bakteriální DNA. Bakterie své genetické instrukce „čtou“ pomocí procesu zvaného genová exprese a na základě informace v DNA vytvářejí proteiny. Tyto proteiny jsou jako stavební kameny, které bakterie potřebují k růstu, množení a reakci na stresové faktory, jakými jsou kupříkladu právě antibiotika.

Nový cíl antibakteriální terapie

Během pětiletého výzkumu vědci zjistili, že cílem nových terapií proti rezistentním bakteriím by mohl být protein zvaný MoaB2. „Zjistili jsme, že tento protein interaguje s klíčovým proteinem zvaným Sigma-A, který řídí, jak bakterie zapínají své geny. MoaB2 ovlivňuje dostupnost a stabilitu Sigma-A a tím pak produkci bílkovin v bakterii,“ říká vedoucí výzkumné skupiny Libor Krásný z Mikrobiologického ústavu AV ČR.

Bez proteinů Sigma-A bakterie ztrácí schopnost růst, množit se. Interakce mezi Sigma-A a MoaB2 se tak stává atraktivním cílem pro vývoj nové generace léků. „Uzamknutí“ Sigma-A v interakci s MoaB2 může být novým směrem pro budoucí antibakteriální terapie.

Objev odhaluje možnosti pro vývoj nových léků, které by mohly přinést zásadní změny v léčbě infekcí způsobených rezistentními bakteriemi. To by mělo široký dopad na zdravotní péči, zejména v oblastech, kde selhávají tradiční antibiotické terapie.

Kontakt pro média: **Markéta Růžičková**
Divize vnějších vztahů AV ČR
press@avcr.cz
+420 777 97 0812

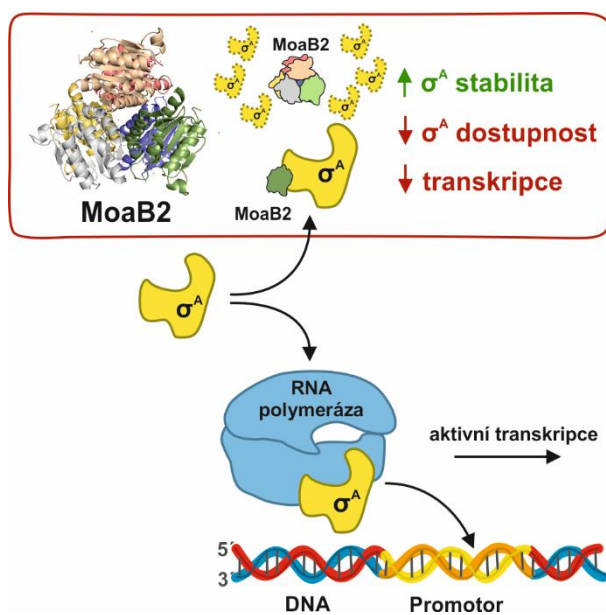
Nikola Vildová
Mikrobiologický ústav AV ČR
nikola.vildova@biomed.cas.cz
+420 778 421 375

Model funkční interakce mezi MoaB2, Sigma-A (v obrázku označeno jako σ^A) a RNA polymerázou v mykobakteriální buňce. Vazba MoaB2 na Sigma-A má potenciál snížit dostupnost Sigma-A v buňce, což pravděpodobně ovlivňuje transkripci tím, že MoaB2 soutěží s RNA polymerázou o Sigma-A. Sigma-A navázaný na MoaB2 není schopen se vázat na RNA polymerázu. Výsledky studie ukázaly, že MoaB2 může interakcí se Sigma-A pozitivně ovlivnit stabilitu Sigma-A.

Více informací:

Libor Krásný, Ph.D.
Mikrobiologický ústav AV ČR
krasny@biomed.cas.cz
+420 739 369 438

Fotogalerie:



MoaB2 model.