

EDITORIAL



Encuentros en la Biología llega a su número 125. A modo de pequeña celebración interna, dedicamos la portada a revisar todas las que han aparecido en los pasados números de la revista. Seguimos celebrando el Año Darwin, con más iniciativas editoriales recogidas en *Monitor*, el anuncio de un Simposio

Internacional recogido en *Foros de la ciencia* y un ensayo reivindicando la figura de Alfred Russel Wallace y su contribución a la teoría de la evolución. Con el otoño vuelven los grandes premios de la ciencia, destacando los premios Lasker y Nobel, tal como se recoge en la sección *Los Premios*. Los artículos siguen siendo núcleo central de la revista. En esta ocasión, incluimos tres artículos de

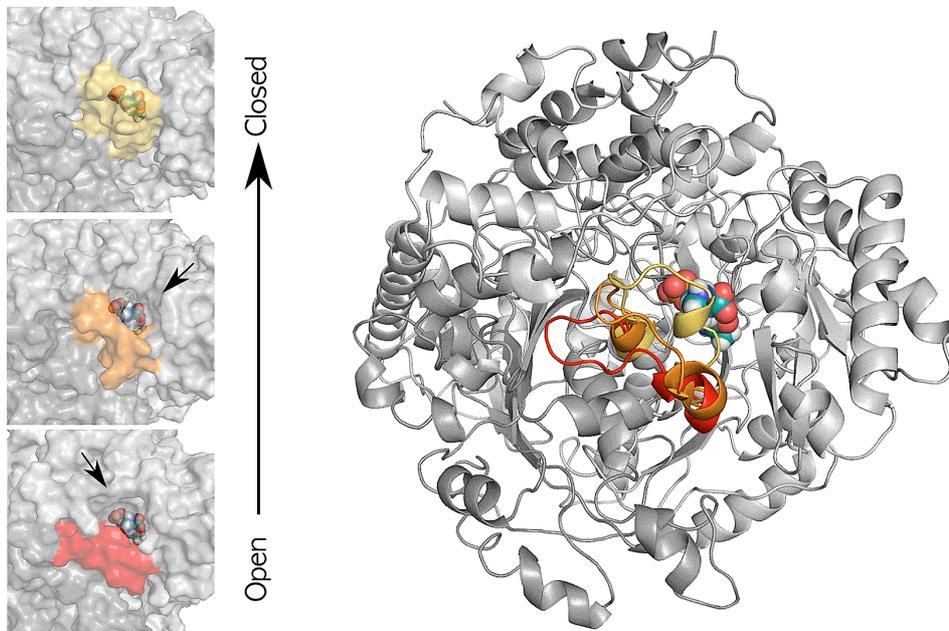
muy diversa temática, uno de los cuáles inaugura una serie dedicada a describir de forma somera y divulgativa los fundamentos de destacadas técnicas instrumentales. Completan este número nuevas entregas de las secciones *La imagen comentada*, *La página del COBA*, *Escribir bien no cuesta trabajo* y *Tablón de anuncios*.

Los co-editores

43
44
45
46



LA IMAGEN COMENTADA



47
48
49
50
51
52

La flexibilidad de la histidina descarboxilasa explica su estabilidad.

La imagen muestra la estructura cuaternaria de la enzima histidina descarboxilasa de mamíferos, responsable de la síntesis de histamina a partir del aminoácido histidina, representado en esferas, en el interior del centro activo. Durante la catálisis la enzima experimenta varios cambios conformacionales, entre ellos, el movimiento del denominado "loop flexible" el cual es además esencial para la estabilidad de la proteína, pues se sabe que este loop es una diana de degradación por proteasas.

Se ha observado experimentalmente que la entrada del sustrato en el centro activo previene la degradación de la enzima por proteasas y se asume que dicha entrada provoca que el loop se mantenga plegado sobre el centro activo. Nosotros hemos estudiado la influencia de este loop en la estabilidad de la histidina descarboxilasa mediante simulaciones computacionales de dinámica molecular, en las que se determina la posición de cada átomo de la molécula a lo largo del tiempo. De esta manera, utilizando una conformación de partida en la que el loop está expuesto hacia el medio externo (loop coloreado en rojo), las simulaciones nos muestran como esta región se va plegando sobre el centro activo, que finalmente, queda totalmente ocluido (loop coloreado en amarillo). En la imagen de la izquierda, centrada en el canal de entrada del centro activo y donde se representa la superficie de la molécula, se observa con mayor claridad como las distintas conformaciones del loop ocluyen dicho canal por completo.

Este trabajo está pendiente de publicación en la revista *Proteins: structure, function and bioinformatics* (DOI 10.1002/prot.22587).

53
54
55

Almudena Pino Ángeles* y Aurelio A. Moya García¶

*Investigadora predoctoral del CIBER de Enfermedades Raras (www.ciberer.es).

¶ Investigador postdoctoral del CIBER de Enfermedades Raras (www.ciberer.es).

apino@uma.es y amoyag@uma.es

56