



Raúl Rivas, Ezequiel Peral, Paula García y Zaki Saati, en su laboratorio. USAL

## Comparan en la USAL el genoma de 194 bacterias para favorecer el descubrimiento de fármacos

Pretenden desmigrar los resultados para poder aislar e identificar alguna de sus predicciones y descubrir una nueva familia de antibióticos

### REDACCIÓN / WORD

SALAMANCA. Investigadores del Grupo Interacciones Microbianas de la Universidad de Salamanca, pertenecientes al Departamento de Microbiología y Genética, al Instituto de Investigación en Agrobiotecnología (Ciale) y a la Unidad de Excelencia Agrienvironment, realizaron un estudio de genómica comparativa con 194 especies que podrán orientar eficientemente la búsqueda de nuevos fármacos de origen microbiano.

Según informó ayer la USAL, en el trabajo, los científicos buscaron conjuntos de genes que pudieran tener relación con la producción de metabolitos secunda-

rios y los compararon con aquellos ya descritos y publicados en las bases de datos disponibles. Como parte del estudio se incluyen análisis evolutivos sobre casi 1.800 grupos de genes que muestran su divergencia o similitud. Gracias a esto, pudieron señalar «multitud de rutas metabólicas aún no descritas» y que, por sus características, podrían sintetizar moléculas bioactivas «de gran interés».

Algunas de las rutas metabólicas halladas tienen relación con familias de moléculas con actividad antimicrobiana, por lo que un estudio más detallado podría dar lugar al descubrimiento de «nuevos antibióticos derivados más eficaces». Además, los investigadores abordan el estudio de pequeños genes que, debido a sus atributos, podrían producir péptidos antimicrobianos. En esta búsqueda encontraron 356 posibles péptidos antimicrobianos, de los cuales 119 no tendrían capacidad he-

molítica, lo cual facilitaría su uso clínico.

Así, los investigadores pretenden desmigrar los resultados publicados para poder aislar e identificar alguna de sus predicciones y, «con suerte», descubrir una nueva familia de antibióticos. Gracias a los estudios realizados, los investigadores creen que han acotado algunas rutas metabólicas «con mucho potencial», por lo que suponen que la tasa de éxito de su búsqueda será «más que rentable».

La investigación publicada en 'Microbial Genomics' fue realizada por Zaki Saati Santamaría, Ezequiel Peral Aranega, Raúl Rivas y Paula García Fraile, del Departamento de Microbiología y Genética de la Universidad de Salamanca y del Instituto de Investigación en Agrobiotecnología, en colaboración con Nelly Sélem Mojica, del Centro de Ciencias Matemáticas de la Universidad Autónoma de México.