

Análisis de la actividad antimicrobiana de un clon con ADN metagenómico proveniente de una pila de compostaje de una refinería

La expansión de los mecanismos de resistencia a los antimicrobianos actuales entre las bacterias patógenas está dando lugar a bacterias multirresistentes que suponen un grave problema de salud pública y se estima que, de no tomarse las medidas adecuadas, el número de muertes debidas a microorganismos resistentes en 2050 podría superar las debidas al cáncer.

Para combatir estas bacterias multirresistentes es necesario encontrar nuevos antimicrobianos (AM) efectivos frente a las mismas. Los antibióticos que usamos en la actualidad derivan de AM naturales, muchos de ellos producidos por bacterias. Sin embargo, la extraordinaria diversidad microbiana aún permanece oculta en la naturaleza debido a la imposibilidad de cultivar la mayor parte de los microorganismos naturales en el laboratorio. Una alternativa para solventar este tipo de limitaciones son los estudios metagenómicos en los que se accede directamente al ADN ambiental sin necesidad de cultivar el microorganismo del que procede.

La metagenómica funcional se basa en la expresión heteróloga de ADN ambiental en una bacteria hospedadora y la posterior detección de un determinado fenotipo debido a la adquisición de un clon con ADN metagenómico que posee una función o actividad particular. En nuestro laboratorio disponemos de varias metagenotecas y estirpes especializadas que aumentan las posibilidades de expresar el ADN metagenómico (1, 2). Actualmente estamos escrutando estas metagenotecas en busca de nuevas actividades antimicrobianas.

El clon UPO15 es uno de los clones con este tipo de actividad, aislado a partir de una metagenoteca de una pila de compostaje de una refinería. El clon presenta actividad antimicrobiana frente a *Staphylococcus aureus* MRSA, uno de los patógenos multirresistentes que más preocupan a las instituciones sanitarias europeas. El análisis de la secuencia de UPO15 indica que no contiene ningún gen relacionado anteriormente con la producción de antimicrobianos. En este trabajo presentamos la caracterización inicial de la actividad antimicrobiana de UPO15, así como la identificación de los genes responsables de dicha actividad.

1. Terrón-González L, Martín-Cabello G, Ferrer M, Santero E. 2016. Functional metagenomics of a biostimulated petroleum-contaminated soil reveals an extraordinary diversity of extradiol dioxygenases. *Appl Environ Microbiol* 82:2467–2478.
2. Terrón-González L, Medina C, Limón-Mortés MC, Santero E. 2013. Heterologous viral expression systems in fosmid vectors increase the functional analysis potential of metagenomic libraries. *Sci Rep* 3.