

# Un software analiza a fondo las bacterias y acelera el desarrollo de vacunas

*Se basa en el análisis de pequeñas secuencias de ADN que se repiten*

Investigadores de la Universidad de Washington han desarrollado una herramienta informática que permite analizar pequeñas secuencias repetitivas del ADN de un microorganismo patógeno. Con esta información, se pueden identificar las diferentes cepas bacterianas de una forma rápida, eficaz y precisa. El enorme beneficio que aportará a la sociedad es que los procesos de desarrollo de las vacunas se acorten de forma considerable. Por Anabel Paramá.

Anabel Paramá Díaz



Dra. en Biología y Directora del Centro de Edición y Análisis 'Gallaecia'-CEASGA



Cuando surge una nueva enfermedad producida por un microorganismo patógeno desconocido, inmediatamente los científicos inician el proceso de identificación de dicho patógeno para, si es posible, desarrollar una vacuna que pueda acabar con él. Todo esto suele llevar bastante tiempo.

Además, las pruebas de diagnóstico empleadas hoy en día para poder determinar qué patógeno nos está atacando, en la mayor parte de los casos, se basan en el cultivo de estos microorganismos; un proceso que requiere mucho tiempo y que, a veces, resulta inútil, pues no se llega a identificar el patógeno. Este hecho, unido a que el ciclo de desarrollo de una vacuna es un proceso largo, tedioso y muy complejo, hace que desde que se manifiesta la presencia del patógeno hasta que se llega a desarrollar una vacuna eficaz contra él puedan pasar años. Un tiempo durante el cual el microorganismo sigue desarrollándose.

Sin embargo, no todo acaba aquí. En el caso de llegar a obtener una vacuna, surge otro grave problema, y es que existen patógenos que mutan sus estructuras externas ([antígenos](#)) según la zona geográfica en la que se encuentren o incluso en diferentes épocas estacionales. Los patógenos cambian sus estructuras para poder sobrevivir. ¿Esto qué significa? Que la vacuna diseñada para un patógeno en particular podría no ser completamente efectiva.

## Nuevo aporte científico

Ahora, un grupo de investigadores de la Universidad de Washington (EEUU) ha desarrollado una herramienta informática que permite diferenciar entre cepas bacterianas a partir de la caracterización de pequeñas secuencias de ADN de cada patógeno. Este dispositivo, al que *han denominado RepeatAnalyzer*, proporciona la información necesaria sobre el patógeno de una forma rápida y precisa, lo que ayuda a identificar rápidamente de qué cepa bacteriana se trata. De este modo, se puede acelerar el proceso de desarrollo de una vacuna, tal y como han descrito en la revista [BMC Genomics](#) los autores de la investigación. Este importante avance tecnológico podría impulsar y acelerar el camino hacia nuevas vacunas.

## Diseño del experimento

Normalmente, para poder entender a las bacterias, los investigadores emplean pequeñas secuencias de ADN que se repiten consecutivamente y que incluyen su heredabilidad, la distribución geográfica y la patogenicidad que conllevan. El problema surge con la catalogación y el seguimiento de estas repeticiones de ADN, ya que este puede ser un proceso muy difícil. Es decir, son muchos los grupos de investigación que están involucrados en la identificación de las secuencias bacterianas; y estar al corriente de su trabajo es costoso. Una tarea que, además, al hacerla de forma manual puede traer consigo errores humanos.

El hecho de introducir errores es muy grave. Si la identificación de la cepa bacteriana no es la correcta, la vacuna que se va a desarrollar no será completamente eficaz. De ahí la preocupación de los científicos en trabajar para solucionar este problema. Ante esta situación, los investigadores de la Universidad de Washington han desarrollado una herramienta informática que reduce al mínimo todos estos problemas, ya que permitiría ser exactos en cuanto a la caracterización bacteriana, para evitar así todo error humano. El *RepeatAnalyzer* permite analizar, registrar y catalogar las pequeñas secuencias de ADN que se repiten de manera consecutiva y un número determinado de veces, así como el genotipo al que dan lugar.

¿Cómo hace esto? Expliquemos un poco el proceso para entender el funcionamiento del software y, de esta manera, poder percibir la magnitud de la importancia de este nuevo dispositivo.

## El software a prueba

Para determinar si el software cumpliría las expectativas con las que se desarrolló, el equipo de investigación puso a prueba su funcionamiento empleando una bacteria: la *Anaplasma marginale* (transmitida por garrapatas entre el ganado vacuno). Este patógeno tiene una alta variedad de cepas distribuidas por todo el mundo, lo que hace que el desarrollo de una vacuna eficaz contra él sea extremadamente complejo. Por ello la *A. marginale* se ha convertido en un modelo perfecto de trabajo.

Los investigadores introdujeron en el software una secuencia genética o proteica de la bacteria en estudio. En general, el software se encarga de rastrear el material genético y determinar cuáles son las secuencias concretas de ADN que se repiten consecutivamente ([secuencias SSR](#)).

Una vez detectadas todas esas secuencias, proporciona información, si este genotipo determinado ya ha sido analizado anteriormente. Además estudia la variabilidad que existe en distintas zonas geográficas. Así, gracias a esta herramienta, los científicos han logrado describir las características de *A. marginale* con todo detalle. La información obtenida les permitió comprender la actuación de la bacteria *A. marginale*, cómo se distribuye geográficamente, y el grado de patogenicidad que puede llegar a provocar, así como su transmisión. El éxito de este programa es, entonces, enorme.

## Beneficios

Esta herramienta ha sido empleada en un modelo concreto de una bacteria con una gran variedad de cepas y ampliamente distribuida por el mundo, tal y como hemos dicho anteriormente.

Sin embargo, los investigadores proponen que también puede ser empleada en el estudio de otras cepas bacterianas que muestren secuencias de ADN repetitivas y una amplia variedad de cepas.

La puesta en marcha del software permitiría así a los investigadores realizar un seguimiento de las cepas bacterianas en un mapamundi y obtener una serie de análisis y métricas necesarias para la caracterización de las cepas.

En caso contrario, cabría la posibilidad de que cepas bacterianas potencialmente patógenas pasasen desapercibidas. En consecuencia, no se llegaría a su identificación exacta. Por tanto, la vacuna desarrollada podría llegar a ser mucho menos eficaz de lo que realmente sería empleando este software.

## Referencia bibliográfica:

Catanese HN, Brayton KA, Gebremedhin AH. [RepeatAnalyzer: a tool for analysing and managing short-sequence repeat data](#). *BMC Genomics* (2016). DOI: 10.1186/s12864-016-2686-2.

**Fuente:** [http://www.tendencias21.net/Un-software-analiza-a-fondo-las-bacterias-y-acelera-el-desarrollo-de-vacunas\\_a42991.html](http://www.tendencias21.net/Un-software-analiza-a-fondo-las-bacterias-y-acelera-el-desarrollo-de-vacunas_a42991.html)