ANÁLISIS DE GENES DE RESISTENCIA A LOS ANTIBIÓTICOS

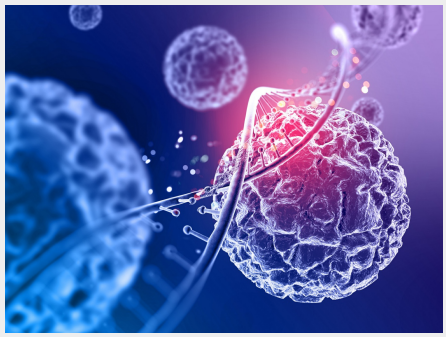
DATOS DE CONTACTO:

Relaciones con la Empresa
Oficina de Transferencia de Resultados de la Investigación-OTRI
Universidad de Alicante
Tel.: +34 96 590 99 59
Email: areaempresas@ua.es
http://innoua.ua.es

RESUMEN

El grupo de Ecología Microbiana Molecular dispone de un procedimiento para el análisis de genes de resistencia a antibióticos (GRA) en muestras de aguas y aire, basado en la combinación del análisis metagenómico y la técnica de PCR, PCR cuantitativa y PCR digital.

Se buscan colaboraciones con empresas y laboratorios interesados en la implementación de esta metodología en la evaluación de la presencia de GRA o como herramienta de monitorización en sistemas de vigilancia epidemiológica.

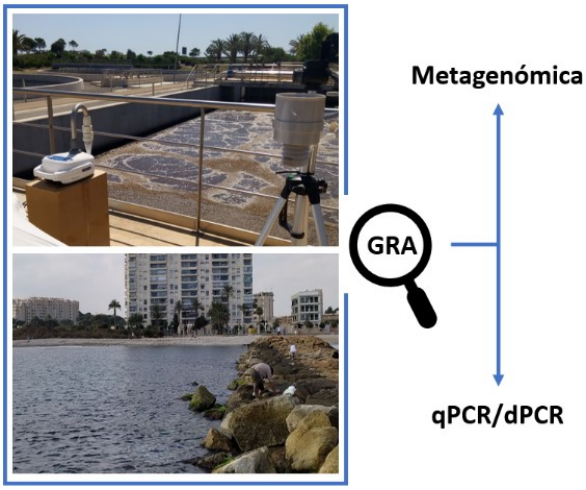


DESCRIPCIÓN TÉCNICA

El desarrollo de genes de resistencia a antibióticos (GRA) por parte de los microorganismos patógenos es un problema de creciente preocupación a escala global.

La identificación temprana de estos genes y de su posible propagación, por ejemplo, a través de las aguas residuales o del aire, es de gran importancia y uno de los objetivos de las políticas en materia de salud de la Unión Europea.

El grupo de investigación en Ecología Microbiana Molecular ha combinado el análisis metagenómico con técnicas basadas en la PCR para la identificación y cuantificación de GRA presentes en muestras de agua y en aire, diferenciando la fracción bacteriana de la formada por virus y vesículas.



VENTAJAS Y ASPECTOS INNOVADORES

Las técnicas clásicas para el estudio de resistencia a antibióticos, basadas en cultivo, presentan la limitación de que no todos los microorganismos son cultivables en el laboratorio. Las técnicas basadas en la detección de ácidos nucleicos mediante *microarrays* o PCR están limitadas a la identificación de GRA cuya secuencia debe ser previamente conocida y descrita. La metagenómica permite el análisis masivo a partir de muestras sin necesidad de cultivarlas, identificando todos los GRA conocidos que estén presentes en dicha muestra y obteniendo una primera estimación de su abundancia.

Una vez identificados los genes presentes en la muestra, la dPCR permite calcular, con mayor precisión, la abundancia absoluta de un determinado GRA sin la necesidad de emplear una curva de calibrado.

El análisis diferenciado de GRA en la fracción procariota y en la fracción vírica y de vesículas permite, además, obtener información sobre los mecanismos de propagación de estos genes.

ESTADO ACTUAL

El grupo de investigación en Ecología Microbiana Molecular ha realizado un análisis exhaustivo del conjunto de genes de resistencia a antibióticos (también llamado resistoma) humano a partir de los datos del Proyecto del Microbioma Humano, identificando cerca de 29000 GRA pertenecientes a 235 tipos diferentes de GRA. Su metodología de trabajo basada en la combinación del análisis metagenómico con la técnica dPCR en fracciones diferenciadas de bacterias y de virus y vesículas ha sido empleada con éxito en estudios sobre la potencial dispersión de GRA en aguas residuales, depuradas y marinas, y en aire.

APLICACIONES DE LA OFERTA

Esta metodología permite el análisis de GRA en aguas residuales (tanto urbanas como hospitalarias), depuradas o en el punto de vertido al mar de las aguas depuradas, así como de aire; el estudio del efecto de los tratamientos realizados en depuradoras, o la monitorización de estos genes en sistemas de vigilancia epidemiológica.

COLABORACIÓN BUSCADA

Se buscan colaboraciones con laboratorios acreditados interesados en la implementación de la metagenómica como herramienta de monitorización estandarizada en sistemas de vigilancia epidemiológica de GRA, así como con empresas interesadas en la evaluación de la presencia de GRA en sus instalaciones.

DERECHOS DE PROPIEDAD INTELECTUAL

Las tecnologías desarrolladas y descritas en esta oferta tecnológica se encuentran protegidas bajo el *know-how* del grupo investigador.

SECTORES DE APLICACIÓN (2)

Molecular Biology and Biotechnology
Medicine and Health