

SOFTWARE VERSNELT ZOEKTOCHT NAAR NIEUWE ANTIBIOTICA

WUR-onderzoeker Marnix Medema en collega's ontwikkelden nieuwe software die de zoektocht naar nieuwe antibiotica fors versnelt door in één klap genen van duizenden bacteriën te screenen.

Antibioticaresistentie neemt wereldwijd toe, terwijl de ontdekking van nieuwe antibiotica steeds minder snel gaat. 'Het laaghangend fruit is inmiddels wel geplukt', vertelt Marnix Medema, onderzoeker bij Bioinformatica. De meeste antibiotica zijn gebaseerd op stoffen die bacteriën en schimmels van nature maken om zichzelf te beschermen, meestal tegen andere micro-organismen. Hoewel al veel antibiotica zijn ontdekt, is dat nog steeds maar een klein deel van alle potentiële stoffen. Het DNA van de bacteriën laat namelijk zien dat ze in staat zijn om vele stoffen te produceren die nog onbekend zijn. Maar het blijft zoeken naar een speld in een hooiberg om de echt waardevolle stoffen in te vinden: tot voor kort konden

onderzoekers alleen nieuwe antibiotica vinden door bacteriën één voor één te testen in het lab.

Medema en zijn Mexicaanse en Amerikaanse collega's ontwikkelden software die super snel door deze hooiberg kan spitten. Deze software, genaamd BiG-SCAPE en CORASON, automatiseert het proces van *genome mining*. Eerst wordt het DNA van verschillende bacteriën in

'De software maakt in één oogopslag zichtbaar welke genen potentie hebben om antibiotica te maken'

kaart gebracht en vervolgens wordt dat ingevoerd in de computer. De software zoekt naar groepjes genen (genclusters) waarvan bekend is dat ze betrokken zijn bij het maken van anti-

biotica, vergelijkt ze onderling en groepeer ze zodat ze effectief doorzocht kunnen worden op nieuwe genen die de potentie hebben om antibiotica te maken. Medema: 'Dankzij de software wordt in één oogopslag zichtbaar welke bacteriën en genen potentie hebben om moleculen te produceren die nog onontdekt zijn.' Voorheen konden dit soort computeranalyses alleen op de genen van een individuele bacterie worden uitgevoerd vertelt Medema. 'Ons programma kan in één klap duizenden bacteriën analyseren.' Dat was een hele uitdaging, omdat het ontzettend veel rekenkracht vergt van de computer om die miljoenen genen met elkaar te vergelijken. Dat zou maanden kosten, maar dankzij slim programmeren is dit nu binnen een dag gepiept. Volgens Medema heeft de software meer mogelijke toepassingen, zoals het zoeken naar nieuwe chemotherapeutica, voedingssupplementen en gewasbeschermingsmiddelen. De software is gratis beschikbaar. **TL**