

EL ESTUDIO APARECE PUBLICADO EN LA REVISTA 'JOURNAL OF PROTEOME RESEARCH'

## Obtienen la composición proteica del veneno de la serpiente 'Crotalus atrox'

Un equipo liderado por el investigador del Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC) Juan José Calvete ha caracterizado la composición proteica del veneno de la serpiente de cascabel norteamericana *Crotalus atrox*, que junto a *Crotalus adamanteus*, es responsable de la mayoría de accidentes por envenenamiento en EEUU.

CSIC

22/6/2009 11:07 CEST



[Serpiente \*Crotalus atrox\*](#), también conocida como cascabel diamantada del oeste. Foto: CSIC.

La investigación forma parte de un proyecto más amplio que pretende entender las bases moleculares de la evolución de los venenos de este género, ampliamente distribuido en todo el continente americano. El estudio mejorará la producción y efectividad de antídotos que neutralicen la toxicidad del veneno de estas serpientes. El trabajo aparece publicado en la revista *Journal of Proteome Research*.

Calvete detalla la investigación: “Hemos identificado mediante técnicas proteómicas qué familias de toxinas están presentes en el veneno de esta serpiente y, además, se había determinado su concentración relativa. Esta información es relevante para saber contra qué arsenal biológico se deben preparar los antídotos”.

El equipo que dirige el investigador del CSIC en el Instituto de Biomedicina de Valencia (CSIC), ha utilizado en este trabajo una nueva metodología, que nunca se ha aplicado al estudio del veneno de serpiente. Con la técnica, basada en la química combinatoria, se han podido analizar proteínas presentes en cantidades minúsculas.

“Con esta nueva tecnología hemos encontrado proteínas enzimáticas implicadas en el procesamiento de algunas de las toxinas del veneno, lo que nos permitirá entender mejor su origen y su evolución”, destaca el investigador del CSIC.

Este tipo de trabajos pretende desarrollar anticuerpos a la carta frente a las toxinas de los venenos de serpientes. Para ello, es necesario conocer qué tipo de toxinas hay en cada veneno. Partiendo de esta base, se podría diseñar el mínimo número de anticuerpos específicos necesarios para neutralizar la acción de cada familia de toxinas, mediante técnicas bioinformáticas basadas en sus estructuras.

### **Antídotos de amplio espectro**

Los grupos de investigación internacionales intentan definir en la actualidad qué mezcla de venenos debe utilizarse para conseguir un suero antiofídico polivalente que neutralice todos los venenos de un determinado género, como por ejemplo *Crotalus*. Las especies de este género tienen una historia común reciente pero han divergido muy rápidamente para adaptarse a gran variedad de nichos ecológicos, desde Canadá hasta Argentina.

“El entendimiento detallado de la diversificación evolutiva de sus venenos es la clave para diseñar la mezcla de inmunización que contenga el mínimo conjunto no redundante de toxinas cuya neutralización bloquee las actividades letales de todos los venenos de la género *Crotalus*”, añade Juan José Calvete.

La administración de un suero antiofídico adecuado es el único tratamiento eficaz frente a una mordedura de serpiente. Las serpientes provocan anualmente cerca de cinco millones de envenenamientos y 100.000 muertes en todo el mundo, principalmente de niños y de trabajadores rurales de países de América Latina, África y Asia.

“El desarrollo de los antisueros necesarios para generar antídotos carentes de reacciones secundarias resultan caros. Una manera de abaratar costes y optimizar recursos es producir antisueros de amplio espectro para uso terapéutico. Los estudios proteómicos como éste muestran la composición detallada de los venenos y representan el primer paso en esa dirección”, concluye el investigador del CSIC.

-----

#### **Referencia bibliográfica:**

Juan J. Calvete, Elisa Fasoli, Libia Sanz, Egisto Boschetti, Pier Giorgio Righetti. "Exploring the venom proteome of the western diamondback rattlesnake, *Crotalus atrox*, via snake venomomics and combinatorial peptide ligand library approaches". *Journal of Proteome Research*, 8 (6), 2009.

**Juan José Calvete** (Valencia, 1957), doctor en Ciencias Biológicas por la Universidad Complutense de Madrid, es profesor de investigación del CSIC en el Instituto de Biomedicina de Valencia (CSIC), desde el año 1998, en el que dirige el Laboratorio de Proteómica Estructural Su trayectoria investigadora ha estado dedicada principalmente a esclarecer las bases estructurales subyacentes a la función de las proteínas. En los últimos años ha desarrollado protocolos que combinan técnicas de química de proteínas, proteómica ("snake venomomics") e inmunquímica ("anivenomics") que posibilitan el análisis detallado de venenos de serpientes en ausencia de una base genómica y de su interacción con antivenenos. Estas investigaciones pretenden dilucidar los mecanismos moleculares de la evolución de los venenos y de la diversificación estructural y funcional de las toxinas ofídicas y utilizar este conocimiento en el desarrollo de herramientas biotecnológicas y en la mejora de los antivenenos existentes.

TAGS

SERPIENTE | ANTÍDOTO | TOXINA | VENENO |

**Creative Commons 4.0**

Puedes copiar, difundir y transformar los contenidos de SINC. [Lee las condiciones de nuestra licencia](#)