LITORALPRESS

Fecha: 13-08-2025
Medio: El Sur
Supl. : El Sur
Tipo: Noticia general
Título: La IA identifica "una mina de oro" de potenciales antibióticos en organismos de lugares extremos

Pág. : 12
Cm2: 511,0
VPE: $ 1.228.887

Tiraje: 10.000
Lectoría: 30.000
Favorabilidad: No Definida

Descubrimiento llega en momento de alza de patógenos resistentes

La IA identifica "una mina de oro" de potenciales antibióticos en organismos de lugares extremos

Se encuentran en unas criaturas unicelulares llamadas arqueas.

La inteligencia artificial (IA) dio con "una nueva mina de oro" de potenciales antibióticos en las arqueas, organismos unicelulares que prosperan en algunos de los entornos más extremos de la Tierra.

Detrás de esta investigación está el equipo de César de la Fuente, de la Universidad de Pensilvania, Estados Unidos, que empleó técnicas de aprendizaje profundo para identificar lo que denominan potentes "arqueasinas". Los detalles se publican en la revista Nature Microbiology.

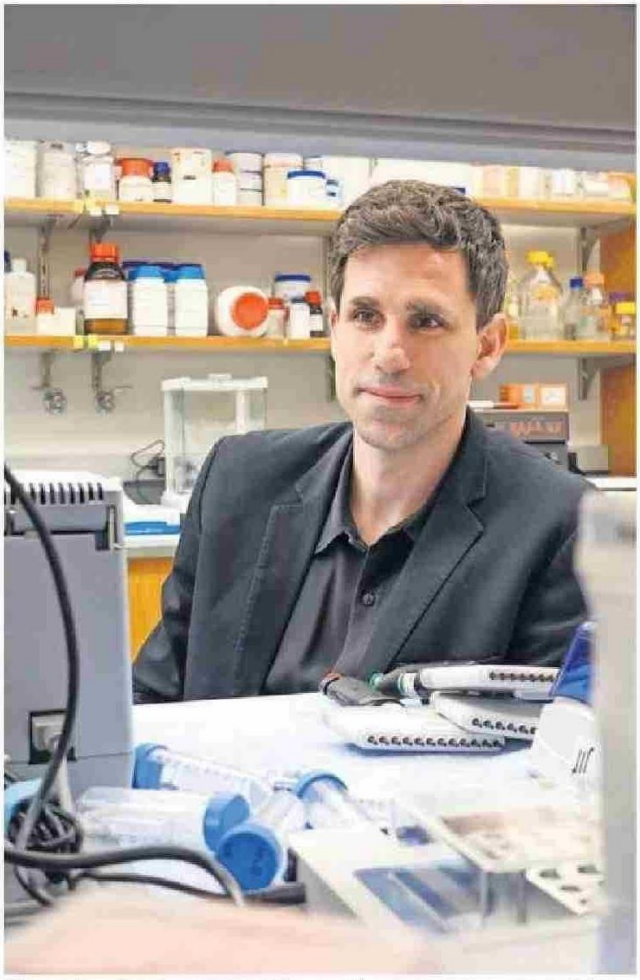
De la Fuente, científico español, lleva casi una década aplicando herramientas de inteligencia artificial para rebuscar, en cada rincón de la biología -viva y extinta-, moléculas con potencial antibiótico, para frenar lo que cada vez más es un problema de salud mundial: las bacterias resistentes.

Precisamente el aumento de infecciones resistentes a los medicamentos y mortalmente peligrosas es lo que llevó al equipo a recurrir, esta vez, a una fuente poco convencional para buscar nuevos fármacos: las arqueas.

En comparación con las bacterias y hongos, este vasto y poco explorado dominio de la vida, formado por organismos unicelulares que prosperan en algunos de los entornos más extremos de la Tierra, ha sido ignorado en la búsqueda de antibióticos, apunta la Universidad de Pensilvania.

Los científicos utilizaron técnicas avanzadas de aprendizaje profundo para analizar los proteomas -el conjunto de proteínas producidas por un organismo y codificadas en su genoma- de cientos de arqueas.

Su algoritmo detectó varias docenas de posibles compuestos antimicrobianos, que fueron denominados colectivamente "arqueasinas".



César de la Fuente es el científico que lidera el equipo que realizó el hallazgo.

Al sintetizar 80 de estos compuestos, los investigadores descubrieron que el 93% exhibía actividad antimicrobiana en ensayos de laboratorio. Entre ellos, la arqueasina-73 destacó por su eficacia, alcanzando un rendimiento comparable al del antibiótico de última generación polimixina B en modelos vivos -ratones-.

"Nuestro estudio revela que las arqueas, un dominio de la vida aún por explorar, albergan un vasto reservorio de moléculas antimicrobianas con el potencial de combatir la resistencia a los antibióticos", señala Marcelo Torres, uno de los autores de la investigación.

Al aprovechar el aprendizaje profundo para explorar el arqueoma, se descubrieron las arqueasinas, nuevos péptidos antibióticos con una potente actividad tanto en modelos in vitro como in vivo, prosigue el investigador.

Por su parte, De la Fuente afirma que esto demuestra cómo la inteligencia artificial puede revelar nuevos antibióticos de fuentes biológicas inesperadas. "Combinar algoritmos con pruebas experimentales rápidas nos permite acelerar el descubrimiento a velocidad digital", explica.

Los hallazgos llegan en un momento crítico, subrayan los científicos. Con el aumento de patógenos resistentes a los medicamentos, se buscan cada vez más soluciones a la crisis de resistencia antimicrobiana.

Estos descubrimientos sugieren que las arqueas podrían albergar "un número incalculable" de compuestos antimicrobianos valiosos, abriendo nuevas vías para combatir infecciones que ya no responden a los medicamentos existentes.

Al destacar el potencial de estos organismos, que anteriormente se pasaban por alto, la investigación sienta las bases para una nueva frontera en el desarrollo de antibióticos, "una que podría ayudar a abordar uno de los desafíos más formidables de la medicina moderna", dicen los expertos.

GRAN 'BIBLIOTECA'

Estos nuevos potenciales compuestos antimicrobianos pasarán a formar parte de la colección que De la Fuente ha ido recopilando en los últimos años, una 'biblioteca molecular' con más de un millón de péptidos -cadenas cortas de aminoácidos conocidas por su potencial como antibióticos innovadores-.

Estos se han encontrado en neandertales, denisovanos, mamuts lanudos, elefantes de colmillos rectos y perezosos gigantes, todas ellas extintas, y en la saliva y el microbioma humano, en vísceras de cerdo, plantas y muchos otros organismos marinos y terrestres.

El equipo ahora utilizó una versión actualizada de APEX, una herramienta de IA que el laboratorio de De la Fuente desarrolló originalmente para identificar candidatos a antibióticos en la biología antigua.