

Hallan en microbioma humano moléculas para ser potenciales antibióticos

Los microbios del cuerpo humano, conocidos por su constante competencia por los recursos limitados, producen moléculas antibióticas como una forma de «guerra química». Ahora, un equipo científico constata que estas interacciones, en particular dentro del microbioma, podrían revelar una gran cantidad de nuevos antibióticos.

En concreto, investigadores de la Universidad de Pensilvania (Estados Unidos), liderados por el español César de la Fuente, identificaron gracias a herramientas de inteligencia artificial 323 moléculas como potenciales antibióticos producidas por microbios que residen en comunidades complejas. Su descripción se publica en la revista Cell.

«En respuesta al alarmante aumento de bacterias resistentes a los medicamentos, que ha superado con creces el desarrollo de los antibióticos convencionales, nuestra última investigación ha identificado una nueva vía prometedora para el descubrimiento de antibióticos dentro del microbioma humano», resumen los autores.

Para explorar la hipótesis de que los antibióticos podrían ser producidos por microbios que residen en comunidades complejas, conocidas como microbioma, los investigadores, también de la Universidad de Stanford, se centraron en los péptidos, cadenas cortas de aminoácidos conocidas por su potencial como antibióticos innovadores.

Así, hicieron un análisis computacional exhaustivo de 444.054 pequeñas familias de proteínas extraídas de 1.773 metagenomas humanos.

Estos metagenomas -conjunto completo de material genético presente en una comunidad microbiana en un entorno específico- provienen de 263 individuos sanos y de 4 partes diferentes del cuerpo, explica a EFE el investigador español.

El análisis computacional identificó 323 candidatos antibióticos «codificados por pequeños marcos de lectura abiertos (smORF)». Un smORF es una pequeña sección de ADN que puede producir una proteína pequeña -ignorada durante muchos años por los científicos debido a su tamaño-.

«En nuestro estudio demostramos que estos smORFs, tradicionalmente considerados como materia oscura sin funcionalidad, pueden codificar moléculas antibióticas, lo que cambia el paradigma y nuestra concepción de estos pequeños fragmentos de ADN», detalla De la Fuente.

Para probar los hallazgos, el equipo sintetizó 78 péptidos -de esos 323- y evaluó su actividad antimicrobiana 'in vitro'. «Sorprendentemente, el 70,5 % exhibió fuertes efectos antimicrobianos».

Dadas sus características distintivas, denominó a este grupo de 323 moléculas «SEP», un nuevo tipo de antibiótico.

Estos SEP mostraron un enfoque multifacético para combatir las bacterias: se dirigieron a sus membranas, trabajaron de manera sinérgica e incluso modularon las poblaciones de comensales intestinales. «Esto sugiere su potencial no solo para combatir patógenos peligrosos, sino también para remodelar las comunidades de microbiomas para una mejor salud».

Entre los candidatos más prometedores, la prevotelina-2, derivada del microbio intestinal 'Prevotella copri'. Esa molécula demostró en modelos animales una eficacia comparable a la del antibiótico comúnmente utilizado polimixina B.

Algo que pueda beneficiar a la humanidad

Según De la Fuente, el siguiente paso es intentar desarrollar estos nuevos antibióticos (los SEP) en algo que pueda beneficiar a la humanidad. También entender cómo se producen estas moléculas para facilitar esta 'guerra química' entre bacterias.

El equipo cree que estas moléculas se producen para permitir a las bacterias defenderse de otras bacterias en su entorno, ya que las bacterias siempre coexisten en comunidades complejas. Los SEP proporcionan una herramienta química crucial para proteger su nicho físico y sobrevivir en ambientes muy hostiles, como el intestino humano.

«Este trabajo demuestra, una vez más, que las máquinas se pueden utilizar para descubrir nuevos antibióticos en la biología», resume a EFE De la Fuente, para quien se refuerza el paradigma que su equipo introdujo hace años, donde la biología se concibe como una fuente de información que se puede explorar con los algoritmos adecuados para descubrir cosas nuevas.

Además, proporciona «evidencia convincente» de que los microbiomas pueden servir como una rica fuente de antibióticos y

otros agentes farmacológicos.

De la Fuente y su equipo llevan años estudiando vías para descubrir nuevos antibióticos. Han explorado incluso la capacidad del aprendizaje profundo para extraer proteínas con capacidad antibiótica de organismos extintos, como el mamut (desextinción molecular).

Esta capacidad de búsqueda de antibióticos en la naturaleza global se ha acelerado «dramáticamente» gracias a la IA. «En un día típico en el laboratorio, llego por la mañana, me tomo un café, y para la hora de comer o cenar, el ordenador ya nos ha proporcionado un montón de nuevas moléculas para explorar. Es como un patio de recreo científico», describe el científico gallego.

Con información de 800Noticias