



Miembros del grupo SING de Informática que desarrollan técnicas para combatir la resistencia antimicrobiana. | Iñaki Osorio

## Informáticos del campus se unen a la lucha contra la resistencia antibiótica

Investigadores del grupo SING crearán modelos virtuales para simular el comportamiento de las bacterias frente a los medicamentos, predecir su respuesta y desarrollar terapias eficaces

**S. DE LA FUENTE**  
Ourense

La resistencia a los antimicrobianos es una de las diez principales amenazas de salud pública a las que se enfrenta la humanidad y combatirla es una prioridad. Así lo ha declarado la Organización Mundial de la Salud, OMS, ya que este escudo con el que han logrado protegerse determinados organismos compromete no solo la capacidad de tratar infecciones comunes, sino que eleva el riesgo a la hora de realizar intervenciones quirúrgicas, implantar prótesis, trasplantar órganos o tratar el cáncer con quimioterapia.

Luchar contra esta resistencia es un desafío que implica a la comunidad científica internacional y un reto también para un grupo de investigadores de la Escuela Superior de Ingeniería Informática del campus de Ourense, que trabajan ya en el desarrollo de modelos virtuales que simulen el comportamiento y respuesta de las bacterias ante los medicamentos. El proyecto, liderado por Analia Lourenço, implica a personal investigador del grupo de Sistemas Informáticos de Nova Xeración (SING) especializa-



Lourdes Borrajo, Adrián Seara, Eva Lorenzo, Juan Díaz, Analia García, Florentino Fernández, Guillermo Blanco, Sofía García y Erik Figueiral son los integrantes del grupo. | Iñaki Osorio

do en adaptar y aplicar técnicas y métodos de inteligencia artificial con las tecnologías de la información y las comunicaciones para resolver problemas en los campos de la biomedicina y la seguridad informática.

Recientemente, el Ministerio de Ciencia aprobó su propuesta para desarrollar el proyecto titulado

«Computación multiescala de comunidades microbianas impulsada por aprendizaje automático», impulsado con 150.250 euros para contribuir a la lucha contra la resistencia de los antimicrobianos: antibióticos, antiviricos, antifúngicos y antiparasitarios. «Este proyecto busca combatir un grave problema de salud mundial: la re-

sistencia de las bacterias a los medicamentos —resistencia antimicrobiana o RAM—, que causa millones de muertes y costes económicos enormes», explica Analia Lourenço, investigadora principal.

Detalla que las bacterias suelen agruparse en biopelículas, formando una «armadura» que las protege y les permite volverse re-

sistentes, especialmente en infecciones crónicas o en dispositivos médicos como las prótesis o catéteres. El problema, añade, es que «estas biopelículas son difíciles de tratar porque forman una estructura 3D con una capa gelatinosa que bloquea los antibióticos y permite que las bacterias se comuniquen entre sí, coordinando su resistencia». Esto explica por qué muchas infecciones no se curan y los tratamientos tradicionales fallan, incide.

El proyecto en el que trabajan estos investigadores está enfocado a las heridas crónicas, como las úlceras en personas con diabetes, donde suelen coexistir dos bacterias peligrosas, 'Pseudomonas aeruginosa' y 'Staphylococcus aureus'. Yuntas, apunta Analia Lourenço, «son más resistentes y agresivas, complicando la recuperación».

Así, la investigación usará modelos computacionales para entender cómo la estructura de las biopelículas y la interacción entre bacterias afectan a la resistencia. Además, probará terapias innovadoras, como péptidos naturales o moléculas que bloquean genes bacterianos, para atacar específicamente estas bacterias sin generar más resistencia. El objetivo, explica la investigadora, «es diseñar tratamientos más precisos y reducir el uso innecesario de antibióticos».

Para ellos, el equipo utilizará herramientas computacionales para crear modelos virtuales detallados de las comunidades bacterianas en biopelículas. «Primero, se integrarán datos de imágenes microscópicas, bases de datos públicas y estudios científicos para reconstruir en 3D cómo se organizan las bacterias y su entorno». A continuación, se simulará su comportamiento a diferentes escalas, desde células individuales hasta grupos completos, usando modelos basados en agentes (ABM), que funcionan como «laboratorios virtuales» donde cada bacteria actúa de forma autónoma, pero interactúa con otras y con su entorno.

Para acelerar estas simulaciones complejas, detalla, «se empleará 'machine learning', creando modelos simplificados que imiten el comportamiento de las biopelículas sin necesidad de cálculos largos, lo que permitirá probar rápidamente diferentes terapias». En la fase final del proyecto, que tendrá una duración de tres años, se analizarán los resultados con métodos estadísticos para validar su precisión y se identificarán los factores clave que influyen en la resistencia. «Esto ayudará a predecir cómo responderán las bacterias a tratamientos específicos, optimizando el diseño de nuevos fármacos», concluye la investigadora principal.