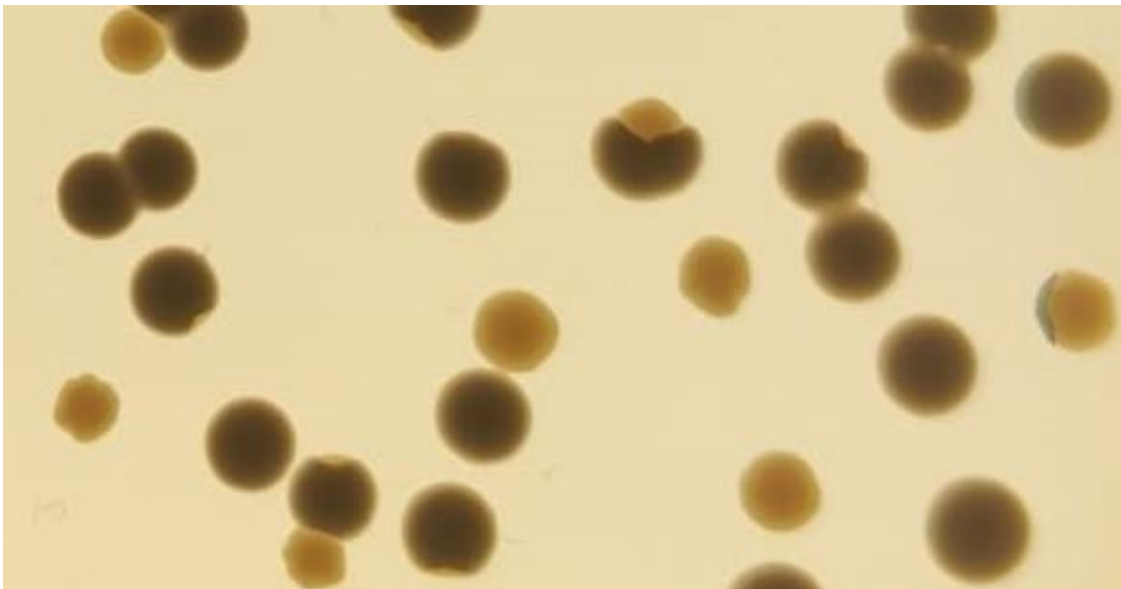




Madrid, miércoles 11 de septiembre de 2024

Descubren un mecanismo que acelera la evolución de bacterias resistentes a los antibióticos

- Un equipo del CSIC desvela la capacidad de las bacterias resistentes a antibióticos de evolucionar de manera diferente gracias a las moléculas conocidas como plásmidos
- Este nuevo mecanismo molecular se ha observado tanto ‘in vitro’ como en la microbiota del intestino de pacientes hospitalizados



Colonias de la bacteria ‘Klebsiella pneumoniae’ con cambios en su morfología debido a genes que saltan desde plásmidos al cromosoma bacteriano. / Jorge Sastre-Domínguez (CNB-CSIC)

La resistencia de las bacterias a los antibióticos es una de las principales amenazas globales de salud pública. Según la Organización Mundial de la Salud (OMS), esta *pandemia silenciosa* causa más de un millón de muertes al año y podría convertirse en 2050 en la primera causa de mortalidad. En este contexto, un equipo del Centro Nacional de Biotecnología (CNB) del CSIC, dependiente del Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades (MICIU), desvela que las bacterias resistentes a antibióticos son capaces de evolucionar de manera diferente gracias a los plásmidos, unos

elementos genéticos móviles responsables de que los mecanismos de resistencia se diseminen entre las bacterias.

Este trabajo, publicado en la revista [Nature Ecology and Evolution](#) y realizado en colaboración con el Instituto Ramón y Cajal de Investigación Sanitaria (IRYCIS) del Hospital Universitario Ramón y Cajal de Madrid, revela un nuevo mecanismo molecular de la evolución las bacterias multirresistentes que ocurre tanto *in vitro* como en la microbiota intestinal de pacientes hospitalizados, es decir, en el conjunto de microorganismos que habita en el intestino.

Es tipo de bacterias, conocidas como ‘superbacterias’, evolucionan a gran velocidad, lo que les permite generar resistencias a prácticamente todos los antibióticos descubiertos hasta la fecha. Sin embargo, aún es necesario comprender los mecanismos evolutivos que les permiten hacer frente al efecto a los tratamientos antibióticos. Ahora, el equipo liderado por el investigador del CNB-CSIC **Álvaro San Millán**, [que estudia el papel de los plásmidos en la resistencia de las bacterias](#), ha descubierto que “estas evolucionan de manera diferente gracias a la presencia de plásmidos, unas pequeñas moléculas de ADN extracromosómico capaces de moverse de una bacteria a otra, y principales diseminadores de la resistencia a los antibióticos”. El científico añade que, en el ADN del plásmido, “existen unos genes conocidos como Secuencias de Inserción porque tienen la capacidad de *saltar* de un lado al otro del ADN. En este trabajo hemos observado que cuando saltan desde un plásmido de resistencia al cromosoma de la bacteria, pueden ayudar a estas a evolucionar a mayor velocidad”.

Para **Jorge Sastre-Domínguez**, investigador del CNB-CSIC y primer autor del trabajo, estos resultados son clave, “ya que estas Secuencias de Inserción se encuentran comúnmente en plásmidos de resistencia y hasta ahora no se había sabido explicar claramente la contribución evolutiva de estos genes que saltan en las bacterias”. Lo verdaderamente novedoso de este estudio es que “lo que hemos descrito en tubos de ensayo, sucede también en el intestino de las personas. Estos patógenos mejoran su crecimiento gracias a los saltos de pequeñas secuencias de ADN entre los plásmidos y los cromosomas. Por azar, estas secuencias saltan y se integran en el ADN bacteriano. Si por suerte, esta integración es en un lugar beneficioso para la célula, este salto mejorará el crecimiento del patógeno”, añade **Alfonso Santos López**, investigador del CNB-CSIC y también autor del trabajo.

“El éxito de las bacterias multirresistentes podría en parte deberse a que los plásmidos, además de actuar como diseminadores de resistencias, potencian la evolución de estos clones mediante este nuevo mecanismo”, concluye San Millán.

Jorge Sastre-Dominguez, Javier DelaFuente, Laura Toribio-Celestino, Cristina Herencias, Pedro Herrador-Gómez, Coloma Costas, Marta Hernández-García, Rafael Cantón, Jerónimo Rodríguez-Beltrán, Alfonso Santos-Lopez & Alvaro San Millan. **Plasmid-encoded insertion sequences promote rapid adaptation in clinical enterobacteria.** *Nature Ecology & Evolution*. DOI: doi.org/10.1038/s41559-024-02523-4

CNB - CSIC Comunicación

comunicacion@csic.es