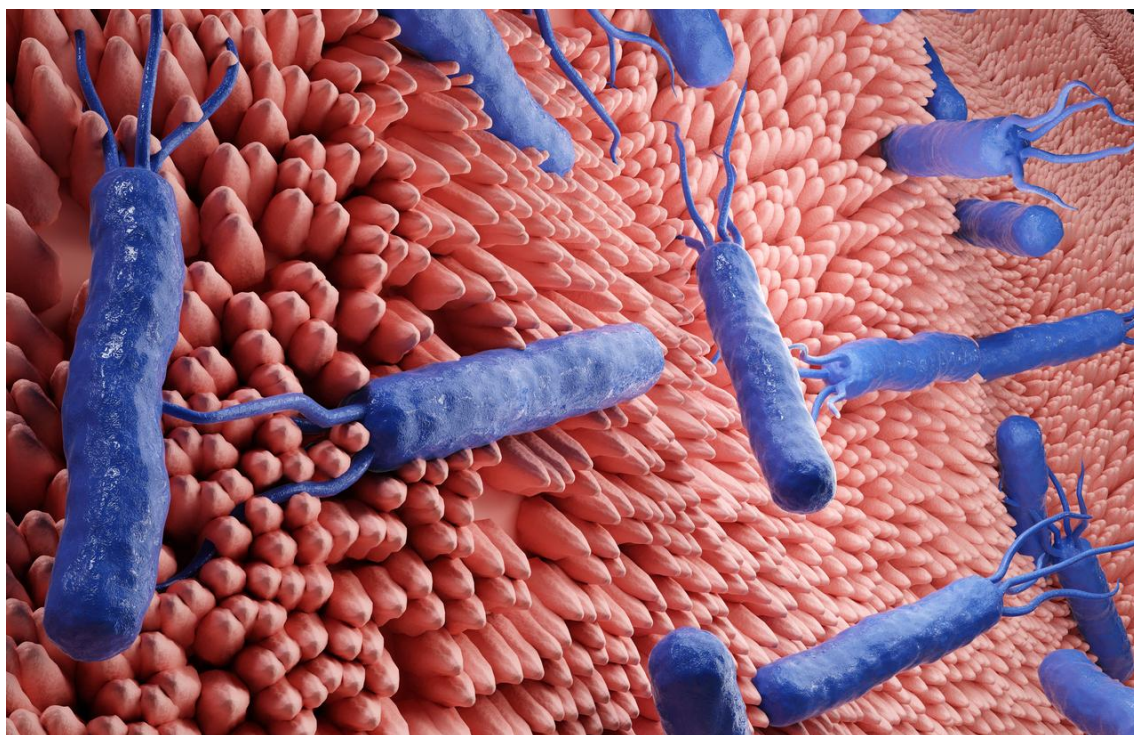


Valencia, viernes 26 de diciembre de 2025

Un método predice la resistencia a antibióticos de una bacteria estomacal que porta la mitad de la población mundial

- Un estudio del CSIC emplea la genómica para predecir con precisión la resistencia a fármacos de ‘*Helicobacter pylori*’, una bacteria que puede causar gastritis, úlceras y un mayor riesgo de cáncer
- Los resultados, que anticipan la resistencia a dos fármacos con total fiabilidad, permitirán reducir la tasa del 25% de tratamientos fallidos asociada a estas resistencias



Recreación de la bacteria ‘*Helicobacter pylori*’ alojada en la mucosa que reviste el estómago. / iStock

Un estudio liderado por el Instituto de Biomedicina de Valencia (IBV), del Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), y el National Reference Center for Campylobacters and Helicobacters (Francia), ha logrado un hito en el tratamiento de

Helicobacter pylori, una bacteria que afecta a la mitad de la población mundial. En un estudio publicado en la revista *The Lancet Microbe*, el equipo describe un método capaz de predecir con un 100% de precisión la resistencia a *claritromicina* y *levofloxacin*, dos antibióticos clave en el tratamiento. En lugar de realizar cultivos de la bacteria, este nuevo método utiliza la secuenciación genómica para identificar mutaciones específicas que avanzan la resistencia, lo que permite saber con antelación qué tratamiento será más eficaz para cada paciente de forma más rápida y precisa.

Helicobacter pylori es una bacteria que vive en el estómago y que puede sobrevivir en un ambiente muy ácido. Es una de las infecciones crónicas más comunes en humanos: se estima que más del 50% de la población mundial la porta, aunque muchas personas nunca presentan síntomas. Cuando lo hacen, provoca gastritis y úlceras pépticas, y, a largo plazo, aumenta el riesgo de cáncer gástrico y un tipo raro de linfoma estomacal.

En la actualidad, los tratamientos buscan erradicar la bacteria para evitar complicaciones más graves. La mayoría combina antibióticos contra *H. pylori* con fármacos para proteger el estómago. “Los tratamientos para erradicar *Helicobacter pylori* fallan en alrededor de un 25% de casos, generalmente debido a bacterias resistentes a alguno de los antibióticos usados”, explica **Iñaki Comas**, profesor de investigación del CSIC en el IBV que lidera el estudio.

Tradicionalmente, la técnica de laboratorio empleada para determinar la posible resistencia de la bacteria ante determinados medicamentos es el cultivo bacteriano. Este método consiste en cultivar una bacteria, es decir, en proporcionarle un ambiente óptimo para que se multiplique, y así obtener una población bacteriana lo suficientemente grande para facilitar el diagnóstico. En el caso de *H. pylori*, este proceso es especialmente difícil y sus resultados difíciles de replicar entre laboratorios.

Sin embargo, “en nuestro proyecto analizamos el ADN genómico de la bacteria para detectar si es resistente a ciertos antibióticos. En lugar de usar métodos tradicionales de laboratorio para determinar su sensibilidad a antibióticos, que requieren cultivar la bacteria, empleamos la secuenciación genómica para identificar mutaciones específicas que indican resistencia”, resume Comas.

Saber qué tratamiento será más eficaz

El objetivo es saber con antelación qué tratamiento será más eficaz para cada paciente de forma más rápida y precisa. “El estudio ha demostrado que es posible predecir con un 100% de precisión la resistencia a claritromicina y levofloxacin, dos antibióticos clave en el tratamiento de *Helicobacter pylori*”, revela **Francisco José Martínez**, investigador doctoral en el IBV-CSIC y uno de los autores principales del trabajo. Con estos resultados han creado un catálogo de mutaciones genéticas que permite diagnosticar la resistencia sin necesidad de cultivar la bacteria, sólo con un análisis para conocer su genoma. Además, han estimado la prevalencia global de estas resistencias, revelando diferencias importantes entre regiones del mundo.

“La principal ventaja de este método es que evita realizar el cultivo de la bacteria, muy difícil de realizar en el caso de *Helicobacter pylori*”, asegura **Álvaro Chiner**, investigador

en la Fundación para el Fomento de la Investigación Sanitaria y Biomédica de la Comunitat Valenciana (Fisabio) y también autor principal del estudio. “Aunque requiere un cultivo positivo (confirmación de presencia bacteriana en una muestra) para obtener el genoma de la bacteria, no es necesario hacer cultivos adicionales para identificar resistencias, lo que ahorra tiempo y recursos. Además, el método es más preciso y reproducible, evitando los errores asociados a las pruebas tradicionales”, puntualiza.

Aplicación global y escalable

Según los investigadores, esta técnica permite una aplicación global y escalable, ya que puede integrarse en plataformas de diagnóstico genómico y adaptarse a las necesidades de cada región. “Esta tecnología puede utilizarse en el diagnóstico clínico para seleccionar el tratamiento más adecuado desde el inicio”, razona Iñaki Comas. En su opinión, la progresiva implantación de la secuenciación genética en hospitales, sobre todo a partir de la pandemia de covid-19, permitiría integrar este análisis para *Helicobacter pylori*.

“También es útil para la vigilancia epidemiológica de la resistencia a antibióticos y para el desarrollo de nuevas estrategias terapéuticas”, añade Comas. A largo plazo, los investigadores confían en que podría contribuir a reducir el fracaso terapéutico y mejorar el control de infecciones por *Helicobacter pylori* en todo el mundo.

El proyecto forma parte de un consorcio internacional financiado y liderado por **Contanza Carmago**, del Instituto Nacional del Cáncer de los Estados Unidos. Además de la Fundación Fisabio, el proyecto ha contado con la colaboración de otras instituciones científicas de España, Francia, Japón y Estados Unidos. En su financiación han contribuido el Consejo Europeo de Investigación (ERC) y el Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades. El laboratorio de Iñaki Comas en el IBV-CSIC forma parte del CIBER en Epidemiología y Salud Pública del Instituto de Salud Carlos III y de la Plataforma Temática Interdisciplinar (PTI) Salud Global del CSIC.

Francisco José Martínez-Martínez, Álvaro Chiner-Oms, Victoria Furió, HpGP Research Network, Yoshio Yamaoka, John P Dekker, Francis Megraud, Lucie Bénéjat, Astrid Ducournau, Alban Giese, Quentin Jehanne, Marine Jauvain, M Constanza Camargo, Iñaki Comas, Philippe Lehours, **Genomic determinants of antibiotic resistance for *Helicobacter pylori* treatment: a retrospective, phenotypic and genotypic observational study**, *The Lancet Microbe*. DOI: 10.1016/j.lanmic.2025.101217

CSIC Comunicación – Comunidad Valenciana

comunicacion@csic.es