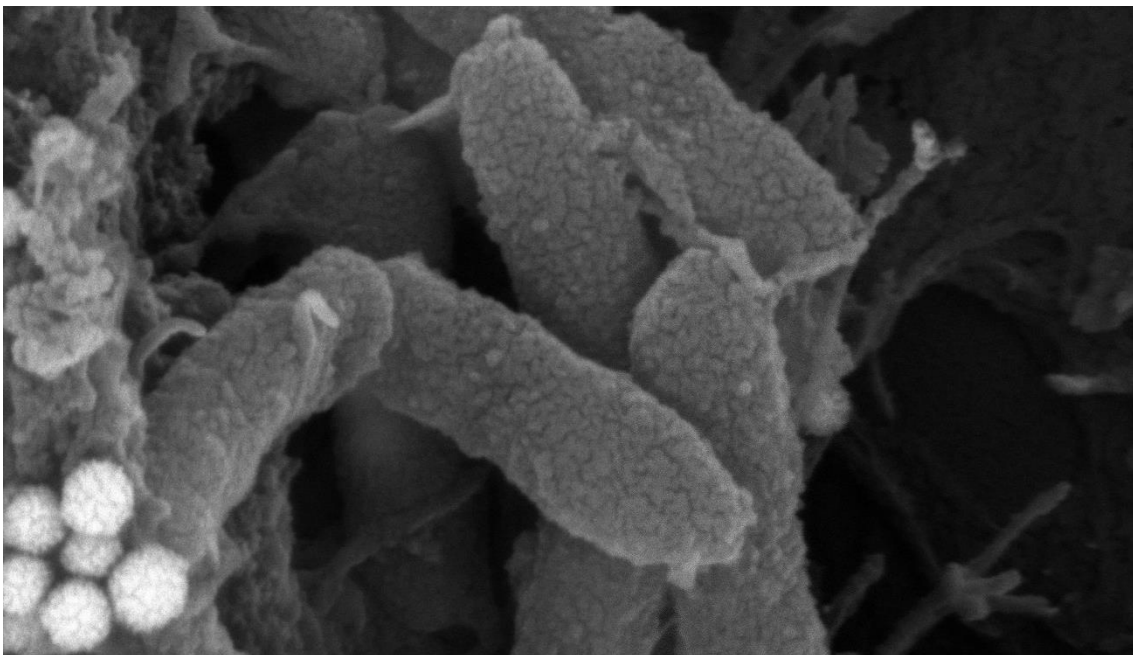




Madrid, miércoles 5 de agosto de 2020

## Un estudio del CSIC descubre una estrategia terapéutica eficaz frente a bacterias resistentes

- El trabajo se basa en la comprensión de la evolución para diseñar tratamientos frente a bacterias como ‘*Pseudomonas aeruginosa*’, con baja sensibilidad a los antibióticos
- Las infecciones provocadas por bacterias resistentes a múltiples fármacos constituyen una preocupación creciente para la salud humana



La bacteria *Pseudomonas aeruginosa* vista al microscopio. / CSIC

Los antibióticos han supuesto uno de los mayores avances para la medicina moderna. De ahí que la resistencia a estos medicamentos sea actualmente una de las principales amenazas para la salud mundial, según la Organización Mundial de la Salud (OMS). Este problema es consecuencia de la capacidad de adaptación y evolución de las bacterias patógenas cuando se enfrentan a los antibióticos. Un trabajo del Consejo

Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), basado en la comprensión de la evolución como base para diseñar tratamientos eficaces frente a bacterias resistentes, ha demostrado que la alternancia de los antibióticos ceftazidima y tobramicina o de ceftazidima y la combinación tobramicina-fosfomicina es efectiva frente a infecciones por *Pseudomonas aeruginosa*, una bacteria que puede causar infecciones pulmonares, de las vías respiratorias, las vías urinarias y otros tejidos así como provocar infecciones generalizadas en el organismo, sobre todo en pacientes inmunodeficientes.

La combinación de antibióticos que propone el estudio, publicado en la revista [Science Advances](#), se basa en el fenómeno conocido como sensibilidad colateral, una 'limitación evolutiva' de las bacterias. "Ya desde los años 50 del siglo XX sabemos que las bacterias, como resultado de la adquisición de resistencia frente a un fármaco, pueden hacerse más sensibles a otros medicamentos. Sin embargo, la posibilidad de explotar esta 'limitación evolutiva', que se produce como consecuencia del uso de un primer fármaco, es más difícil cuando las infecciones ocurren por bacterias genéticamente diferentes, como aquellas resistentes a diversos antibióticos debido a tratamientos previos. Cuando sucede esto es muy complicado que la adquisición de resistencia ocurra siguiendo las mismas vías evolutivas en todas las bacterias que componen la infección pero si estos patrones de sensibilidad colateral conservados existen y los detectamos, es posible partir de este fenómeno para tratar de forma eficaz infecciones de *P. aeruginosa*", apunta **Sara Hernando-Amado**, investigadora del CSIC en el [Centro Nacional de Biotecnología](#) (CNB-CSIC) y coautora del trabajo junto a Fernando Sanz-García y José Luis Martínez.

"Nuestro trabajo demuestra la robustez de la ruta evolutiva que permite la adquisición de resistencia al fármaco ceftazidima en distintos contextos genéticos *P. aeruginosa*. Así sería posible, al menos en el caso de diferentes bacterias resistentes que hemos estudiado, homogeneizar poblaciones heterogéneas utilizando un primer antibiótico, la ceftazidima, y después emplear un segundo antibiótico, la tobramicina o la combinación de tobramicina-fosfomicina, para inhibir el crecimiento de esas bacterias, que ahora sí serían sensibles tras el primer fármaco", añade la científica.

Para llegar a estas conclusiones los investigadores han empleado la técnica de Evolución Adaptativa en Laboratorio (ALE, por sus siglas en inglés). "En los últimos años se ha demostrado que el uso indebido de antibióticos es una de las principales causas de que pierdan su efectividad. Con este trabajo queremos destacar la importancia de estudiar la evolución de la resistencia a estos fármacos, ya que se podrían detectar otras posibles rutas evolutivas en base a las que diseñar nuevas estrategias de tratamiento, haciendo un uso más racional de los antibióticos", concluye la investigadora del CSIC.

Sara Hernando-Amado, Fernando Sanz-García y José Luis Martínez Menéndez. **Rapid and robust evolution of collateral sensitivity in *Pseudomonas aeruginosa* antibiotic-resistant mutants.** [Science Advances](#). DOI: [10.1126/sciadv.aba5493](https://doi.org/10.1126/sciadv.aba5493)