



CIENCIAS DE LA SALUD
Ciencia Vital, Vol. 4, No. 3, julio-septiembre 2026
<https://doi.org/10.20983/cienciavital.2026.03.sal.01>
e0403sal01

CIENCIA VITAL
Revista de Divulgación Científica de la UACJ
ISSN: 2615-7944

¿Sabías que un antibiótico tarda años en llegar a las farmacias?

Descubre cómo se crea uno

Fernando Juárez Vallejo¹
José Antonio Cervantes Chávez²
Héctor Paul Reyes Pool³



- 1 Universidad Autónoma de Querétaro
<https://orcid.org/0009-0009-2717-4311>
fjuarez05@alumnos.uaq.mx
- 2 Universidad Autónoma de Querétaro
<https://orcid.org/0000-0002-6255-1639>
- 3 Universidad Autónoma de Querétaro
<https://orcid.org/0000-0002-6742-3839>



INICIO



¿Y QUÉ OPINA
LA CIENCIA?



CIENCIAS
APLICADAS



CIENCIAS
BÁSICAS



CIENCIAS
DE LA SALUD



CIENCIAS
SOCIALES



DIMENSIONES
ÉTICAS



ENTREVISTAS



SALUD MENTAL



UACJ
POR EL MUNDO

RESUMEN

Los antibióticos son esenciales para tratar infecciones y sostener gran parte de la medicina moderna, pero su uso inadecuado ha favorecido la aparición de bacterias resistentes, conocidas como “superbacterias”. Para enfrentarlas, la ciencia ha buscado nuevos compuestos en microorganismos de la naturaleza y también ha modificado antibióticos existentes mediante semisíntesis, una estrategia que permite mejorar sus propiedades y superar algunos mecanismos de defensa bacteriana. Entre las amenazas más importantes se encuentran las bacterias del grupo ESKAPE, capaces de resistir múltiples tratamientos. Sin embargo, desarrollar un nuevo antibiótico puede tardar entre 10 y 15 años y requerir inversiones muy elevadas, lo que limita el interés comercial. Frente a este desafío, la inteligencia artificial se ha convertido en una herramienta prometedora, ya que permite analizar millones de moléculas en poco tiempo y acelerar la identificación de candidatos, como ocurrió con la halicina. Comprender cómo se descubren, diseñan y protegen estos medicamentos es clave para preservar su eficacia y enfrentar la resistencia bacteriana.

Introducción

Imagine un mundo donde un simple corte al afeitarse, un rasguño jugando en el jardín o una infección de garganta común pudieran ser sentencias de muerte. Ese mundo no es una fantasía de ciencia ficción; fue la realidad de la humanidad durante milenios, hasta hace menos de un siglo. Vivimos en una burbuja de seguridad sanitaria gracias al descubrimiento de los antibióticos, una piedra angular de la medicina moderna. Sin ellos, las cirugías complejas, los trasplantes de órganos y la quimioterapia contra el cáncer serían mucho más peligrosos debido al riesgo de contraer una infección.

Sin embargo, esta seguridad es frágil. Estamos inmersos en una “carrera armamentista” invisible y evolutiva. El uso masivo e indiscriminado de estos fármacos ha favorecido la selección de bacterias resistentes, capaces de sobrevivir a tratamientos que antes las eliminaban, y ha contribuido a la aparición de “superbacterias” resistentes a múltiples antibióticos. Ante esta amenaza, la ciencia debe responder a una pregunta urgente: ¿cómo se desarrollan nuevos antibióticos?

El legado de la casualidad y la plataforma Waksman

Para entender cómo desarrollamos antibióticos hoy, debemos mirar al pasado. La historia nos cuenta que Alexander Fleming descubrió la penicilina en 1928 por un descuido: un hongo (*Penicillium notatum*) contaminó sus placas de cultivo e inhibió el crecimiento de las bacterias *Staphylococcus* que él estudiaba. Este descubrimiento trascendió cuando pasó de ser una simple curiosidad de laboratorio y se convirtió en un medicamento aplicable a la población para controlar infecciones.

Históricamente, la gran mayoría de nuestros antibióticos no fueron “inventados”, sino “descubiertos”. Sin notarlo, el suelo bajo nuestros pies es un campo de batalla químico. Durante millones de años, las bacterias y los hongos han competido por nutrientes, desarrollando sustancias químicas para eliminar a la competencia.

Sin embargo, en la naturaleza, estos microorganismos raramente viven solos; al contrario, forman comunidades llamadas “consorcios microbianos”, donde la cooperación y la competencia química ocurren simultáneamente. Muchas veces, una bacteria no produce un antibiótico a menos que se sienta amenazada por la presencia de otra especie vecina. Este fenómeno ha llevado a la ciencia moderna a estudiar no solo microbios aislados, sino también estas interacciones grupales para “despertar” genes que normalmente están inactivos en condiciones óptimas de laboratorio.



INICIO



¿Y QUÉ OPINA LA CIENCIA?



CIENCIAS APLICADAS



CIENCIAS BÁSICAS



CIENCIAS DE LA SALUD



CIENCIAS SOCIALES



DIMENSIONES ÉTICAS



ENTREVISTAS



SALUD MENTAL



UACJ POR EL MUNDO

Este “despertar” es un desafío técnico considerable; los científicos pasan años experimentando con diferentes combinaciones de estrés y nutrientes —el equivalente biológico a buscar la frecuencia exacta de una radio— para que la bacteria finalmente revele su secreto químico. Este cuello de botella inicial explica por qué, de miles de muestras de suelo, solo una fracción ínfima llega a la siguiente fase.

El método clásico para encontrar estas sustancias se conoce como la plataforma Waksman, en honor a Selman Waksman, quien lideró investigaciones que condujeron al descubrimiento de la estreptomicina y contribuyó a popularizar el término “antibiótico”. El proceso, aunque laborioso, es elegante en su lógica:

Se recogen muestras de suelo de los lugares más diversos —desde un bosque lluvioso hasta las profundidades de las fosas oceánicas— y se cultivan los microorganismos presentes en placas de Petri, recipientes de laboratorio utilizados para cultivar microbios (Figura 1).

Se enfrentan estos microorganismos desconocidos contra bacterias patógenas, es decir, capaces de causar enfermedades. Si se observa un “halo de inhibición”, una zona transparente donde el patógeno no crece alrededor del microbio de prueba, sabemos que allí puede haber una sustancia con actividad antibiótica [1].

El reto químico consiste en separar la molécula o las moléculas activas de entre miles de otros compuestos que produce la bacteria.

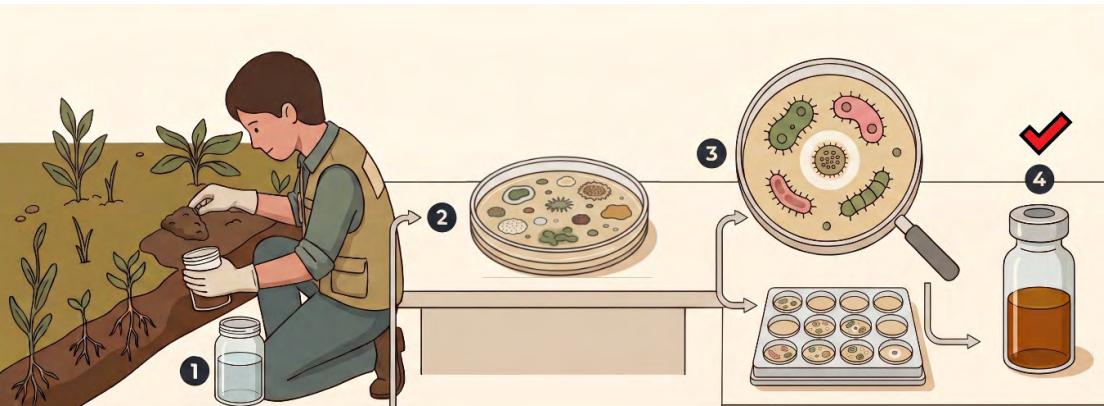


Figura 1. Paso a paso de la plataforma Waksman: 1) muestreo de suelo, 2) aislamiento de bacterias, 3) pruebas de actividad contra patógenos mediante halos de inhibición y 4) obtención del compuesto antibiótico.

Ilustración: concepto del autor, creada con apoyo de Google Gemini.

Ingeniería molecular y el nacimiento de las generaciones de antibióticos

Dado que descubrir moléculas antibióticas nuevas se ha vuelto extremadamente difícil, la ciencia farmacéutica adoptó una estrategia diferente: la semisíntesis, que consiste en modificar químicamente una molécula obtenida de una fuente natural. En lugar de buscar una llave nueva, tomamos la llave vieja y la limamos para que abra el nuevo cerrojo. Esta estrategia ha permitido desarrollar numerosos antibióticos derivados de compuestos conocidos.

Los científicos identifican la estructura central del antibiótico, llamada andamio molecular, que es esencial para su función. Luego, modifican químicamente los grupos laterales, las “ramas” que salen del andamio, para alterar sus propiedades.

El ejemplo por excelencia son los antibióticos denominados beta-lactámicos, una familia de fármacos que incluye a las penicilinas, las cefalosporinas y los carbapenémicos. Todos comparten en su estructura un anillo de cuatro átomos llamado “anillo beta-lactámico”. Este anillo es esencial para impedir que las bacterias construyan adecuadamente su pared celular. En conse-



INICIO



¿Y QUÉ OPINA LA CIENCIA?



CIENCIAS APLICADAS



CIENCIAS BÁSICAS



CIENCIAS DE LA SALUD



CIENCIAS SOCIALES



DIMENSIONES ÉTICAS



ENTREVISTAS



SALUD MENTAL



UACJ POR EL MUNDO

cuencia, las bacterias quedan debilitadas y pueden romperse por la presión osmótica, es decir, la presión generada por el movimiento del agua a través de su membrana. Las modificaciones químicas realizadas a estos compuestos han dado origen a diferentes familias y generaciones de antibióticos. Es importante señalar que las generaciones se utilizan especialmente para clasificar a las cefalosporinas y no constituyen una secuencia única aplicable a todos los beta-lactámicos. A continuación, se presentan dos ejemplos de la evolución de las penicilinas:

La penicilina G fue revolucionaria, pero presenta limitaciones. El ácido del estómago puede inactivarla, por lo cual se administra principalmente por vía inyectable. Además, tiene actividad limitada frente a ciertas bacterias, en particular algunas Gram-negativas, que poseen una membrana externa adicional que dificulta la entrada de determinados antibióticos.

La ampicilina y la amoxicilina surgieron de modificaciones químicas de la estructura de la penicilina. Estos cambios permitieron obtener fármacos que pueden administrarse por vía oral y que tienen un espectro de acción más amplio, incluida la actividad frente a algunas bacterias Gram-negativas. La amoxicilina, por ejemplo, presenta una absorción oral favorable [2].

El rostro de la amenaza: el grupo de superbacterias ESKAPE

Cuando hablamos de “superbacterias”, los científicos suelen referirse a bacterias que han desarrollado resistencia a múltiples antibióticos. Un grupo especialmente importante en los hospitales es ESKAPE, un acrónimo que agrupa a seis patógenos de gran relevancia clínica: *Enterococcus faecium*, *Staphylococcus aureus*, *Klebsiella pneumoniae*, *Acinetobacter baumannii*, *Pseudomonas aeruginosa* y especies de *Enterobacter*. Estas bacterias pueden causar infecciones difíciles de tratar y representan un desafío para los sistemas de salud [3].

Estos patógenos han perfeccionado el arte de la supervivencia. Por ejemplo, algunas variantes de *Staphylococcus aureus* son resistentes a la meticilina, un antibiótico que antes era eficaz para controlar muchas infecciones causadas por esta bacteria. De igual manera, otras bacterias han desarrollado las denominadas “bombas de flujo”, proteínas localizadas en su membrana que actúan como pequeños motores que “expulsan” el antibiótico fuera de la célula antes de que este pueda causar daño. Entender estas tácticas es vital para que los químicos diseñen moléculas que no sean detectadas o expulsadas.

La guerra de las tijeras moleculares

¿Por qué necesitamos nuevas generaciones de antibióticos? Porque las bacterias contraatacan. Muchas bacterias producen enzimas llamadas beta-lactamasas, proteínas que actúan como tijeras moleculares al romper el anillo beta-lactámico y desactivar el fármaco antes de que pueda actuar.

En respuesta, los científicos han desarrollado cefalosporinas de distintas generaciones, como la ceftriaxona, que pertenece a la tercera generación, y la cefepima, de cuarta generación. Algunas modificaciones del andamio incorporan grupos químicos que dificultan el acceso de determinadas beta-lactamasas al anillo vital. Sin embargo, no todas las cefalosporinas son resistentes a todas estas enzimas. Es un juego interminable del gato y el ratón: nosotros mejoramos el escudo y, en respuesta, las bacterias desarrollan nuevas formas de defensa (Figura 2).



INICIO



¿Y QUÉ OPINA LA CIENCIA?



CIENCIAS APLICADAS



CIENCIAS BÁSICAS



CIENCIAS DE LA SALUD



CIENCIAS SOCIALES



DIMENSIONES ÉTICAS



ENTREVISTAS



SALUD MENTAL



UACJ POR EL MUNDO



Figura 2. Mecanismo de acción de un antibiótico beta-lactámico y resistencia bacteriana. Arriba (flecha angosta): las bacterias producen beta-lactamasas, “tijeras moleculares” que rompen el anillo beta-lactámico y desactivan el antibiótico. Abajo (flecha gruesa): el rediseño químico del antibiótico puede dificultar la acción de determinadas beta-lactamasas y conservar su actividad.

Ilustración: concepto del autor, creada con apoyo de Google Gemini.

El valle de la muerte: entre lo económico y lo regulatorio

A pesar de estos emocionantes avances científicos, hay una barrera final que no es biológica, sino económica y regulatoria. Una vez descubierta una molécula prometedora, esta debe atravesar lo que la industria llama “valle de la muerte”, el periodo en el que muchos proyectos no logran avanzar desde la investigación inicial hasta convertirse en medicamentos disponibles (Figura 3).

Llevar un antibiótico desde el laboratorio hasta la farmacia puede tomar entre 10 y 15 años y requerir inversiones de cientos de millones o incluso más de mil millones de dólares, según el proyecto y la forma de calcular los costos. El proceso se divide en fases estrictas:

- » En la fase preclínica se realizan pruebas de laboratorio y, cuando corresponde, estudios en animales para evaluar la actividad, la toxicidad y otras características del compuesto.
- » En la fase I se estudia principalmente la seguridad, la tolerancia y el comportamiento del fármaco en un grupo pequeño de personas, generalmente voluntarios sanos.
- » En la fase II se evalúan la seguridad y la eficacia preliminar en un grupo de pacientes con la enfermedad que se busca tratar.
- » En la fase III se realizan ensayos clínicos más amplios para confirmar la eficacia y la seguridad, y comparar el nuevo tratamiento con las alternativas disponibles [4].

El problema es el retorno de inversión. Un antibiótico suele administrarse durante un periodo relativamente corto y, cuando funciona, el paciente deja de necesitarlo. En contraste, muchos medicamentos para controlar enfermedades crónicas, como la diabetes o la hipertensión arterial, se utilizan durante años. Esto hace que el desarrollo de antibióticos resulte menos atractivo para algunas grandes farmacéuticas. Además, los nuevos antibióticos deben utilizarse

con prudencia para retrasar la aparición de resistencia, lo que puede limitar sus ventas. Muchas empresas han reducido o abandonado sus programas de investigación en este sector, dejando parte de la innovación en manos de pequeñas empresas biotecnológicas y universidades que a menudo enfrentan dificultades financieras antes de completar los ensayos clínicos [5].



Figura 3. Barreras económicas y regulatorias en el desarrollo de antibióticos: esquema del “valle de la muerte”, que muestra las etapas preclínica y clínicas, los costos de desarrollo y los obstáculos normativos que dificultan que un nuevo antibiótico llegue al mercado.

Ilustración: concepto del autor, creada con apoyo de Google Gemini.

Inteligencia artificial, un nuevo aliado

La integración de la inteligencia artificial (IA), tecnología que permite a las computadoras identificar patrones y realizar tareas que normalmente requieren inteligencia humana, ha marcado un punto de inflexión en la farmacología moderna. Esto permite que la búsqueda de nuevos compuestos no dependa exclusivamente de la intuición humana o de la suerte en el laboratorio. Mediante el uso de modelos de aprendizaje profundo (deep learning), una técnica de IA que aprende patrones complejos a partir de grandes cantidades de datos, los científicos pueden analizar bibliotecas digitales que contienen millones de moléculas en apenas unos días, un proceso que mediante pruebas experimentales individuales podría tomar mucho más tiempo. Estos algoritmos son entrenados para reconocer patrones químicos sutiles asociados con la inhibición del crecimiento de patógenos, permitiendo explorar regiones del “espacio químico”, es decir, el conjunto de estructuras moleculares posibles, que antes resultaban difíciles de investigar.

El caso más emblemático de este avance es el descubrimiento de la halicina, un compuesto con actividad antibiótica identificado mediante un enfoque de aprendizaje profundo. Los investigadores entrenaron una red neuronal, un modelo computacional inspirado en la organización de las neuronas, para predecir la actividad antibacteriana a partir de la estructura molecular, sin depender únicamente de las ideas previas sobre cómo “debería” verse un antibiótico. El resultado fue el hallazgo de una molécula que, aunque inicialmente se estudió para fines distintos, demostró actividad contra bacterias altamente resistentes a antibióticos en estudios de laboratorio y modelos animales, abriendo así una nueva puerta a estructuras químicas innovadoras [6].

Esta frontera tecnológica no solo acelera la fase inicial de descubrimiento, sino que puede actuar como un filtro para evitar que moléculas con alta probabilidad de fracaso entren al cos-

toso “valle de la muerte”. Al combinar la capacidad computacional con el diseño de moléculas átomo por átomo, la IA permite ganar tiempo valioso en la carrera evolutiva contra las bacterias. Sin embargo, sus predicciones deben confirmarse mediante experimentos y ensayos clínicos. En un contexto donde la eficacia de cada nuevo fármaco puede verse limitada por la aparición de resistencia, el uso de estas herramientas digitales se vuelve cada vez más importante para asegurar que la medicina moderna no se quede sin opciones frente a las superbacterias [7].

La creación de nuevos antibióticos es una de las hazañas más sofisticadas de la ciencia moderna. Es una disciplina que navega entre la exploración de la biodiversidad microbiana profunda y el diseño de moléculas átomo por átomo. Mientras algunos científicos, con el reloj en contra, siguen diseñando moléculas a partir de las estructuras químicas existentes para crear nuevas generaciones de fármacos, otros intentan ganar tiempo apostando por abrirle la puerta a estructuras con potencial antibiótico nunca antes imaginadas [6].

Sin embargo, la ciencia no ocurre en el vacío. La crisis de resistencia antibiótica no se resolverá solo con nuevas moléculas; requiere un cambio en el modelo económico que incentive su desarrollo y, sobre todo, una conciencia global sobre su conservación. Cada nuevo antibiótico es un recurso cuya eficacia debemos proteger; desde el momento en que se utiliza, existe la posibilidad de que las bacterias desarrollen resistencia. Entender el titánico esfuerzo que conlleva crearlos es el primer paso para valorarlos como lo que realmente son: un tesoro prestado que debemos proteger.

Agradecimiento: al Fondo para el Fortalecimiento de la Investigación, Vinculación y Extensión (FONFIVE), proyecto FNB202537, para J. A. C. Ch.

Referencias

- [1] K. Lewis, “The science of antibiotic discovery,” *Cell*, vol. 181, no. 1, pp. 29–45, 2020. doi: <https://doi.org/10.1016/j.cell.2020.02.056>.
- [2] B. G. Katzung, *Basic & Clinical Pharmacology*, 14th ed. New York, NY, USA: McGraw-Hill Education, 2018. [En línea]. Disponible en: <https://accessmedicine.mhmedical.com/book.aspx?bookID=2249>.
- [3] V. M. Chávez-Jacobo, “La batalla contra las superbacterias: no más antimicrobianos, no hay ESKAPE,” *TIP Revista Especializada en Ciencias Químico-Biológicas*, vol. 23, art. e20200202, 2020. doi: <https://doi.org/10.22201/fesz.23958723e.2020.0.202>.
- [4] G. D. Wright, “Opportunities for natural products in 21st century antibiotic discovery,” *Natural Product Reports*, vol. 34, no. 7, pp. 694–701, 2017. doi: <https://doi.org/10.1039/C7NP00019G>.
- [5] The Pew Charitable Trusts, “Antibiotics currently in global clinical development,” 2021. [En línea]. Disponible en: <https://www.pewtrusts.org/en/research-and-analysis/data-visualizations/2014/antibiotics-currently-in-clinical-development>.
- [6] J. M. Stokes et al., “A deep learning approach to antibiotic discovery,” *Cell*, vol. 180, no. 4, pp. 688–702.e13, 2020. doi: <https://doi.org/10.1016/j.cell.2020.01.021>.
- [7] B. K. R. Sanapalli, S. Palit, A. Deshpande, R. Tokala, D. K. Sigalapalli y V. Sanapalli, “Artificial intelligence and the discovery of antibiotics: Reinventing with opportunities, challenges, and clinical translation,” *Antibiotics*, vol. 15, no. 2, art. 233, 2026. doi: <https://doi.org/10.3390/antibiotics15020233>.
- [8] S. Giono-Cerezo, J. I. Santos-Preciado, M. D. R. Morfín-Otero, F. J. Torres-López y M. D. Alcántar-Curiel, “Resistencia antimicrobiana. Importancia y esfuerzos por contenerla,” *Gaceta Médica de México*, vol. 156, no. 2, pp. 172–180, 2020. doi: <https://doi.org/10.24875/gmm.20005624>.
- [9] Y. López Gamboa, Y. Gamboa Pellicier, Y. Rodríguez Cantillo y Y. L. Arteaga Yáñez, “Resistencia microbiana a los antibióticos: un problema de salud creciente,” *Revista*



INICIO



¿Y QUÉ OPINA LA CIENCIA?



CIENCIAS APLICADAS



CIENCIAS BÁSICAS



CIENCIAS DE LA SALUD



CIENCIAS SOCIALES



DIMENSIONES ÉTICAS



ENTREVISTAS



SALUD MENTAL



UACJ POR EL MUNDO

Científica Hallazgos21, vol. 7, no. 1, pp. 103–114, 2022. doi: <https://doi.org/10.69890/hallazgos21.v7i1.562> .

[10] J. M. Vanegas Múnera y J. N. Jiménez Quiceno, “Resistencia antimicrobiana en el siglo XXI: ¿hacia una era postantibiótica?,” Revista Facultad Nacional de Salud Pública, vol. 38, no. 1, pp. 1–6, 2020. doi: <https://doi.org/10.17533/udea.rfnsp.v38n1e337759> .



INICIO



¿Y QUÉ OPINA
LA CIENCIA?



CIENCIAS
APLICADAS



CIENCIAS
BÁSICAS



CIENCIAS
DE LA SALUD



CIENCIAS
SOCIALES



DIMENSIONES
ÉTICAS



ENTREVISTAS



SALUD MENTAL



UACJ
POR EL MUNDO