GODINE MIKROBIOLOŠKIH NAPORA, AI SKRAĆUJE NA DANE

Autor: Borna Kufner

Sve češća pojava multirezistentnih bakterija dovodi u pitanje učinkovitost postojećih terapijskih protokola i značajno povećava morbiditet, mortalitet i troškove zdravstvenog sustava. U tom kontekstu, početkom 2025. godine veliku je pozornost izazvala vijest da je umjetna inteligencija u svega 48 sati generirala znanstvenu hipotezu o mehanizmu širenja rezistencije kod „Superbugova". Do iste su istraživači s Imperial Collegea u Londonu dolazili gotovo deset godina. Ovaj događaj predstavlja važan iskorak u primjeni umjetne inteligencije u biomedicnskim znanostima.

Superbugs

Pojam „Superbug" označava mikroorganizme koji posjeduju višestruke mehanizme rezistencije na antibiotike. Može se klasificirati kao multirezistentan mikroorganizam (MDR) ili, u težim slučajevima, ekstenzivno rezistentan (XDR) i panrezistentan (PDR). U kliničkoj praksi najznačajniji primjeri su meticilin rezistentni *Staphylococcus aureus* (MRSA), vankomicin rezistentni enterokoki (VRE), karbapenem rezistentne enterobakterije (CRE) te brojne bakterije koje proizvode ESBL poput *Escherichiae coli* i *Klebsiellae pneumoniae.* Ključni problem u borbi protiv ovih patogena ne predstavlja njihova individualna rezistencija. Izazov leži u njihovoj sposobnosti da brzo prenose gene rezistencije između različitih bakterijskih vrsta, proces koji se naziva horizontalni prijenos gena. On se odvija transformacijom, transdukcijom i konjugacijom. Upravo je mehanizam koji omogućuje preskakanje rezistencije između evolucijski udaljenih bakterija bio tema višegodišnjeg istraživanja tima na Imperial Collegeu u Londonu.

Godine truda

Profesor José R. Penadés, zajedno sa svojim istraživačkim timom, posljednjih je deset godina pokušavao razjasniti kako određeni multirezistentni sojevi uspijevaju inficirati širok spektar bakterijskih domaćina i pri tome učinkovito širiti gene rezistencije. Tijekom istraživanja razvijena je hipoteza da posebne kromosomske strukture (puni naziv: capsid-forming-phage-inducible chromosomal islands – cf-PICI) omogućuju ovim „Superbugovima" posuđivanje proteinske ovojnice i repove različitih bakteriofaga. Na taj način bakterija koristi virusnu strukturu kako bi transportirala vlastiti genetski materijal u nove bakterijske stanice. Opisani je mehanizam sofisticiranija varijanta transdukcije i njime se znatno povećava evolucijska prilagodljivost i epidemiološki potencijal superbakterija. Eksperimentalni podaci postupno su podupirali ovu hipotezu, no zbog njezine složenosti potrebna su dugotrajna ispitivanja.

Co-Scientist

Početkom godine Google je objavio novi AI eksperimentalni sustav pod nazivom „Co-Scientist". Taj alat temeljen je na naprednom jezičnom



AI generirana ilustracija

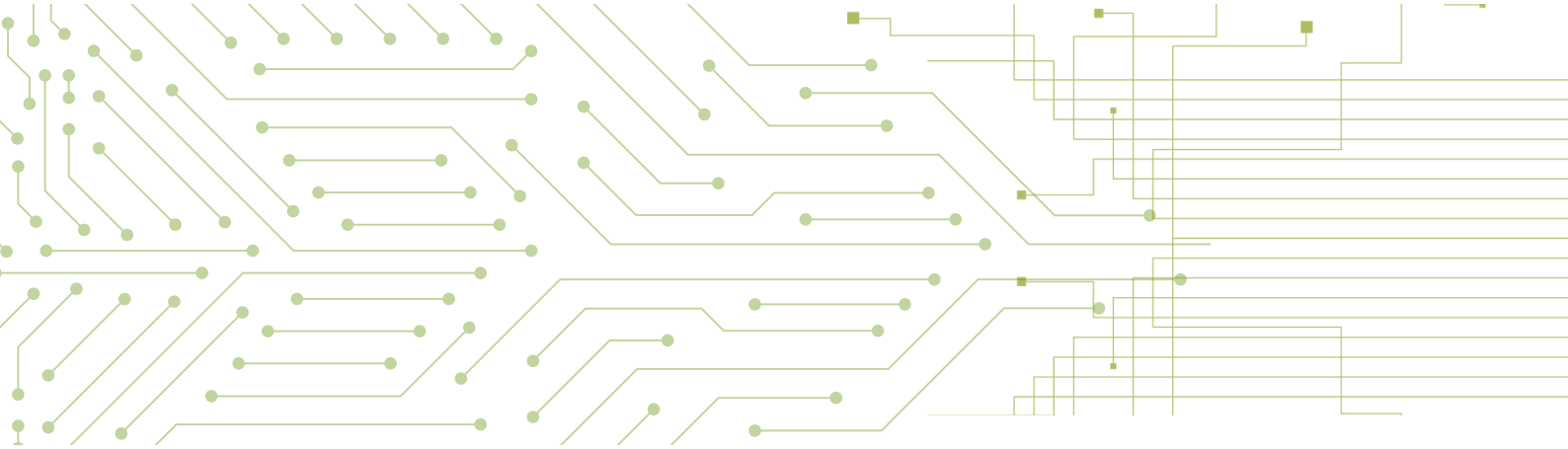
modelu razvijenom unutar Google-ovog sustava Gemini i njegova uloga bila je upravo donošenje novih hipoteza i predlaganje istraživanja znanstvenicima. Tim iz Imperial Collegea u veljači je odlučio isprobati novi model; dali su opis problema, ali bez ikakvih neobjavljenih rezultata i zaključaka. Na njihovo iznenađenje, za 2 dana „Co-Scientist' je generirao hipotezu koja se u potpunosti podudarala s njihovim zaključcima, za koja im je trebalo gotovo desetljeće. No, to nije sve; uz njihov zaključak, AI je predložio još četiri alternativne hipoteze od kojih je svaka imala smisla i otvara prostor novim istraživanjima.

Zajedničkim snagama do nove terapije

Ako bi se hipoteza o cf-PICI strukturama i virusno posredovanom prijenosu rezistencije dodatno potvrdila, pomaci u kliničkoj mikrobiologiji bili bi ogromni. Razumijevanje točnih mehanizama prijenosa omogućilo bi razvoj novih terapija koje ne bi bile usmjerene samo na ubijanje bakterija, već i direktno na prijenos gena rezistencije između bakterija i bakteriofaga. Takav pristup predstavlja novi koncept u borbi protiv mikroorganizama jer prekida njihovo evolucijsko napredovanje. Time bi se potencijalno usporilo ili čak zaustavilo širenje multirezistentnih sojeva unutar bolničkog i izvanbolničkog okruženja.

Novi član tima

Uporaba umjetne inteligencije u ovom slučaju predstavlja ogroman napredak u cjelokupnoj znanosti. Ponovno potvrđena sposobnost takvih modela da obrađuju i analiziraju velike baze podataka i literature te iz njih izvlače apstraktne poveznice koje su čovjeku spoznajno nedostižne, čine budućnost u kojoj će AI biti neizostavni dio istraživačkih timova. Vrijeme uštedeno na razvoj teorijskog modela, koji je inače najzahtjevniji i najdugotrajniji proces, omogućuje znanstvenicima veći fokus na eksperimentalni dio te do sada neviđenu brzinu otkrivanja novih spoznaja.



Izvori:

1. Firsanov D, Zacher M, Tian X, et al. Evidence for improved DNA repair in long-lived bowhead whale. Nature.2025; doi:10.1038/s41586-025-09694-5.
2. Hofer U, Prudent M, Navratil V, et al. Cold-inducible RNA-binding protein (CIRBP) is essential for genomic stability and cell cycle progression. PLoS One.2011;6(3):e17810. Dostupno na:www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3060950
3. Maeda T, Sato K, Onoue Y, et al. Cold-inducible RNA-binding protein (CIRBP) contributes to DNA damage response through PARP1-dependent chromatin binding. Nucleic Acids Research.2018;46(18):9659-9672. PMID: 29432179.