

Mensajeros moleculares en interacciones animal-microorganismo: proteínas secretadas y ARNs pequeños con destino nuclear

Las interacciones entre microorganismos y animales se sostienen mediante señales moleculares que modulan procesos celulares en el hospedero. Este trabajo propone un abordaje integrativo para identificar y caracterizar proteínas secretadas y ARNs pequeños de origen microbiano con destino nuclear en el hospedero, y evaluar sus efectos funcionales. Se combinarán estrategias computacionales para predecir secreción (péptido señal, vías de exportación), localización subcelular (motivos NLS y señales de importación) y dianas genéticas de ARNs pequeños en vesículas externas bacterianas. La validación experimental se realizará en el entorno intestinal del nemátodo *Caenorhabditis elegans* mediante reporteros fluorescentes de localización nuclear, microscopía de luz de lámina para seguimiento *in vivo* y ensayos funcionales en el nemátodo que incluyen supervivencia, locomoción, reproducción y estrés oxidativo. El proyecto generará un catálogo curado de efectores nucleares microbianos y establecerá vínculos causales entre la carga molecular bacteriana y rasgos fenotípicos del hospedero. Los resultados aportarán herramientas reproducibles tanto computacionales como protocolos en laboratorio para formación de estudiantes y facilitarán la transferencia de conocimiento hacia aplicaciones en biotecnología y salud, a través del diseño de consorcios microbianos con funciones reguladoras específicas y el aprovechamiento de vesículas extracelulares como vehículos de señalización. En este trabajo conectamos estos hallazgos mecánicos con un enfoque de modelado predictivo que permita anticipar el comportamiento de los consorcios microbianos en distintos contextos. Integramos la información molecular para estimar estabilidad y resiliencia, identificar especies clave y predecir tiempos de estabilización, además de explorar escenarios de adición o remoción de especies y cambios ambientales para informar experimentos en el laboratorio. Las predicciones se validarán en el modelo de *C. elegans*. Este ciclo diseño → predicción → validación orientará proporciones y condiciones óptimas, acelerando la transferencia a aplicaciones en salud y biotecnología.