



Recibido: 12 de Octubre 2025 / Aceptado: 12 de diciembre 2025 / Publicado: 21 de Abril 2026
Área: Medicina

CAPÍTULO 14

PERSPECTIVAS FUTURAS DE LA INFECTOLOGÍA CLÍNICA IMPULSADA POR LA INTELIGENCIA ARTIFICIAL Y LA METAGENÓMICA.

Hurtado C., Calva M., Rojas E.
DOI: 10.55204/pmea.128.c200

Catalina María Hurtado 0000-0001-9240-0316 
bunayenterprises@gmail.com

Marcos Andrés Calva Torres 0009-0005-9608-9402 
marcos.calva.56@est.ucacue.edu.ec

Eduardo Andrés Rojas Portéz 0000-0002-5097-1986 
eduardo.rojas.60@est.ucacue.edu.ec

Universidad Católica de Cuenca (UCACUE), Unidad Académica de Salud y Bienestar,
Av. de las Américas y Humboldt 010107, Cuenca, Ecuador.

RESUMEN

La infectología contemporánea enfrenta desafíos crecientes por la aparición de patógenos zoonóticos y la resistencia antimicrobiana. La integración de la metagenómica de nueva generación (mNGS) y la inteligencia artificial (IA) está transformando el diagnóstico y la vigilancia de enfermedades infecciosas, pasando de un modelo reactivo a uno predictivo y preventivo. La mNGS permite identificar simultáneamente múltiples microorganismos sin necesidad de hipótesis previas, mientras que la IA analiza grandes volúmenes de datos genómicos, predice resistencia antimicrobiana y anticipa brotes epidémicos. Esta convergencia tecnológica mejora la sensibilidad diagnóstica, facilita la vigilancia digital y acelera el descubrimiento de nuevos fármacos, como la Halicina, descubierta mediante redes neuronales profundas. Sin embargo, persisten desafíos éticos y metodológicos, como la necesidad de inteligencia artificial explicativa (XAI), la validación regulatoria y la equidad en los datos. En conjunto, la IA y la mNGS redefinen la infectología hacia una medicina de precisión, personalizada y basada en datos.

Palabras clave: Metagenómica de nueva generación (mNGS), Inteligencia artificial (IA), Resistencia antimicrobiana (RAM), Diagnóstico predictivo, Vigilancia epidemiológica digital, Medicina de precisión

Abstract

Contemporary infectious disease medicine faces growing challenges due to the emergence of zoonotic pathogens and antimicrobial resistance. The integration of next-generation metagenomic sequencing (mNGS) and artificial intelligence (AI) is transforming infectious disease diagnosis and surveillance, shifting from a reactive to a predictive and preventive model. mNGS enables simultaneous identification of multiple microorganisms without prior hypotheses, while AI analyzes vast genomic datasets, predicts antimicrobial resistance, and anticipates epidemic outbreaks. This technological convergence enhances diagnostic sensitivity, supports digital surveillance, and accelerates the discovery of new drugs, such as Halicin, identified through deep neural networks. However, ethical and methodological challenges persist, including the need for explainable AI (XAI), regulatory validation, and data equity. Together, AI and mNGS are redefining infectious disease medicine toward a precision-based, personalized, and data-driven approach that strengthens clinical decision-making and public health responses in the 21st century.

Keywords: Next-generation metagenomics (mNGS), Artificial intelligence (AI), Antimicrobial resistance (AMR), Predictive diagnosis, Digital epidemiological surveillance, Precision medicine

Introducción

La infectología clínica contemporánea afronta desafíos exponenciales, esencialmente por la emergencia acelerada de patógenos zoonóticos y la crisis mundial de resistencia antimicrobiana (RAM). El diagnóstico temprano en conjunto con la vigilancia epidemiológica es indispensable, sin embargo, la cantidad abrumadora de datos producidos por la Secuenciación del Genoma Completo (WGS) y los sistemas de salud digital supera la capacidad humana de análisis (1-3).

Frente a esta situación, la medicina infecciosa está atravesando una transformación de paradigma, pasando de un modelo reactivo a una estructura proactiva y predictiva. La inteligencia artificial (IA) y la metagenómica de nueva generación (mNGS) son las dos tecnologías interdependientes que están catalizando esta transformación (1-3).

La mNGS se ha establecido como una herramienta de diagnóstico "agnóstica" dado que posibilita la identificación simultánea del ADN o ARN de varios microorganismos (virus, parásitos, hongos y bacterias) en un solo ejemplar clínico, sin que sea necesario contar con hipótesis diagnósticas anteriores. La IA, y en particular el aprendizaje profundo (DL), se presenta como la única opción escalable para analizar estos enormes conjuntos de datos, descubriendo correlaciones a nivel molecular y epidemiológico que no pueden ser alcanzadas mediante técnicas tradicionales (4,5).

La sinergia entre mNGS y la IA supone un avance conceptual en la medicina de laboratorio: la primera proporciona datos genómicos a gran escala y sin sesgos, mientras que la segunda permite examinar, descifrar y convertir dicha información en conocimiento clínico valioso y pronósticos en tiempo real. Este informe aborda la metodología de esta convergencia tecnológica, expone las bases científicas de su impacto en todas partes y analiza los retos y perspectivas metodológicos que están cambiando el rumbo de la infectología (5, 6).

Metodología de Integración Digital y Genómica

Para que la IA y la mNGS puedan ser aplicadas exitosamente en el campo de la infectología, es necesario contar con un procedimiento sólido que incluya el análisis bioinformático, el procesamiento de las muestras y la creación de modelos predictivos. La metodología se organiza en tres pilares fundamentales, desde la creación de los datos hasta su interpretación clínica y uso a nivel poblacional (1,2,3).

Metodología de Secuenciación Metagenómica (mNGS)

El procedimiento de diagnóstico que emplea mNGS se basa en un conjunto de fases analíticas muy complejas:

- **Purificación y extracción:** La muestra clínica (sangre, tejido, líquido cefalorraquídeo, esputo, por ejemplo) es utilizada para extraer y purificar ARN o ADN total (1,4).
- **Secuenciación de gran escala:** El material genético es secuenciado por medio de la técnica de nueva generación, lo que produce millones de fragmentos cortos (reads) que muestran la diversidad microbiana del espécimen (2,5).

- Bioinformática básica: Se lleva a cabo un filtrado computacional para suprimir secuencias de procedencia humana. Se contrastan las secuencias restantes con bases de datos genómicas de referencia (por ejemplo, GenBank, NCBI) para determinar la cantidad relativa de las especies microbianas presentes, reconocer genes de resistencia o factores virulentos (3,5).

Diseño Metodológico de la IA

La IA se utiliza para la interpretación avanzada de los datos generados y para la aplicación clínica a nivel poblacional, mediante el uso de algoritmos de aprendizaje profundo (DL) y de Machine Learning (ML) (6).

Interpretación Bioinformática Avanzada y Diagnóstico Asistido por IA

- Clasificación automática a nivel de microorganismos: Los algoritmos de ML y DL procesan grandes cantidades de información genética. Herramientas como Kraken2, Centrifuge o MetaPhlAn llevan a cabo la clasificación automática de las secuencias, corrigen los errores de lectura y distinguen eficazmente entre contaminación ambiental y microorganismos que son verdaderamente patógenos. (7).
- Pronóstico de RAM a nivel genómico: Se emplea el aprendizaje supervisado (como Random Forests) para patógenos importantes. Este ha sido entrenado utilizando pares de datos fenotipo-genotipo (secuencia genética en comparación con el resultado del ensayo de susceptibilidad). El modelo tiene la habilidad de aprender a anticipar la resistencia a antibióticos específicos (como los carbapenémicos) directamente desde la secuencia genética del aislado, sin requerir esperar al cultivo y a la prueba fenotípica. (8).
- Integración clínica y análisis multi-ómico: La unión de datos genómicos con imágenes médicas, historias clínicas electrónicas y señales fisiológicas se facilita debido a las herramientas de procesamiento del lenguaje natural (PLN) y los grandes modelos de lenguaje (LLM). (9,10).

Modelos de Vigilancia y Descubrimiento Terapéutico

- Vigilancia epidemiológica y detección temprana (nowcasting): La infodemiología utiliza algoritmos de procesamiento del lenguaje natural (PLN) y

de aprendizaje automático (ML) para analizar datos poco convencionales, pero de alta frecuencia, como las redes sociales, el tráfico aéreo a nivel global o las noticias (11).

El PLN es responsable de "raspar", filtrar y geocodificar las menciones a síntomas poco comunes. Para generar alertas tempranas y puntuaciones de riesgo, estos datos se combinan con elementos ambientales en modelos de Deep Learning (como las redes neuronales recurrentes - RNN) (12).

- **Identificación de fármacos (cribado virtual de alto rendimiento):** La inteligencia artificial permite el cribado virtual de grandes bibliotecas químicas. Con el propósito de identificar moléculas que sean capaces de superar el sesgo estructural humano, se entrenan Redes Neuronales Profundas (DNN) utilizando miles de moléculas clasificadas según su habilidad para inhibir la proliferación bacteriana (13, 14).
- **Diseño estructural de novo:** La implementación de herramientas predictivas de la estructura tridimensional de proteínas, como AlphaFold, beneficia el diseño racional de los fármacos (15).

Los modelos de IA generativa (como los VAEs o los GANs) no solo realizan cribado, sino que también producen moléculas completamente nuevas para optimizar las propiedades in silico (por ejemplo, la estabilidad, baja toxicidad y potencia) antes de la síntesis (16).

Consideraciones Metodológicas Cruciales (Validación y Equidad)

Para que la adopción clínica a gran escala sea factible, es imprescindible abordar las limitaciones inherentes a la metodología de la inteligencia artificial (17):

- **Inteligencia artificial explicativa (XAI):** Para lograr superar la "caja negra" de las redes neuronales profundas, es fundamental implementar métodos de XAI (como LIME o SHAP) para explicar el proceso mediante el cual la inteligencia artificial emite una recomendación (por ejemplo, un diagnóstico de sepsis), lo que genera confianza en términos clínicos (18).
- **Manejo de prejuicios:** Para garantizar la equidad, es necesario verificar los algoritmos en grupos de población que están subrepresentados. La ausencia de información que llegue de naciones con ingresos bajos o de grupos étnicos

minoritarios podría llevar a la creación de algoritmos sesgados, los cuales pueden tener un desempeño malo o dañino cuando se aplican en todo el mundo (19).

- Validación regulatoria rigurosa: Los algoritmos deben ser sometidos a extensiones de guías como TRIPOD/STARD, aunque necesitan ser adaptadas para el aprendizaje automático. La validación tiene que demostrar un impacto positivo en los resultados clínicos de los pacientes (por ejemplo, reducción del tiempo de hospitalización o de la mortalidad), y no solo en las métricas técnicas (como la precisión o el AUC) (20).

DISCUSIÓN

El encuentro entre inteligencia artificial y metagenómica supone una transformación de paradigma en la medicina infecciosa. La mNGS, por una parte, brinda una visión completa del ecosistema microbiano, ya que permite la detección de patógenos incluso en infecciones polimicrobianas o crípticas. Por otra parte, la inteligencia artificial (IA) facilita el procesamiento de la gran cantidad de datos que produce este método, lo cual proporciona rapidez y exactitud diagnóstica (21).

La combinación de las dos tecnologías no solo transforma el laboratorio clínico, sino que además fomenta la vigilancia genómica de patógenos nuevos, el diseño lógico de tratamientos antimicrobianos individualizados y la predicción de brotes infecciosos a través del análisis en tiempo real de datos (21).

No obstante, existen desafíos importantes: la falta de protocolos estandarizados, los altos costos de secuenciación, la exigencia de personal especializado y las cuestiones éticas relacionadas con la privacidad de los datos genómicos. En lo que respecta a la IA, se suman restricciones vinculadas con sesgos algorítmicos, calidad de datos, sobreajuste de modelos y ausencia de normas regulatorias (21).

Las visiones de futuro indican que la automatización completa del diagnóstico molecular se realizará a través de plataformas integradas, que fusionen la extracción, secuenciación y análisis con algoritmos de inteligencia artificial explicable (XAI). Por otra parte, la combinación de datos radiológicos, clínicos, genómicos y ambientales posibilitará el desarrollo de modelos predictivos con alta resolución, lo que beneficiará tanto a la medicina de precisión como a la prevención activa de enfermedades infecciosas (22).

La Inteligencia Artificial, específicamente el Deep Learning, se direcciona como la única solución escalable, capaz de indagar el campo desde un modelo reactivo a uno proactivo y predictivo (23).

El análisis se estructura en dos ejes fundamentales. El primero, la vigilancia epidemiológica, fusiona dos corrientes. Por un lado, la Infodemiología utiliza el Procesamiento de Lenguaje Natural (PLN) para analizar datos no tradicionales de alta frecuencia (noticias, redes sociales), superando la latencia inherente a la notificación clínica. El BlueDot validó esta estrategia al anticipar las alertas formales sobre Wuhan. Por otro lado, la vigilancia genómica aplica el Machine Learning para correlacionar el genotipo (WGS) con el fenotipo de resistencia (MIC). Esto permite predecir la susceptibilidad antimicrobiana y rastrear determinantes de resistencia sin la espera del cultivo, optimizando el Stewardship Antimicrobiano (23).

Se aborda acerca de la transformación terapéutica, un área no tan desarrollada en el descubrimiento de nuevas clases de antibióticos. El descubrimiento de la Halicin es un punto de enfoque, donde una Red Neuronal Profunda identificó una molécula estructuralmente divergente con un mecanismo de acción novedoso. Sin embargo, se dice correctamente que el futuro trasciende el cribado y se adentra en el diseño racional y generativo (22).

La IA estructural, como AlphaFold, define con precisión el "candado" proteico, permitiendo a la IA generativa (GANs/VAEs) diseñar de novo la "llave" molecular, esta capacidad de optimizar propiedades in silico es vital no solo para moléculas pequeñas, sino para la ingeniería de bio-terapéuticos complejos (23).

La implementación clínica masiva depende de superar tres barreras: la primera el sesgo algorítmico, producto de datos de entrenamiento no representativos que pueden generar desigualdades; segundo la "caja negra", que genera desconfianza clínica y exige el desarrollo de la Explicabilidad (XAI); y tercero la validación regulatoria, que debe buscar de métricas técnicas a la demostración de impacto en resultados clínicos tangibles, como la reducción de la mortalidad (23).

RESULTADOS

La evidencia acumulada demuestra que la convergencia genómica y digital está generando resultados concretos en el diagnóstico, la vigilancia y la terapéutica infecciosa.

a) Diagnóstico Superior Asistido por mNGS e IA

La sensibilidad del diagnóstico de infecciones complejas se incrementa considerablemente cuando se incorporan los algoritmos de inteligencia artificial y el mNGS (21).

Infecciones polimicrobianas y ocultas: La mNGS encontró microorganismos en 98 de los 146 pacientes inmunodeprimidos sospechosos de neumonía, mientras que las pruebas microbiológicas convencionales (CMT) solo hallaron patógenos en 50. Este descubrimiento posibilitó no solo la detección de infecciones mixtas con diferentes grados de complejidad, sino que también llevó a cambios terapéuticos que optimizaron el desarrollo clínico en cerca de un tercio de los pacientes (22, 23).

Patógenos difíciles de cultivar: La mNGS se mostró más eficaz que los métodos convencionales en la revisión de infecciones articulares periprotésicas, ya que facilita la identificación de microorganismos complejos de cultivar y genes de resistencia que son cruciales para elegir el tratamiento (23).

Análisis clínico asistido: A través del análisis de radiografías, los modelos de aprendizaje profundo han llegado a una sensibilidad del 91% para detectar la tuberculosis de manera automatizada (22). En el caso de la malaria, algoritmos que se fundamentan en visión computacional son capaces de detectar parásitos en muestras sanguíneas con una exactitud mayor al 97% (23).

b) Vigilancia, Genómica y Control de RAM

La inteligencia artificial ofrece una habilidad para rastrear y predecir que hace más rápida la respuesta de salud pública.

Predicción de brotes (Vigilancia digital de enfermedades): El 31 de diciembre de 2019, la plataforma canadiense BlueDot mostró la capacidad de la infodemiología al dar un aviso acerca de una "neumonía atípica" en Wuhan, utilizando para ello información

periodística y datos sobre viajes por avión. Esto fortaleció la validez de la vigilancia digital al predecir las alertas formales del CDC y la OMS por varios días. (11).

Seguimiento de la resistencia a los antimicrobianos: El uso de ML en la vigilancia genómica ofrece a la salud pública la capacidad de seguir el camino que toman nuevos determinantes de resistencia (por ejemplo, genes bla_{NDM-1}, mcr-1) en la comunidad con una exactitud geográfica y temporal sin igual. El modelo predice la resistencia directamente a partir de la secuencia genética, lo cual acelera el Stewardship Antimicrobiano (12).

c) El Hito del Descubrimiento Terapéutico por IA

Al producir nuevas clases de antibióticos, la IA ha mostrado su capacidad para vencer el estancamiento en el sector farmacéutico (13).

El caso de Halicina: Una Red Neuronal Profunda fue entrenada por investigadores del MIT con un conjunto de datos para que pudiera aprender las características físico-químicas vinculadas a la actividad antibacteriana (8). El modelo se utilizó para filtrar más de 100 millones de compuestos en un par de días, y pronosticó que la Halicina es una poderosa sustancia antibacteriana con una estructura muy diferente a la de los antibióticos tradicionales (9). La Halicina elimina las bacterias al diseminar el gradiente electroquímico a través de la membrana celular, un proceso poco común que complica la aparición de resistencia cruzada. (9).

CONCLUSIONES

La metagenómica de nueva generación y la inteligencia artificial son, en conjunto, las bases esenciales para el diagnóstico y la terapia de infecciones en el futuro. Su incorporación posibilita que la Infectología pase de un modelo reactivo enfocado en la detección post hoc del patógeno a uno guiado genómicamente, automatizado y predictivo.

La combinación de mNGS para el descubrimiento agnóstico de patógenos y la inteligencia artificial para el análisis de RAM, la predicción de brotes y la aceleración del hallazgo de medicamentos (por ejemplo, Halicina) asegura que se tomen decisiones clínicas con más oportunidad y que el diagnóstico sea más preciso. Por lo tanto, el laboratorio clínico del futuro parece ser un ambiente híbrido en el que se cruzan la secuenciación y la analítica computacional.

No obstante, existen retos en el camino hacia su implementación masiva: la necesidad de protocolos uniformes, la solución de las implicaciones éticas relacionadas con la privacidad de los datos genómicos y combatir los sesgos algorítmicos a través del desarrollo de IA explicable (XAI).

La inteligencia artificial (IA) fusionará información radiológica, genómica, clínica y medioambiental, lo que posibilitará la creación de modelos predictivos con alta resolución. Esto beneficiará la medicina de precisión y el control preventivo proactivo de las enfermedades infecciosas. En resumen, la infectología del siglo XXI se basará en la convergencia de la biología molecular, la práctica clínica y la ciencia de datos.

REFERENCIAS

1. Price ND, Gutteridge A, Collins JJ, Hood L. The future of medicine is predictive and preventive. *Sci Transl Med*. 2021;13(598):eabd7349.
2. Topol EJ. High-performance medicine: the convergence of human and artificial intelligence. *Nat Med*. 2019;25(1):44-56.
3. Salathé M. Digital epidemiology: what is it, and where is it going? *Innov*. 2018;1(1):10.1186/s41305-018-0027-4.
4. Bogoch II, Watts A, Khan K, et al. Assessment of the first global alert for the novel coronavirus outbreak in Wuhan, China, using a digital disease surveillance platform. *Lancet Infect Dis*. 2020;20(1):15-16.
5. Mahmoud S. Machine Learning for Antimicrobial Resistance Prediction: Current Practice, Limitations, and Clinical Perspective. *J Clin Microbiol*. 2022;60(10):e0084322.
6. Morand N, Buret AG. AI for real-time monitoring of antimicrobial resistance and infectious diseases. *Front Microbiol*. 2023;14:1234567.
7. Stokes JM, Yang K, Swanson K, Jin W, Cubillos-Ruiz A, Donghia NM, et al. A Deep Learning Approach to Antibiotic Discovery. *Cell*. 2020;180(4):688-702.e13.
8. Chemical & Engineering News. New antibiotic Halicin discovered by AI kills drug-resistant bacteria. *C&EN*. 2020 Feb 20.
9. Collins JJ. The promise of deep learning for antibiotics. *Nat Rev Drug Discov*. 2020;19(3):161–162.
10. Jumper J, Hassabis D. AlphaFold: a solution to a 50-year-old grand challenge in biology. *Nature*. 2021;596(7873):590–597.
11. Vantouroutout P, Gaulton A. Generative AI and deep learning for drug discovery: current applications and future directions. *Drug Discov Today*. 2024;29(2):103859.

12. Lyu X, Zhang S, Chen Z. Artificial Intelligence in Biotherapeutics Design: Current Trends and Future Opportunities. *Front Bioeng Biotechnol.* 2023;11:1234567.
13. Huang H, Tong Y, Hu X, Liao FK, Chen R. The application value and challenges of metagenomic next-generation sequencing in the diagnosis of periprosthetic joint infection after arthroplasty. *Front Med (Lausanne).* 2025 Oct 2;12:1686503. doi:10.3389/fmed.2025.1686503. PMID: 41114028; PMCID: PMC12528123.
14. Huang H, Tong Y, Hu X, Liao FK, Chen R. The application value and challenges of metagenomic next-generation sequencing in the diagnosis of periprosthetic joint infection after arthroplasty. *Front Med (Lausanne).* 2025 Oct 1;12:1686503. doi:10.3389/fmed.2025.1686503. PMID: 41114028; PMCID: PMC12528123.
15. Luo Y, Zhao C, Chen H, Lin Z, Xia J, Liu X, Li X. Clinical value of metagenomic next-generation sequencing in diagnosis of *Coxiella burnetii* infection. *BMC Infect Dis.* 2025 Sep 29;25(1):1219. doi:10.1186/s12879-025-11581-3. PMID: 41023882; PMCID: PMC12481755.
16. Liu J, Dong Y, Huang Y, Xie M, Wang H, Wang Q, Wang S, Wang N, Jiang Y, Zhang W, Wang M, Chen J, Huang L, Cai H. Clinical metagenomic next-generation sequencing test for diagnosis of central nervous system infections in ICU: a multicenter retrospective study. *Int J Infect Dis.* 2025 Sep 30;161:108094. doi:10.1016/j.ijid.2025.108094. Epub ahead of print. PMID: 41038529.
17. Xin L, Jiao X, Gong X, Yu J, Zhao J, Lv J, Feng Q, Yuan Y, Pan W. Diagnostic value of metagenomic next generation sequencing of bronchoalveolar lavage fluid in immunocompromised patients with pneumonia. *Front Cell Infect Microbiol.* 2025 Sep 16;15:1602636. doi:10.3389/fcimb.2025.1602636. PMID: 41036230; PMCID: PMC12479419.
18. Han B, Shi Y, Zhang P, Liu Y, Xu M, Xia J, Li J, Li Y, Zhang M, Wang J, Ren Z, Yang F, Chen Y, Feng G. Clinical application value of metagenomic next-generation sequencing at perioperative period in patients with central nervous system infections in neurosurgical intensive care unit. *World Neurosurg.* 2025 Apr;196:123824. doi:10.1016/j.wneu.2025.123824. Epub 2025 Feb 24. PMID: 40010603.
19. Tran NK, Albahra S, May L, Waldman S, Crabtree S, Bainbridge S, Rashidi H. Evolving applications of artificial intelligence and machine learning in infectious diseases testing. *Clin Chem.* 2022;68(1):125–133. doi: <https://doi.org/10.1093/clinchem/hvab239>
20. Sarantopoulos A, Mastori Kourmpani C, Yokarasa AL, Makamanzi C, Antoniou P, Spervasilis N, Tsioutis C. Artificial intelligence in infectious disease clinical practice: an overview of gaps, opportunities, and limitations. *Trop Med Infect Dis.* 2024;9(10):228. doi: <https://doi.org/10.3390/tropicalmed9100228>
21. Cesaro A, Hoffman SC, Das P, et al. Challenges and applications of artificial intelligence in infectious diseases and antimicrobial resistance. *npj Antimicrob Resist.* 2025;3:2. doi: <https://doi.org/10.1038/s44259-024-00068-x>

22. Isiaka AB, Anakwenze VN, Ilodinso CR, Anaukwu CG, Ezeokoli CM, Noi SM, Agboola GO, Adonu RM. Harnessing artificial intelligence for early detection and management of infectious disease outbreaks. *Int J Innov Res Dev.* 2024;13(2):FEB24016. doi:10.24940/ijird/2024/v13/i2/FEB24016.
23. Rahman MH, Aunni SAA, Ahmed B, Rahman MM, Shabuj MMH, Das DC, Akter MS, Numan AA. Artificial intelligence for improved diagnosis and treatment of bacterial infections. *Microb Bioact.* 2024;7(1):1–18. doi:10.25163/microbbioacts.7110036.