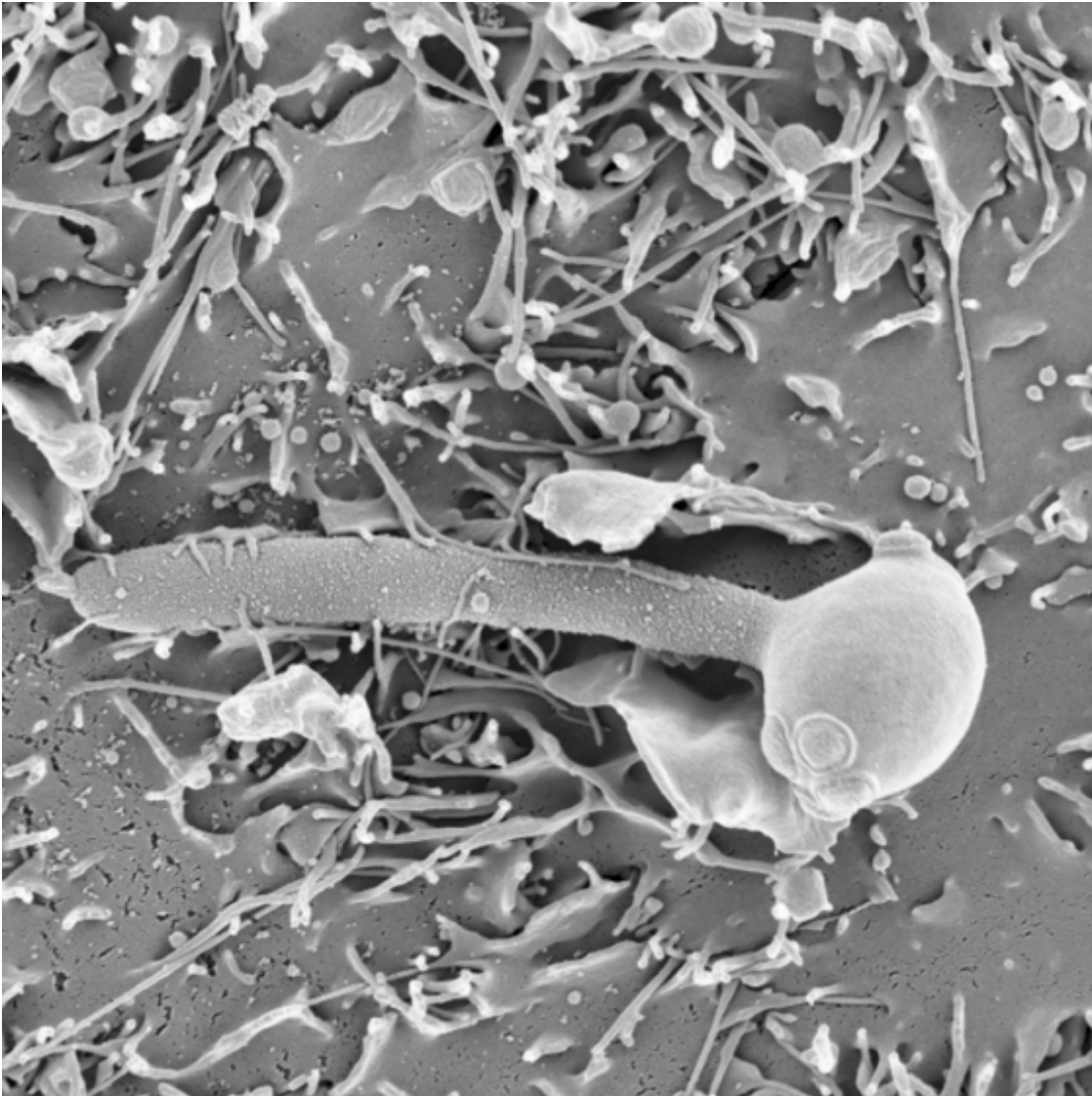


[Inici](#) > L'evolució del fong *Candida* al descobert: un estudi del BSC aporta noves perspectives en les infeccions fúngiques

---

## L'evolució del fong *Candida* al descobert: un estudi del BSC aporta noves perspectives en les infeccions fúngiques

El treball del laboratori de Genòmica Comparativa del BSC i d'IRB Barcelona, publicat a la revista *Nature Microbiology*, revela variants genètiques associades amb la resistència a diversos medicaments, obrint la via a teràpies antifúngiques millorades



Les infeccions fúngiques, que afecten mil milions de persones i causen 1,5 milions de morts a l'any arreu del món, estan en augment degut, en part, al creixent nombre de determinats tractaments mèdics. Els pacients que se sotmeten a quimioteràpia o a tractaments immunosupressors després d'un trasplantament d'òrgans, sovint presenten sistemes immunitaris compromesos. Donada l'aparició de cèl·lules resistents, la varietat limitada dels actuals medicaments antifúngics, així com el seu preu i efectes secundaris, el tractament d'aquestes infeccions suposa un desafiament i destaca la necessitat de tractaments més efectius.

En aquest context, un equip de l'Institut de Recerca Biomèdica (IRB Barcelona) i el Centre Nacional de Supercomputació de Barcelona (BSC-CNS), liderat per l'investigador ICREA Toni Gabaldón, ha identificat centenars de gens sotmesos a selecció evolutiva recent, que són clínicament rellevants en sis espècies del fong patògen *Candida*.

"Aquest treball destaca com aquests patògens s'han adaptat als humans i als medicaments antifúngics i proporciona coneixements valuosos que podrien conduir a millors tractaments per a les infeccions per *Candida*", explica el Dr. Gabaldón, cap del laboratori de [Genòmica Comparativa](#) a l'IRB Barcelona i el BSC.

## Més de 2.000 genomes de sis espècies diferents

L'estudi aprofundeix en el panorama evolutiu d'aquests patògens analitzant aproximadament 2,000 genomes, procedents de mostres clíniques, de sis espècies de *Candida*. Aquests genomes estan emmagatzemats en bases de dades públiques. Els investigadors van comparar aquests genomes amb un de referència, creant un catàleg complet de variants genètiques.

Basant-se en treballs anteriors sobre cèl·lules resistents a medicaments, els investigadors van realitzar un Estudi d'Associació de Genoma Complet (GWAS) per identificar variants genètiques vinculades a la resistència a medicaments antifúngics en aïllats clínics. Aquest enfocament va aportar coneixements sobre mecanismes de resistència tant coneguts com nous cap a set medicaments antifúngics en tres espècies de *Candida*. "A més, un descobriment preocupant sorgit de l'estudi és la possible propagació de la resistència a través del creuament entre cèl·lules susceptibles i resistents, contribuint a la prevalença de patògens de *Candida* resistents a medicaments", explica el Miquel Àngel Schikora-Tamarit, investigador postdoctoral al mateix laboratori i primer autor de l'estudi.

A més, en centrar-se en variants adquirides recentment entre cèl·lules clíniques, els investigadors van detectar signatures genètiques compartides i específiques de l'espècie de selecció evolutiva recent que informen sobre quines adaptacions podrien ser necessàries per prosperar i propagar-se en entorns relacionats amb l'ésser humà.

Més enllà de les noves perspectives sobre l'adaptació de *Candida* a l'ésser humà, l'estudi proporciona un recurs valuós: un catàleg complet de variants, signatures de selecció i impulsors de la resistència a medicaments. Aquest coneixement no només contribueix a la nostra comprensió d'aquestes infeccions, sinó que també senta les bases per a futurs experiments i possibles avenços en el desenvolupament de tractaments més efectius per a les infeccions per *Candida*.

El treball ha estat finançat pel Ministeri de Ciència, Innovació i Universitats d'Espanya, el Consell Europeu de Recerca i la Fundació "la Caixa".

[Article de referència:](#)

**Recent gene selection and drug resistance underscore clinical adaptation across *Candida* species.**

Miquel Àngel Schikora-Tamarit & Toni Gabaldón. *Nature Microbiology* (2024) DOI: [10.1038/s41564-023-01547-z](https://doi.org/10.1038/s41564-023-01547-z)

Barcelona Supercomputing Center - Centro Nacional de Supercomputación

---

**Source URL (retrieved on 30 des 2024 - 18:23):** <https://www.bsc.es/ca/noticies/noticies-del-bsc/levoluci%C3%B3-del-fong-candida-al-descobert-un-estudi-del-bsc-aporta-noves-perspectives-en-les>