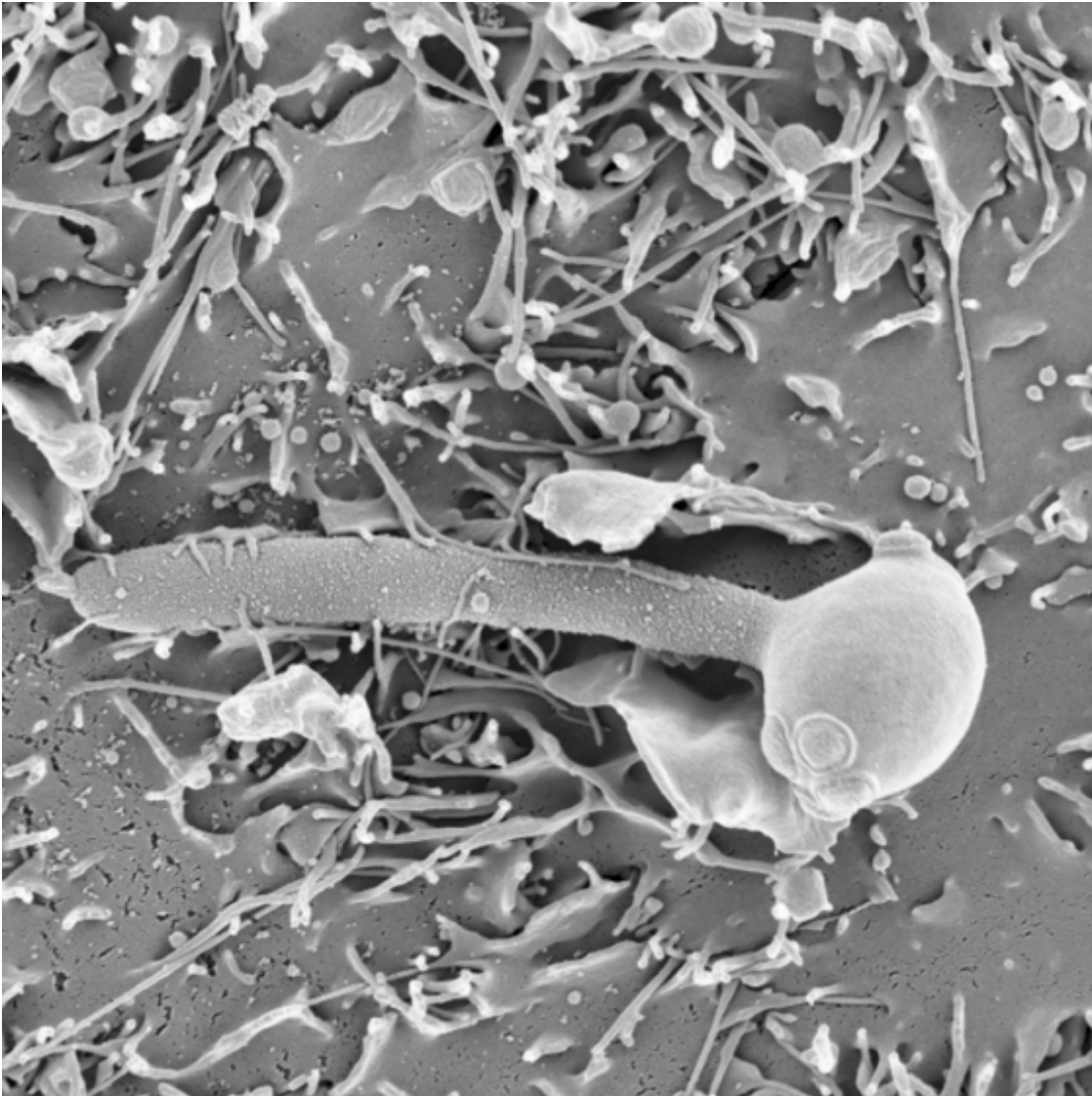


[Inicio](#) > La evolución del hongo *Candida* al descubierto: un estudio del BSC aporta nuevas perspectivas en las infecciones fúngicas

La evolución del hongo *Candida* al descubierto: un estudio del BSC aporta nuevas perspectivas en las infecciones fúngicas

El trabajo del laboratorio de Genómica Comparativa del BSC y de IRB Barcelona, publicado en la revista *Nature Microbiology*, revela variantes genéticas asociadas con la resistencia a diversos medicamentos, abriendo la vía a terapias antifúngicas mejoradas



Las infecciones fúngicas, que afectan a mil millones de personas y causan 1.5 millones de muertes al año en todo el mundo, están en aumento debido, en parte, al creciente número de determinados tratamientos médicos. Los pacientes que se someten a quimioterapia o a tratamientos inmunosupresores después de un trasplante de órganos, a menudo presentan sistemas inmunitarios comprometidos. Dada la aparición de cepas resistentes, la variedad limitada de los actuales medicamentos antifúngicos, así como su precio y efectos secundarios, el tratamiento de estas infecciones supone un desafío y destaca la necesidad de tratamientos más efectivos.

En este contexto, un equipo del Instituto de Investigación Biomédica (IRB Barcelona) y el Centro Nacional de Supercomputación de Barcelona (BSC-CNS), liderado por el investigador ICREA Toni Gabaldón, ha identificado cientos de genes sujetos a selección evolutiva reciente, que son clínicamente relevantes en seis especies del hongo patógeno *Candida*.

"Este trabajo destaca cómo estos patógenos se adaptaron a los humanos y a los medicamentos antifúngicos y proporciona conocimientos valiosos que podrían conducir a mejores tratamientos para las infecciones por *Candida*", explica el Dr. Gabaldón, jefe del laboratorio de [Genómica Comparativa](#) en el IRB Barcelona y el BSC.

Más de 2,000 genomas de seis especies diferentes

El estudio profundiza en el panorama evolutivo de estos patógenos analizando aproximadamente 2,000 genomas, procedentes de muestras clínicas, de seis especies de *Candida*. Estos genomas están almacenados en bases de datos públicas. Los investigadores compararon estos genomas con uno de referencia, creando un catálogo completo de variantes genéticas.

Basándose en trabajos anteriores sobre cepas resistentes a medicamentos, los investigadores realizaron un Estudio de Asociación de Genóma Completo (GWAS) para identificar variantes genéticas vinculadas a la resistencia a medicamentos antifúngicos en aislados clínicos. Este enfoque aportó conocimientos sobre mecanismos de resistencia tanto conocidos como nuevos hacia siete medicamentos antifúngicos en tres especies de *Candida*. "Además, un hallazgo preocupante surgido del estudio es la posible propagación de la resistencia a través del cruce entre cepas susceptibles y resistentes, contribuyendo a la prevalencia de patógenos de *Candida* resistentes a medicamentos", explica Miquel Àngel Schikora-Tamarit, investigador postdoctoral en el mismo laboratorio y primer autor del estudio.

Además, al centrarse en variantes adquiridas recientemente entre cepas clínicas, los investigadores detectaron firmas genéticas compartidas y específicas de la especie de selección evolutiva reciente que informan sobre qué adaptaciones podrían ser necesarias para prosperar y propagarse en entornos relacionados con el ser humano.

Más allá de las nuevas perspectivas sobre la adaptación de *Candida* al ser humano, el estudio proporciona un recurso valioso: un catálogo completo de variantes, firmas de selección e impulsores de la resistencia a medicamentos. Este conocimiento no solo contribuye a nuestra comprensión de estas infecciones, sino que también sienta las bases para futuros experimentos y posibles avances en el desarrollo de tratamientos más efectivos para las infecciones por *Candida*.

El trabajo ha sido financiado por el Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades de España, el Consejo Europeo de Investigación y la Fundación "la Caixa".

Artículo relacionado: **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 5 Feb 2025 - 19:05): <https://www.bsc.es/es/noticias/noticias-del-bsc/la-evoluci%C3%B3n-del-hongo-candida-al-descubierto-un-estudio-del-bsc-aporta-nuevas-perspectivas-en-las>