

Un estudio define la evolución genética del hongo multirresistente 'Candida auris' y crea un 'mapa' de su distribución y comportamiento

| 08/06/2020 |



El hongo Candida auris.

Una investigación multicéntrica ha analizado y comparado los genomas de más de 300 muestras de *Candida auris*, provenientes de 19 países de los seis continentes, y ha trazado un 'mapa' filogenético del origen, características, comportamiento y expansión por el mundo de este hongo, causante de diversas infecciones graves en el ámbito hospitalario y resistente a muchos de los fármacos actuales. Los resultados podrían mejorar el manejo y tratamiento de numerosas infecciones.

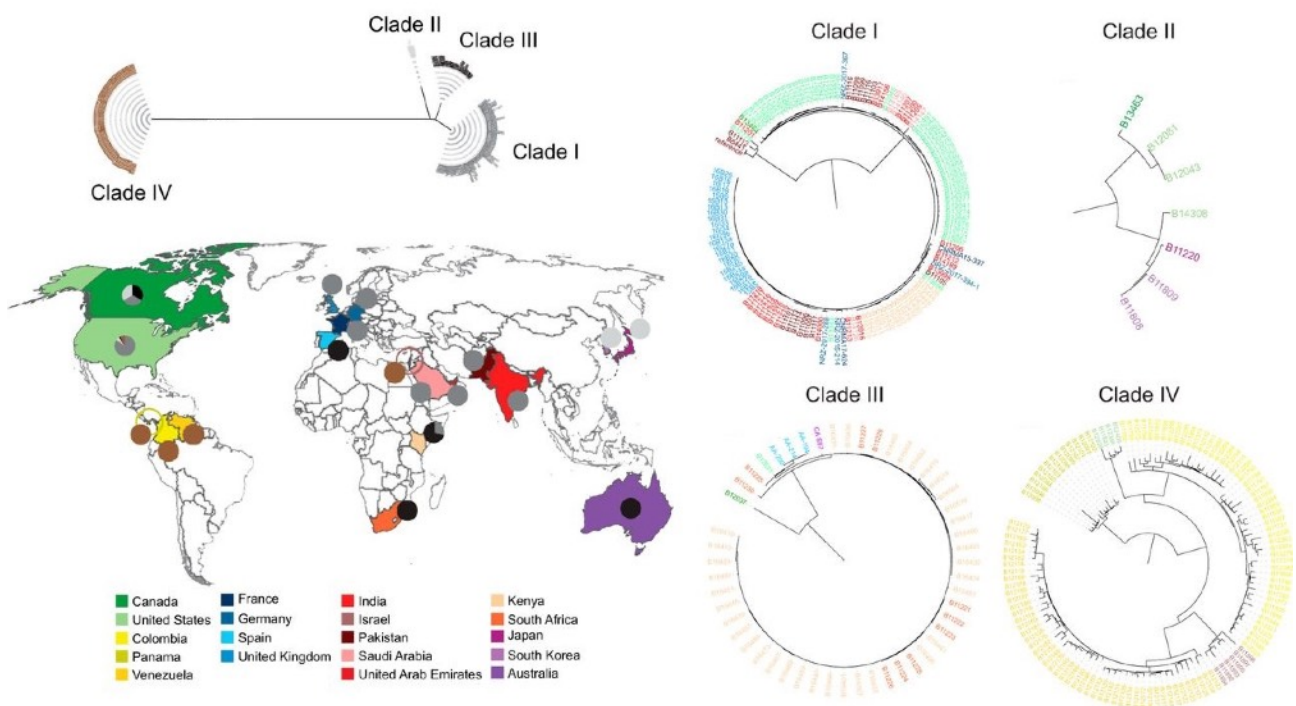
En el estudio, [que se ha publicado recientemente en mBio](#), la revista de la Sociedad Americana de Microbiología, participa **Ana Alastruey**, científica del Laboratorio de Micología del Centro Nacional de Microbiología del ISCIII. El trabajo está liderado por los Centros para la Prevención y el Control de Enfermedades (CDC) de Estados Unidos y el Instituto Broad de Massachussetts, y también cuenta con la participación de centros de EE.UU, Francia, Alemania Australia, Panamá, Colombia, Venezuela y Kenia.

- [Accede al artículo completo en este enlace](#)

Candida auris es un hongo multirresistente a los tratamientos que tratan de curar las infecciones que causa, que pueden ser de muy diverso tipo (infecciones sanguíneas, en el oído, en heridas...) y causar graves daños. Estas infecciones suponen un problema especialmente grave en el ámbito hospitalario (las infecciones

contraídas en el propio hospital se denominan nosocomiales) y han provocado brotes importantes y de difícil control, en hospitales de varios países del mundo, incluyendo España. Esta investigación supone uno de los mayores esfuerzos realizados hasta el momento para conocer y descifrar las características genéticas de *Candida auris* y los mecanismos que utiliza para desarrollar la resistencia a los fármacos destinados a combatirlo.

Los autores del trabajo han observado que *Candida auris* utiliza diferentes mecanismos de transmisión y generación de resistencias según la localización geográfica de la población a la que afecta, según explica Ana Alastruey. La científica del Centro Nacional de Microbiología señala que las conclusiones del estudio pueden ser muy útiles para utilizar herramientas de salud pública basadas en los conocimientos de la epidemiología molecular.



Distribución global de los clados o 'familias' filogenéticas de *Candida auris* a lo largo del mundo. (Imagen del artículo original publicado en mBio).

'Familias' de hongos con diferentes características

Antes de este estudio ya se sabía que existían cuatro clados de *Candida auris* en otras tantas localizaciones, concretamente en Japón, India, Pakistán y Sudáfrica. Los clados son grupos

filogenéticos que definen la evolución biológica de un organismo. En estos clados, que son como las diferentes 'familias' que surgen según evoluciona y se expande un organismo, pueden observarse las diferencias genéticas de los hongos *Candida auris* que circulan por el mundo, y que explican cómo actúa y se comporta. Los autores de la investigación recuerdan que en la actualidad se han localizado diferentes 'familias' de *Candida auris* en más de 30 países del mundo.

En este trabajo, los investigadores se han valido de técnicas de secuenciación masiva para caracterizar los mecanismos de expansión y transmisión de *Candida auris*, y han logrado determinar cómo y cuándo se ha producido la distribución geográfica de cada clado. También han concretado de qué manera se produce en cada caso la resistencia al tratamiento con el fármaco fluconazol, uno de los más utilizados en el tratamiento de infecciones por hongos.

Tras analizar 304 genomas de *Candida auris*, provenientes de muestras de 19 países de los seis continentes, los investigadores han confirmado que aún predominan cuatro clados del hongo, que definen su influencia actual. En todos ellos se observan mezclas filogeográficas; es decir, la evolución biológica de *Candida auris* comparte características en las diferentes localizaciones en las que se ha desarrollado. El denominado clado IV, con muestras que provienen sobre todo de Sudáfrica, muestra la subestructura filogeográfica más fuerte y determinante. El trabajo ha sido tan preciso que, por ejemplo, se han detectado al mismo tiempo dos 'familias' distintas de *Candida auris* en un mismo centro sanitario de Kenia, lo que da idea de la variabilidad en la evolución biológica del hongo.

Orígenes centenarios

El origen de los cuatro clados predominantes que definen cómo ha evolucionado *Candida auris*, y cómo afecta a diferentes poblaciones en la actualidad, se ha fechado a lo largo de los últimos 360 años, señala Alastruey. Por ejemplo, clusters de *Candida auris* vinculados con brotes infecciosos localizados en los últimos años, ligados a los clados I, III y IV, tuvieron su origen hace entre 36 y 38 años. Además, el clado I es el que causa un mayor número de resistencias a los tratamientos antifúngicos, incluyendo muestras

resistentes a los tres fármacos más utilizados para combatir las infecciones.

Las mutaciones genéticas que contribuyen a la generación de estas resistencias varían entre clados, continúa Alastruey. Mutaciones localizadas en una localización (Y132F) del gen ERG11 son las responsables de las resistencias más extendidas al tratamiento con azoles (un grupo de fármacos antifúngicos), mientras que mutaciones en la localización S639P del gen FKS1 son las más relacionadas con resistencias a otro tipo de medicamentos, las equinocandinas. Además, variantes genéticas en el gen ERG11, que son predominantes en el clado III, están vinculadas con mayor resistencia al fármaco fluconazol.

Los resultados de esta investigación podrían abrir nuevas vías de estudio para frenar la influencia de *Candida auris* en las infecciones que se producen en los hospitales, y mejorar la selección de fármacos para tratar las infecciones por hongos.

Más información:

- **Referencia completa del estudio:** Chow NA, Muñoz JF, Gade L, Berkow EL, Li X, Welsh RM, Forsberg K, Lockhart SR, Adam R, Alanio A, Alastruey-Izquierdo A, Althawadi S, Araúz AB, Ben-Ami R, Bharat A, Calvo B, Desnos-Ollivier M, Escandón P, Gardam D, Gunturu R, Heath CH, Kurzai O, Martin R, Litvintseva AP, Cuomo CA. 2020. 'Tracing the evolutionary history and global expansion of *Candida auris* using population genomic analyses'. *mBio* 11:e03364-19.
- [Accede al artículo completo en este enlace](#)
- [Consulta las Recomendaciones GEMICOMED/GEIRAS-SEIMC para el manejo de las infecciones y colonizaciones por *Candida auris*](#)