

Un equipo del ISCIII participa en una investigación internacional que revela el primer 'mapa' genómico del parásito causante de la babesiosis

24/04/2023



Sergio Sánchez, Estrella Montero y Luis Miguel González, investigadores de los Laboratorios de Referencia e Investigación en Parasitología y en Infecciones Bacterianas Transmitidas por Agua y Alimentos del Centro Nacional de Microbiología del ISCIII, y coautores del artículo, en uno de los laboratorios del centro.

Un equipo del **Centro Nacional de Microbiología (CNM)** del Instituto de Salud Carlos III (ISCIII) ha participado en una investigación internacional que ha desvelado la primera secuencia completa y la estructura tridimensional (3D) del genoma del parásito *Babesia duncani*, microorganismo causante de la babesiosis, una enfermedad similar a la malaria. Los resultados de este estudio, que se ha coordinado desde las universidades de Yale y California, en Estados Unidos, [acaban de publicarse en la revista *Nature Microbiology*.](#)

La babesiosis es una enfermedad parecida a la malaria que afecta a humanos y animales, provocada por protozoos del género *Babesia* y

transmitida normalmente por la picadura de un tipo de garrapata. El microorganismo estudiado, *Babesia duncani*, causa una babesiosis especialmente grave que puede llegar a ser letal en personas infectadas. Los síntomas de esta infección pueden ser leves, pero también complicarse y generar fiebres muy altas y diferentes fallos orgánicos, hasta causar la muerte. Para tratar la babesiosis leve o moderada se utilizan antibióticos de amplio espectro, como la azitromizina, y medicamentos antiprotozoarios como la atovacuona; en casos de infección grave están indicadas la quinina y la clindamicina en combinación con los otros tratamientos y la exanguinotransfusión.

Estrella Montero, Luis Miguel González y Sergio Sánchez, investigadores de los Laboratorios de Referencia e Investigación en Parasitología y en Infecciones Bacterianas Transmitidas por Agua y Alimentos del CNM-ISCIII y coautores del artículo, explican que la investigación permite desvelar por primera vez el genoma de este parásito, su estructura nuclear, sus perfiles transcriptómicos y epigenéticos, cómo se ensambla su material genético, su estructura molecular en tres dimensiones y su evolución filogenética.

- [Consulta el artículo completo](#)

Hasta el momento, y a pesar de la alta patogenicidad de *Babesia duncani*, se tenía muy poca información sobre su biología, evolución, mecanismos de virulencia, patogenicidad y susceptibilidad a fármacos. Los hallazgos ahora logrados, entre los que se encuentra el descubrimiento de nuevas familias multigénicas desarrolladas por el parásito para escapar de la respuesta inmune del humano, permitirán afinar el diagnóstico de la infección, seleccionar mejor los fármacos disponibles, mejorar las pruebas de otros fármacos en desarrollo y facilitar la búsqueda de nuevas dianas terapéuticas para la infección en humanos.

Gracias a análisis in vitro con eritrocitos humanos, y en modelo animal, los autores han elaborado un 'mapa' del metabolismo del parásito y de su desarrollo durante la infección. Este atlas de nuevos datos ha aportado nuevo conocimiento, en forma de antígenos, para el diagnóstico de la infección activa y de moléculas para el posible desarrollo de fármacos, como los antifolatos, entre los que se incluye la pirimetamina, que inhiben la acción infecciosa de *Babesia duncani* y que podrían ser efectivos en el tratamiento de la babesiosis en personas.

• **Referencia del artículo:** Singh, P., Lonardi, S., Liang, Q. et al. *Babesia duncani* multi-omics identifies virulence factors and drug targets. *Nat Microbiol* (2023). <https://doi.org/10.1038/s41564-023-01360-8>.