

Cómo identificar los genes implicados en una infección letal por hongos

Científicos españoles han desarrollado un sistema que permite identificar cuáles son los genes esenciales para producir una infección conocida como mucormicosis, que presenta una mortalidad del 90% aproximadamente. Esta técnica abre nuevas vías para el desarrollo de fármacos y tratamientos contra una enfermedad para la que no existen tratamientos.

SINC

28/3/2017 19:00 CEST



Miembros del grupo de investigación de Genómica y Biotecnología Molecular de Hongos. / UMU

Investigadores de la Universidad de Murcia (UMU) han creado una plataforma genómica, utilizando como modelo el hongo *Mucor circinelloides*, que permite identificar cuáles son los genes esenciales para producir la infección conocida como mucormicosis.

Esta técnica, publicada en *PLoS Pathogens*, abre nuevas vías para el desarrollo de fármacos y tratamientos contra una enfermedad para la que no existen tratamientos y que presenta una mortalidad del 90% aproximadamente.

La plataforma diseñada, que está basada en la tecnología de ARN de interferencia (merecedora del premio Nobel de Fisiología o Medicina en 2006), permite determinar la función de todos los genes implicados en el proceso de infección.

La mucormicosis es una enfermedad para la que no existen tratamientos y que presenta una mortalidad del 90% aproximadamente

Un avance que, según Francisco Esteban Nicolás Molina, del grupo de investigación de Genómica y Biotecnología Molecular de Hongos de la UMU, es importante porque actualmente las tecnologías permiten obtener fácilmente la secuencia del genoma de cualquier organismo, pero no así averiguar la función de los genes que lo constituyen.

"Es la primera vez que una técnica de este tipo se desarrolla para hongos", explica Nicolás. De ella, los científicos han encontrado dos genes que tienen mucho que ver con la virulencia del hongo y que podrían ser claves para el diseño de fármacos que actúen sobre los genes implicados en la infección fúngica.

Enfermedad emergente

El incremento de casos diagnosticados en los últimos años de mucormicosis ha disparado la alarma entre la comunidad científica, que la ha clasificado como una enfermedad emergente que debe ser estudiada con celeridad con el objetivo de identificar posibles dianas (genes).

Recientemente, el grupo de investigación de la UMU publicó también en la revista *Nature* un artículo en el que describían el mecanismo que usaba el hongo *Mucor circinelloides* para cambiar tan rápido y adaptarse a las nuevas condiciones.

Referencia bibliográfica:

RNAi-Based Functional Genomics Identifies New Virulence Determinants in Mucormycosis. Trieu TA, Navarro-Mendoza MI, Pérez-Arques C, Sanchis M, Capilla J, Navarro-Rodríguez P, Lopez-Fernandez L, Torres-Martínez S, Garre V, Ruiz-Vázquez RM, Nicolás FE. [PLoS Pathog.](#) 2017 Jan 2013(1):e1006150. doi: 10.1371/journal.ppat.1006150.

Esta investigación ha sido posible gracias a la financiación recibida por la Fundación Séneca (proyecto 19339/PI/14) y del MINECO/FEDER (BFU2015-65501- P).

Derechos: **Creative Commons**

TAGS

PLATAFORMA GENÓMICA | HONGOS | MUCORMICOSIS | INFECCIONES |
MORTALIDAD |

Creative Commons 4.0

Puedes copiar, difundir y transformar los contenidos de SINC. [Lee las condiciones de nuestra licencia](#)