

El peso de la genética que se estudia en el covid se demostró en otras infecciones

Variantes genéticas protegen a portadores del VIH, el desarrollo de fármacos es una de las posibilidades tras su identificación

M. MÉNDEZ

REDACCIÓN / LA VOZ

La susceptibilidad genética es una forma de cuantificar en qué medida una persona expuesta a un virus es proclive a ser infectada en función de su genoma. El estudio preliminar realizado entre gemelos por un equipo de científicos ingleses del King's College London indica que puede haber una relación entre ciertos síntomas atribuidos al coronavirus y el ADN del paciente.

En Galicia, equipos como el del grupo de investigación GENVIP del Instituto de Investigación de Santiago (IDIS), vinculado al Chus, llevan años analizando los factores del huésped en la vulnerabilidad ante diferentes agentes infecciosos. «Buscamos la respuesta en la persona, no solo en el patógeno», cuenta su genetista Antonio Salas.

«Las enfermedades infecciosas no son primariamente de causa genética, sino ambiental, debida a microorganismos. Pero, la constitución cromosómica tiene un papel en la susceptibilidad y en la capacidad de réplica del organismo a los gérmenes», explica José Luis Fernández García, jefe de la Unidad de Genética del Inibic-Chuac. El VIH o el plasmidium, causante de la ma-



Los expertos buscan relación entre los genes y ciertos síntomas del covid-19. D. ZORRAKINO EUROPA PRESS

laria, son dos de los virus de los que se tiene constancia de mutaciones genéticas que permiten a sus portadores ser resistentes. En ambos se ha logrado precisar qué alteraciones inhiben la expansión del microorganismo. Pero esto no siempre es posible.

«Unha cousa é saber que ten un compoñente hereditario importante e outra identificar os compoñentes xenéticos que o explican. Hai patoloxías estendidas e moi estudadas como a esquizofrenia nas que os avances son moi modestos», aclara el profesor de Medicina de la USC y genetista del Cimus, Xulio Maside.

Aplicaciones médicas

Microbiología y genética se unen en trabajos multidisciplinarios. «La identificación de las variantes genéticas podría ayudar a lo-

calizar a los individuos con mayor riesgo de desarrollar enfermedad severa, sobre todo, si son jóvenes o sin patologías previas», dice José Luis Fernández.

Esta es una de las aplicaciones más importantes. A largo plazo, «poderíanse desenvolver fármacos, tratamientos ou estratexias para diminuír os síntomas máis graves», completa Maside. En lo inmediato, «no está clara su aplicabilidad o logística en una situación de pandemia», admite Fernández, el genetista del Chuac.

Con todo, la razón de por qué unos individuos reaccionan con un cuadro más grave ante un virus que otros que son asintomáticos, independientemente del ambiente y las patologías previas, también está condicionada por otros dos factores. Por un lado, «hai que ter en conta o histo-

rial de infección do paciente. Os primeiros meses de vida modulan a resposta inmune un individuo. Por iso, malia que o estudo británico se fixo entre xemelgos adultos, hai que saber desde cando se separaron», matiza Maside.

En segundo lugar, está la teoría del germen en microbiología. «Di que a reacción sintomática dos infectados non depende tanto da súa xenética, senón das propiedades do patóxeno. Os virus tamén teñen un xenotipo que varía a medida que replican. Do SARS-CoV-19 sabemos que desde que entrou na especie humana foi diversificándose. É o mesmo virus, pero acumula mutacións», remarca el profesor de la USC Xulio Maside. Así, el estudio del árbol genealógico del patógeno también es clave porque «deste virus sábese aínda moi pouco».

Investigan si los perros pueden detectar el coronavirus con el olfato

WASHINGTON / EFE

La Universidad de Pensilvania ha iniciado un programa para estudiar si los perros son capaces con el olfato de detectar el covid-19, tal como hacen con los estupefacientes, según informaron ayer medios locales estadounidenses. El departamento de veterinaria de esta prestigiosa institución académica llevará a cabo un investigación en la que instruirá a ocho perros y les expondrá a las muestras de pacientes infectados con el nuevo coronavirus para así determinar si son capaces de detectar el virus.

Desde la universidad aseguran que los canes que participarán en este estudio ya han sido capaces en varias ocasiones de detectar diversas enfermedades. De hecho, el centro veterinario de la universidad lleva realizando este tipo de prácticas desde 2013, cuando iniciaron una investigación para ver si los perros detectaban el cáncer de ovario. Ahora estos animales son empleados para encontrar diversas condiciones médicas, tales como aneurismas o diabetes. «Sabemos que todas las enfermedades parecen tener un olor único y los virus también», aseguró la doctora Cynthia Otto, directora de la escuela de Medicina Veterinaria de la Universidad de Pensilvania. Si el estudio da los resultados esperados, la universidad asegura que el uso preliminar de perros para detectar el coronavirus podría empezar este mismo julio.

¿Y si los genes condicionan nuestra respuesta al virus?

Un estudio coordinado por Ángel Carracedo investiga si el ADN influye en una mala evolución del covid-19

ELISA ÁLVAREZ

SANTIAGO / LA VOZ

¿Por qué algunos pacientes mayores, con patologías previas, superan sin problema el SARS-CoV-19? ¿Y por qué causa surgen tantas complicaciones en otros más jóvenes y aparentemente sanos? ¿Tienen algo que decir los genes en esta respuesta al virus? Esa es la hipótesis de la que parten Ángel Carracedo, catedrático de la USC y director de la Fundación Pública Galega

de Medicina Xenómica, y Pablo Lapunzina, director científico del Centro de Investigación Biomédica en Red de Enfermedades Raras (Ciberer), coordinando un consorcio internacional que financia el Instituto de Salud Carlos III y que también cuenta con el apoyo de la Fundación Amancio Ortega dentro de su presupuesto de lucha contra el covid-19.

El estudio ya ha empezado en más de veinte hospitales. En ellos se recogerán los datos de 8.000 personas que han dado positivo para el virus tras hacerles una PCR. «Nos interesan pacientes de todo tipo, desde los que apenas tuvieron síntomas hasta los más graves», explica Carracedo. El objetivo de esta investigación, afirma el genetista, es muy claro: «Ver si hay genes de suscep-

tibilidad individual que condicionan una respuesta desfavorable en algunas personas, así como si influyen en síntomas o alteraciones específicas que produce el virus». También analizarán estas variables en la respuesta que los enfermos tienen al tratamiento.

Hay más de veinte centros clínicos participantes y, de momento, cuatro gallegos: Santiago, A Coruña, Vigo y Lugo. «La respuesta de los clínicos, a pesar del esfuerzo adicional que supone, así como de los biobancos, ha sido excepcional», insiste Carracedo. El proyecto está en fase de recogida de muestras de los pacientes y de la información clínica asociada. Ya se ha establecido cuál será el cuaderno de recogida de información y la metodología a utilizar en el Centro Nacional

de Genotipado, que comenzará con este trabajo en tres semanas.

Se analizarán 800.000 SNPs, que son bases de ADN con diferencias entre individuos, y además se secuenciará todo el genoma de 400 pacientes que tienen respuestas muy extremas para tratar de entender la enfermedad.

¿Y por qué puede producirse esa distinta respuesta a la enfermedad? ¿Qué genes podrían influir? El equipo de Carracedo no parte de ideas prefijadas. «Pudiera pensarse en genes del sistema inmune, como HLA, ACE2... pero no partimos de ninguna hipótesis predefinida. Es tanto nuestro desconocimiento de la patogenia de los procesos que normalmente se encuentran cosas distintas a las esperadas».

Una vez terminado el estudio

podrán establecerse los determinantes genéticos de riesgo y mala evolución que permitan una mejor estratificación de los pacientes, «y la adecuación y optimización de los protocolos terapéuticos», concluye el catedrático de la Universidad de Santiago.

Además de los pacientes de hospitales españoles, unos 7.000, este consorcio analizará los datos de otro millar de países latinoamericanos, con mayor mezcla genética. Esto permitirá contar con información estadística relevante para determinar la relación entre los eventos de interés y las variantes genéticas que se estudien.

El proyecto se desarrollará a lo largo de un año, coordinado desde el Ciberer. Participan investigadores de España, Europa y Latinoamérica.