Importante descubrimiento podría permitir tener una herramienta para determinar el riesgo de adquirir esta enfermedad y así priorizar a quién necesitará la vacuna, una vez que esté disponible.

Como respuesta a la actual pandemia, dos investigadoras de la Universidad de Playa Ancha y dos bioinformáticos determinaron posibles marcadores genéticos asociados al Síndrome de Dificultad Respiratoria Aguda (ARDS), causado por Sars-Cov-2 (COVID-19), que podrían explicar por qué algunas personas podrían enfermar gravemente o incluso morir por COVID-19.

Anuncio Patrocinado

PERMISO
CIRCULACIÓN
Segunda cuota
Paga en línea:
www.muninogales.cl
📢 Recuerda que hasta el 30 de agosto tienes plazo para pagar la segunda cuota de tu permiso de circulación 2025.
Te informamos de los horarios de atención en la Unidad de Tránsito. (Interior Edificio Municipal)
📅 Martes 26 al viernes 29 de Agosto:
🕘09:00 - 13:30 horas.
📅 Sábado 30 de Agosto: 🕘09:00 - 13:30 horas.
También puedes realizar el trámite en www.muninogales.cl
Nogales
MUNICIPALIDAD

Así lo explicó la doctora en Ciencias Biomédicas, Graciela Molina, médico cirujano, quien se encuentra realizando un postdoctorado en la Universidad de California Davis, en Estados Unidos. La investigadora, docente de la Facultad de Ciencias de la Salud de la Universidad de Playa Ancha, trabajó junto Carol Parra, también académica de la UPLA y sus coinvestigadores, quienes estudiaron en forma virtual esta temática. El equipo obtuvo información epidemiológica de la base de datos Worldometer, a partir de la cual analizaron la incidencia, mortalidad y letalidad desde el comienzo de la pandemia, en Europa, Finlandia, Asia oriental, Asia meridional, América Latina y África.

El objetivo del estudio fue determinar qué otros factores podrían explicar las variaciones de mortalidad frente al COVID-19 en estas seis regiones del mundo, más allá de la edad. Para ello, seleccionaron las frecuencias poblacionales de variantes de una secuencia particular de ADN (polimorfismos genéticos) de factores implicados en la infección del virus y asociados al Síndrome de Dificultad Respiratoria Aguda (ARDS), desde bases de datos existentes de las poblaciones. Cruzaron las frecuencias de los polimorfismos genéticos con las estadísticas de casos y fallecidos en las diferentes regiones del mundo y descubrieron que habría una predisposición genética que explica, en parte, las diferentes tasas de muertes en las diferentes regiones.

De los resultados, lo más interesante es que identificaron variantes que explican la

diferencia, sobre todo entre Europa y Asia. En términos simples, se llegó a la conclusión de que los más expuestos a enfermar gravemente son los europeos y los menos son los asiáticos. Los hispanoamericanos tendrían un riesgo intermedio.

“Las variantes genéticas que nosotros identificamos comparando diferentes poblaciones, serán muy importantes para dirigir la siguiente etapa de investigación que buscará definir en forma individual, los pacientes que van a enfermar gravemente, de los que no lo van a hacer, dependiendo de la presencia en ellos de estas variantes genéticas que complementarán a los factores de riesgo ya conocidos. Ahora, basado en estos riesgos individuales, se podrá predecir quién se va a enfermar y quien no; y lo que es más importante, cuando aparezca la vacuna, se podrá priorizar a quiénes vacunar, basado en su riesgo de enfermar gravemente de COVID-19”, dijo la investigadora.

CONFIRMAN HIPÓTESIS

Carol Parra, quien también posee un magíster en Ciencias, destacó el valor de este descubrimiento, no solo porque permitirá reorientar el tratamiento que cada paciente requiere, sino porque además confirma la hipótesis de que las diferencias de letalidad observadas en las distintas regiones pueden explicarse, al menos en parte, por la presencia de diferentes antecedentes genéticos.

“En estos momentos no está claro por qué algunas personas enferman gravemente y mueren, y otras no. Se ha mencionado de algunas enfermedades de base, como diabetes o personas con baja inmunidad, pero confirmar que, además, podría haber un componente genético, es algo muy valioso, porque permitiría a los médicos contar con una base para enfocar de mejor forma el tratamiento. Los genes que identificamos ponen en riesgo a la población, porque están asociados a una mayor inflamación y coagulación, lo que es complejo en una enfermedad de este tipo”, afirmó Carol Parra.

Recientemente, este estudio fue presentado en una instancia internacional de investigación, y pronto será publicado en una revista científica de nivel mundial.

y tú, ¿qué opinas?