

Variantes genéticas de la hipertensión ligadas a la gravedad del Covid-19

Todavía se desconocen muchos factores y mecanismos relacionados con el riesgo de desarrollar un Covid-19 grave, sin embargo, un estudio realizado por un equipo del CIBERCV en el Instituto Murciano de Investigación Biosanitaria Virgen de la Arrixaca (IMIB) ha dado un paso en disipar estas grandes dudas, y es que ha descubierto que las variantes genéticas implicadas en la predisposición a la hipertensión arterial podrían determinar la gravedad del Covid-19.

Concretamente, se han señalado cuatro polimorfismos del gen ACE2, que codifica para la enzima convertidora de angiotensina 2 (ECA2) –la enzima que permite que el SARS-CoV-2 infecte las células humanas y que se relaciona con la gravedad de la enfermedad–, condicionando dos de ellos a presentar una peor evolución y los otros dos podrían tener un efecto protector.

Este estudio se ha realizado gracias a la experiencia de los investigadores en el campo de las alteraciones en los genes del sistema renina-angiotensina-aldosterona y su relación con la hipertrofia ventricular. Publicado en la revista PLoS One, el trabajo analizó 318 muestras de cuatro grupos de personas que tuvieron diferentes evoluciones al pasar el COVID-19: casos leves que pasaron la enfermedad en casa, personas que fueron ingresadas en el hospital, pacientes que necesitaron entrar en UCI y aquellos que fallecieron.

Dos polimorfismos protectores y dos relacionados con más gravedad

“Es posible que las diferencias en la actividad de ciertas proteínas puedan conducir a una mayor susceptibilidad frente al virus, una mayor eficiencia de la replicación viral, o a una respuesta inflamatoria exagerada, y partimos de la hipótesis de que la presencia de varios polimorfismos de estos genes podría explicar tanto la propensión a la infección, como la extensión a diferentes órganos y el grado de severidad de las presentaciones clínicas de la COVID-19”, explican los autores.

Se centraron en el ECA2, en concreto, “el mayor interés estuvo centrado en la ECA2, que es la proteína a la que se fija el SARS-CoV-2 como si fuera una *cerradura* para entrar en la célula

e infectarla, explica María Sabater. Entonces, estas variantes o polimorfismos producen pequeños cambios en esa *cerradura* que facilitan o dificultan la entrada a la célula.

Los hallazgos indicaron cuatro polimorfismos en el gen ACE2 que estaban asociados con la gravedad del Covid-19, independientemente de la edad, el sexo y las comorbilidades. Presentar dos de estos polimorfismos incrementaba 2,5 veces el riesgo de necesitar ser ingresado en la UCI o de fallecer, en cambio otros dos tenían un efecto protector, reduciendo a la tercera parte el riesgo de un ingreso complicado.

Si se confirman estos resultados en otros estudios mayores, analizar estos polimorfismos en los pacientes con coronavirus podría ayudar a predecir los pacientes que presentan un mayor riesgo de complicaciones al contraer la infección, facilitando un ingreso precoz o un tratamiento más intensivo al comienzo de la enfermedad. Al contrario, los que tenga los polimorfismos protectores podrían tener un seguimiento domiciliario con mayor tranquilidad.

Con información de [WebConsultas](#)