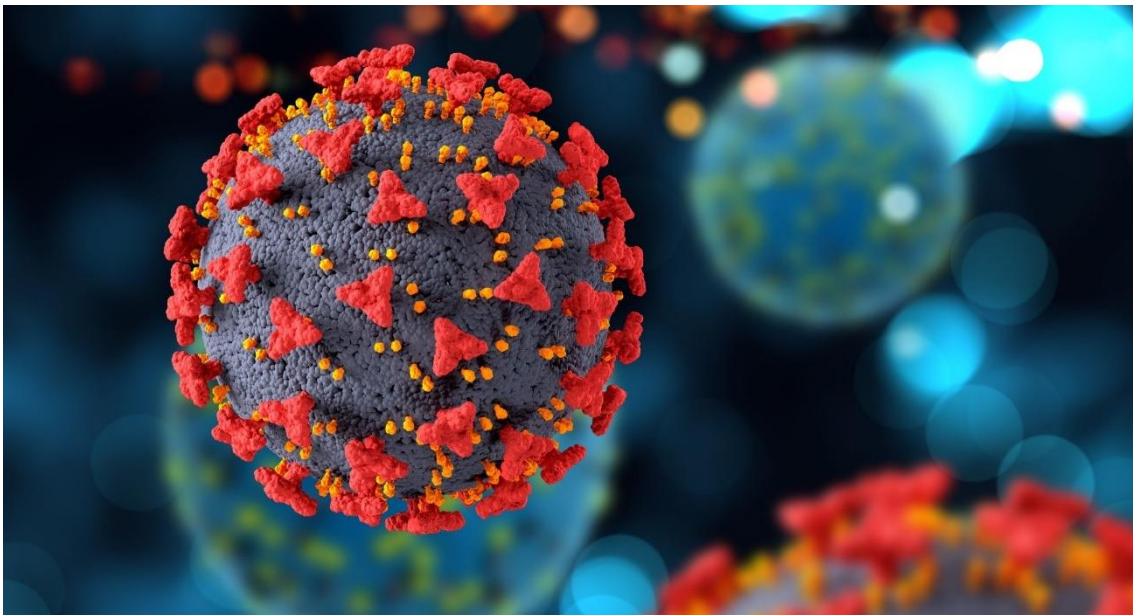




Madrid, miércoles 3 de agosto de 2022

## Halladas 11 nuevas regiones genéticas implicadas en la susceptibilidad y gravedad de la covid-19

- Un macroestudio internacional con investigadores del CSIC analiza 125.584 casos de infección en 25 países para localizar determinantes genéticos de la respuesta al SARS-CoV-2
- Este conocimiento es clave para conocer los mecanismos de la enfermedad, encontrar tratamientos y proteger a las personas potencialmente más vulnerables



Recreación artística del virus SARS-CoV-2, causante de la covid-19. / Freepik

Un macroestudio internacional con participación de investigadores del CSIC ha localizado 11 nuevas posiciones en los cromosomas implicadas en la susceptibilidad a la infección por el SARS-CoV-2 y en la gravedad clínica de la covid-19. El trabajo se publica en la revista *Nature*.

La identificación de estos determinantes genéticos implicados en la respuesta al SARS-CoV-2 es fundamental para conocer los mecanismos biológicos que subyacen a la

enfermedad, para encontrar tratamientos eficaces y para proteger a las personas potencialmente más vulnerables. Entre los genes hallados en este estudio cabe destacar ciertos genes codificantes de surfactantes pulmonares que tienen un papel clave en la función pulmonar.

“La susceptibilidad y la respuesta a las infecciones víricas varía entre las personas, tal como ha puesto de manifiesto la actual pandemia por SARS-COV-2”, explica la investigadora del CSIC **Anna Planas**, del Instituto de Investigaciones Biomédicas de Barcelona (IIBB-CSIC). “Factores ambientales y sociales contribuyen al riesgo de contraer la infección, mientras que el sexo masculino, la [edad avanzada](#) y la presencia de otras enfermedades contribuyen al riesgo de desarrollar una covid-19 grave”, añade. “No obstante, factores genéticos de las personas también aumentan la probabilidad de contraer la infección, de necesitar hospitalización o de desarrollar covid-19 crítico”.

Los resultados obtenidos en este estudio son fruto del consorcio internacional [COVID Host Genetic Initiative](#), que busca variantes genéticas comunes en la población que pueden aumentar el riesgo de infección o de desarrollar covid-19 grave. Para ello, el consorcio lleva a cabo estudios en miles de pacientes.

El presente trabajo es una actualización con mayor número de pacientes de [un estudio que este consorcio publicó en julio de 2021](#). Ahora presenta un metaanálisis de estudios de asociación de todo el genoma (GWAS) de 125.584 casos de infección y más de 2.5 millones de controles recogidos en 25 países a través de 60 estudios diferentes. El CSIC ha aportado datos genéticos de 236 pacientes y 654 controles. El análisis de datos de esta cohorte ha sido liderado por **Israel Fernández Cadenas**, del Instituto de Investigación del Hospital de Sant Pau (IIB Sant Pau).

“En este nuevo trabajo ampliamos el mapa que empezamos el año pasado y casi duplicamos el número de regiones y cromosomas estudiados pasando de 13 a 23. Además, se han incluido muestras de todo el mundo mejorando el conocimiento que tenemos de los procesos biológicos que causan los síntomas severos de covid-19”, afirma Fernández-Cadenas.

Entre estos estudios se encuentra el proyecto InmunGen-CoV2, incluido en la [plataforma Salud Global del CSIC](#), y que agrupa a investigadores de diversos institutos del CSIC (el Instituto de Investigaciones Biomédicas de Barcelona (IIBB), el Instituto de Biomedicina de Valencia (IBV), el Centro Nacional de Biotecnología (CNB) y el Instituto de Física de Cantabria (IFCA)), el Instituto de Investigación del Hospital de Sant Pau (IIB Sant Pau) y el Idibaps-Hospital Clínic de Barcelona, y cuenta con la colaboración de investigadores del Hospital de la Vall d’Hebron, la Mútua de Terrassa, el Hospital Universitario Central de Asturias y el Hospital Universitario de Valladolid.

*Gita A. Pathak et al. A first update on mapping the human genetic architecture of COVID-19. Nature. DOI: [10.1038/s41586-022-04826-7](https://doi.org/10.1038/s41586-022-04826-7)*