



¿Quién vive, quién muere y quién cuenta tu historia?

Duggal P. Who lives, who dies, who tells your story? [J Infect Dis. 2023;228:811-3.](#)

La profesora Priya Duggal, del Departamento de Epidemiología de la Johns Hopkins University, realiza estas breves reflexiones sobre la genética y la inmunidad, teniendo en cuenta nuevos hallazgos con estudios de paleo ADN.

A lo largo de la historia, los agentes infecciosos han producido innumerables muertes y daños en todas las sociedades. Por ejemplo, la peste Antonina del siglo II tuvo una tasa de mortalidad estimada del 10% y la peste negra del XIV acabó con la mitad de la población europea. En general los supervivientes eran individuos más fuertes y sanos, siendo actualmente bien conocida la importancia de factores socioeconómicos, nutricionales, etc. en la resistencia ante las infecciones. Pero estos factores no explican toda la variación en la gravedad observada: individuos aparentemente sanos y robustos fallecen, mientras que otros debilitados con comorbilidades sobreviven de las mismas epidemias. El conocimiento de los factores biológicos subyacentes a estas diferencias puede ayudar en el desarrollo de tratamientos y vacunas. Entre ellos, los factores genéticos, que son frecuentemente ignorados.

Haldane y Allison, a mediados del pasado siglo, asociaron genética e inmunidad al observar la mayor resistencia a la malaria de los individuos con talasemias o drepanocitosis. Esta presión selectiva sobre el genoma humano se aprecia también en países del sur de Asia con alta incidencia de cólera. En ellos la prevalencia del grupo sanguíneo O es muy baja, siendo este grupo el más propenso a padecer cólera grave.

Recientes estudios de muestras antiguas de ADN, de antes, durante y después de la peste negra del siglo XIV, identifican una mayor supervivencia de individuos con doble alelo del gen *ERAP2*, lo que mejora la inmunidad de sus portadores. La epidemia se encargó de seleccionar a estos individuos, centrando la mortalidad en quienes no lo poseían.

Estudios de asociación genómicos han identificado diferentes genes que explican la protección frente a diarreas bacterianas y protozoarias de poblaciones infantiles en territorios endémicos, con malas condiciones higiénico-sanitarias. Igualmente explican por qué ciertos niños enferman frecuentemente en ambientes muy saludables.

También el estudio del genoma de los agentes infecciosos, por ejemplo, de los multirresistentes a antimicrobianos, es de gran interés para entender la interacción entre huésped y patógeno que caracteriza el hecho de enfermar o no, de padecer enfermedad grave o resultar inmune. La identificación de genes responsables de la resistencia o susceptibilidad en patógenos y en huéspedes es de gran importancia en la práctica terapéutica.

Es fundamental una buena coordinación de los equipos de investigación en los diversos campos de la genética, epidemiología, inmunología y clínica para progresar en tan prometedores estudios.

Nuestro genoma transmite la historia de nuestros antepasados, no solo en cuanto al color de su pelo u ojos, sino también en lo que respecta a los genes que favorecieron su resistencia a infecciones y epidemias.

N. del T.: Sin duda, además de los genéticos, otros múltiples factores epigenéticos, nutricionales, sociodemográficos y, por qué no, el azar, explican gran parte de la varianza en la susceptibilidad ante las enfermedades infecciosas.

Enrique Rodríguez-Salinas Pérez



Disponible en:

<https://www.redalyc.org/articulo.oa?id=366682421024>

Cómo citar el artículo

Número completo

Más información del artículo

Página de la revista en redalyc.org

Sistema de Información Científica Redalyc
Red de revistas científicas de Acceso Abierto diamante
Infraestructura abierta no comercial propiedad de la
academia

Enrique Rodríguez-Salinas Pérez

¿Quién vive, quién muere y quién cuenta tu historia?

Pediatría Atención Primaria

vol. XXV, núm. 100, p. le69, 2023

Asociación Española de Pediatría de Atención Primaria,

ISSN: 1139-7632

ISSN-E: 2174-4106