

José Manuel Soria: «El virus dels pacients de València ja no és el mateix que el de la Xina»

El cap de la unitat de Genòmica de Malalties Complexes de l'Hospital de Sant Pau adverteix de la necessitat de destinar recursos a la investigació biomèdica com a eina de prevenció



El doctor José Manuel Soria, cap de la unitat de Genòmica de Malalties Complexes de Sant Pau. | J.M.S.

El combat contra el coronavirus es lliura en molts fronts. Un d'ells és el de la recerca genètica, encarregada d'estudiar la naturalesa del virus, els seus orígens, les dinàmiques de propagació que segueix, la interacció amb les cadenes genètiques humanes i la possible evolució que tindran les mutacions. Per parlar d'aquest vessant de la pandèmia, hem contactat amb un científic català expert en Genètica Humana.

José Manuel Soria Fernández és el cap de la Unitat de Genòmica de Malalties Complexes de l'Hospital de la Santa Creu i Sant Pau (IIB Sant Pau). El seu equip ha estat pioner en recerques bàsica i transnacional, amb més de 150 articles en revistes científiques de prestigi i amb projectes pioners en la recerca de malalties complexes, com és el cas de la iniciativa MIRTO, guardonada per la Societat Europea de Cardiologia. Soria atén les preguntes sobre el virus i els riscos que pandèmies similars poden suposar en el futur.

- En primer lloc, doctor, es troba bé?

- Si, estic molt bé. Moltes gràcies. Mantenint les recomanacions i protocols establerts per l'estat d'alarma actual i molt pendent de les informacions -en mitjans contrastats- que puguin arribar de les autoritats sanitàries.

- Què sabem de la naturalesa del virus SARS-CoV-2, el nom tècnic del coronavirus?

- Sabem que ens enfrontem a un virus de la família dels coronavirus, batejat amb el nom de SARS-CoV-2. Els coronavirus són una àmplia família de virus que poden causar diverses afeccions, des del refredat comú fins a malalties més greus, com passa amb el coronavirus causant de la síndrome respiratòria de l'Orient Mitjà (MERS-CoV) i el que ocasiona la síndrome respiratòria aguda severa (SARS-CoV). Des del punt de vista funcional, el genoma dels coronavirus no està format per ADN (àcid desoxiribonucleic), com el d'animals i plantes, sinó que està compost per ARN (àcid ribonucleic), concretament per una cadena senzilla d'aquest tipus.

Quan el virus infecta una cèl·lula, allibera en el citoplasma l'ARN que és molt similar als ARN de la cèl·lula hoste, la qual cosa li permet utilitzar la maquinària de la cèl·lula per replicar-se (fer còpies de si mateix) i fabricar les proteïnes que necessita per generar més virus i seguir infectant les cèl·lules veïnes i així propagar el contagi. Des del punt de vista clínic, l'Organització Mundial de la Salut (OMS) estima que la taxa de contagi (R0) d'aquest nou coronavirus és de l'1,4% al 2,5%, encara que altres estimacions parlen d'un rang entre 2% i 3%. Això vol dir que cada persona infectada pot, al seu torn, infectar entre el 10% i el 15% dels seus contactes. Per controlar una epidèmia, la R0 necessita disminuir per sota d'1. D'aquí la importància de la mesures de confinament de la població i de l'assaig clínic que s'està realitzant a Catalunya dirigit pel doctor Oriol Mitjà, intervencions destinades precisament a disminuir la taxa de contagi.

- Què sabem fins ara dels orígens d'aquest nou virus?

- Actualment sabem que aquest virus té origen zoonòtic, es a dir, va passar d'un hoste animal a humans. Les dades genòmiques indiquen que originàriament era un virus de ratpenats que va passar a la nostra espècie a través d'un animal intermediari (encara no identificat), en el qual probablement van sorgir les mutacions capaces d'interaccionar amb els receptors de les cèl·lules humanes.

"Les dades genòmiques indiquen que originàriament era un virus de ratpenats que va passar a la nostra espècie a través d'un animal intermediari"

- En què es diferencia aquest nou coronavirus del SARS, que va provocar una pandèmia el 2002?

- Aquest nou coronavirus és molt semblant a altres coronavirus aïllats en ratpenats. Concretament, té un genoma molt similar al virus causant de la síndrome aguda respiratòria severa (SARS) de 2002. No obstant això, el virus SARS-CoV, causant de la síndrome respiratòria aguda severa, presenta una mortalitat més elevada i una taxa de transmissió més baixa en humans que el nou coronavirus causant de l'actual pandèmia.

- La Universitat de València ha obtingut els primers genomes complets del SARS-CoV-2, el virus que provoca el Covid-19. El coronavirus que s'estén per Catalunya i l'Estat espanyol no és el mateix que el que va sorgir a Wuhan?

- Les dades aportades per aquest estudi demostren que el genoma del nou coronavirus (SARS-CoV-2) aïllat en els pacients de València ja no és el mateix que el dels pacients de Wuhan. El virus ha mutat. Però això és normal: gairebé tots els virus que s'han seqüenciat fins al moment presenten algunes diferències en el seu genoma. En aquest context, no disposem de dades que aquestes mutacions estiguin relacionades amb soques de virus amb major capacitat de contagi o més alta mortalitat. Precisament, una de les qüestions pendents sobre aquest virus està en la seva capacitat de mutar, cosa que serà clau per entendre si n'hi haurà prou amb una vacuna per eradicar-lo o si per contra tornarà cada nova temporada amb una forma diferent. Les dades que s'obtinguin de la seqüenciació del genoma del virus en altres brots seran importants per resoldre aquests dubtes.

"Una de les qüestions pendents sobre aquest virus està en la seva capacitat de mutar, cosa que serà clau per entendre si n'hi haurà prou amb una vacuna per eradicar-lo si per contra tornarà cada nova temporada amb una forma diferent"

- La capacitat de mutar del virus és un dels misteris que encara s'han de desentrellar?

- Conèixer la capacitat de mutació del virus i la repercussió clínica dels possibles noves soques, serà un gran avanç per a la contenció de virus i el seu impacte futur. També és important destacar pel que fa a la taxa de mutació de virus que diversos estudis indiquen que, a diferència d'altres virus ARN (com ara el de la grip), la capacitat de generar mutacions en els coronavirus és menor. Segons aquests estudis, s'estima que la seva taxa d'error en la còpia del seu genoma (generació de mutacions) pot ser entre 15 i 20 vegades menor que la d'aquests altres virus. Aquesta dada pot ser rellevant de cara a l'eficàcia de futures vacunes.

- És possible que aquest coronavirus ens torni a visitar sota formes noves? Ha vingut per quedar-se entre nosaltres?

- La resposta a aquesta pregunta vindrà determinada, un cop més, per la taxa de mutació del virus i la seva evolució cap a formes més o menys agressives. Basant-nos en l'experiència amb altres coronavirus, com la SARS, encara que no s'ha informat de nous casos des del 2004, no es considera eradicat perquè el virus causant té un reservori animal de el qual podria ressorgir. Una cosa semblant podria passar amb aquest nou coronavirus (SARS-CoV-2). Hem de tenir molt present que els virus estan presents a la biosfera des de fa molts milions d'anys i seguiran estant-hi. De fet, el que moltes persones desconeixen és que al voltant del 8% del nostre genoma prové d'infeccions víriques. Hi ha un intens debat científic sobre el paper que jugarien aquestes seqüències víriques en el nostre ADN i estudis recents suggereixen un important paper dels virus en l'evolució, però aquest és un altre tema.

"Els virus estan presents a la biosfera des de fa milions d'anys i seguiran estant-hi, moltes persones desconeixen que al voltant del 8% del nostre genoma prové d'infeccions víriques"

- Què és el més previsible que passi en l'evolució del virus i quin és el risc que muti cap a formes més agressives?

- Hi ha moltes qüestions obertes sobre com serà la progressió del SARS-CoV-2. La possibilitat que muti cap a una forma més agressiva que augmentés la freqüència del nombre de casos que cursen amb símptomes greus és una d'elles. És una qüestió difícil de contestar. Si ens fixem només en la selecció natural, és probable que inicialment afavoreixin aquelles formes mutades de virus que es multipliquen i transmeten millor a la nostra espècie, però no per això més letals. Un escenari probable és que en aquest procés de mutació i selecció acabin imposant-se els mutants menys agressius, els quals, al ser menys letals, podran replicar-se més temps a les nostres cèl·lules sense necessitat d'haver de buscar un nou individu que infectar.

D'altra banda, les mesures de contenció imposades per les autoritats, amb milions de persones confinades en els seus domicilis (sense precedents en la història) exerciran una gran pressió selectiva sobre el virus, que possiblement faciliti aquesta atenuació de la seva virulència. Aquest procés, acompanyat de l'augment de la immunitat de la població exposada al virus, probablement reduirà l'impacte futur de virus. En qualsevol cas, encara és aviat per afirmar-ho amb certesa i caldrà estar molt atents a la seva evolució.

- Des de la genètica, què recomanaria per preveure futures mutacions d'alt risc?

- El genoma dels virus conté les instruccions per multiplicar-se i donar lloc a nous virus. Durant la còpia dels genomes virals sempre es produeixen alguns errors (mutacions) que poden tenir un alt impacte en el comportament i característiques dels virus, per exemple en quines espècies pot infectar, la seva manera de transmissió o interacció amb els mecanismes de defensa dels hostes. En aquest sentit, les mutacions es produeixen a l'atzar i és el context biològic en què es trobi el virus que farà que se seleccionin unes o altres. La recomanació per prevenir futures infeccions víriques amb mutacions d'alt risc per a la població és invertir en recerca biomèdica. Només aprofundint en el coneixement biològic dels mecanismes d'acció vírica i de la resposta de l'adaptació a aquestes infeccions podrem prevenir-les o minimitzar-les en el futur

"És imprescindible invertir en recerca biomèdica, però no només en situacions d'emergència, també per millorar el diagnòstic, prevenció i tractament de malalties comunes com la trombosi o el càncer, que hem normalitzat"

- Una vacuna serà suficient per eradicar-lo o dependrà de la seva evolució en el futur?

- Dependrà de l'evolució de virus en el futur. Si el virus SARS-CoV-2 presenta una alta taxa de mutació generant poblacions heterogènies de virus distribuïts amb diferents freqüències, possiblement serà més complicat lluitar enfront seu. Algunes de les mutacions beneficioses per als virus poden fer que aquests no siguin reconeguts pels anticossos produïts pel sistema immune en infeccions prèvies. En aquest escenari, necessitaríem diferents vacunes per combatre la infecció. També seria possible que algunes mutacions facin que el virus sigui resistent a l'acció dels antivirals. En aquest cas, accions terapèutiques combinades de diferents fàrmacs han donat

bons resultats en altres infeccions víriques. Malgrat això, l'experiència ens demostra que, al cap del temps, aquests virus són menys nocius i les malalties associades a ells es poden resoldre sense grans problemes prenent les mesures apropiades. Una cosa així és el que succeeix amb els nous virus de la grip que s'introdueixen en la població humana.

- Vol afegir alguna cosa en relació a la situació actual i futura?

- Crec que en la situació actual és essencial seguir totes les recomanacions de les autoritats sanitàries per reduir (fins i tot frenar) la propagació del virus. D'altra banda, és imprescindible invertir en recerca biomèdica, però no només en situacions d'emergència (com la que estem vivint actualment), sinó també per millorar el diagnòstic, prevenció i tractament de malalties comunes com són la trombosi o el càncer, entre d'altres, els efectes de les quals sobre la població hem normalitzat, i que tenen un alt impacte social i sanitari. La recerca biomèdica no és una despesa, és una inversió.

[noticiadiari]2/197029[/noticiadiari]
[noticiadiari]2/198343[/noticiadiari]
[noticiadiari]2/198401[/noticiadiari]
[noticiadiari]2/197894[/noticiadiari]
[noticiadiari]2/198165[/noticiadiari]
[noticiadiari]2/198064[/noticiadiari]