



Asociación de Lucha contra el Mal de Chagas
COMUNIDAD - BIBLIOTECA

CONICET EN LOS MEDIOS - 15-03-06 | La Nueva Provincia | Vida cotidiana

HABRIA CASI TRES MILLONES DE INFECTADOS Y 20 MUERTES DIARIAS POR EL CHAGAS EN ARGENTINA

El genoma de la vinchuca (y el futuro del mal de Chagas)

Artículo provisto cordialmente por la Lic. María Isabel Tort, Gerencia de Extensión - INTA

"El chagas no se va a acabar con ningún proyecto genoma", aseguró uno de los descubridores de la secuencia genética del *Tripanosoma cruzi*, quien a la vez explicó el sentido de las investigaciones actuales en torno a esta enfermedad que en la Argentina mata más personas que el sida.

El año pasado un grupo internacional de científicos --entre los cuales se contaron investigadores y laboratorios argentinos-- completó la secuencia del genoma del *Tripanosoma cruzi*, es decir, identificó la totalidad de la información genética del microbio que a través de la defecación de la vinchuca al picar, produce la enfermedad de Chagas en el ser humano.

Actualmente esta vía de investigación va por el desciframiento del genoma de la vinchuca, y uno de sus principales artífices es el doctor Rolando Rivera Pomar, director del Centro Regional de Estudios Genómicos (CREG), de la Universidad Nacional de La Plata (UNLP), instituto que vincula universidades argentinas con otras de Brasil, Uruguay y Paraguay.

"A fines de 2004 se conformó un grupo de investigadores que propuso la secuenciación del genoma de *Rhodnius prolixus*, una de las vinchucas que transmite el chagas", relató Rivera Pomar. A fines de 2005 se reunieron en Río de Janeiro investigadores de Argentina, Brasil, Canadá, Estados Unidos y Uruguay, a conformar el consorcio para secuenciar el genoma y un comité de coordinación.

"Por nuestra parte comenzamos, aún en Alemania, la secuenciación de partes del genoma de *Triatoma infestans*, la vinchuca endémica de Argentina. En poco tiempo retomaremos nuestro trabajo con *Triatoma infestans* para poder comparar, parcialmente, los genomas de ambas especies", puntualizó.

Existen otros dos laboratorios argentinos trabajando en esta línea: el que dirige el doctor Daniel Sánchez, en la Universidad de San Martín, y el de la Universidad de Buenos Aires, a cargo de Mariano Levín.

Ambos investigadores trabajaron en la secuencia del *T. cruzi*.

Soluciones, a largo plazo

De la vinchuca se están estudiando en especial los genes responsables de la respuesta inmunológica y del metabolismo del agua.



Asociación de Lucha contra el Mal de Chagas
COMUNIDAD - BIBLIOTECA

"Si pensamos que cuando la vinchuca pica y chupa sangre incorpora más que su mismo peso en líquido, equivale a que una persona de 70 kilos tomara de un golpe 70 botellas de agua mineral. ¿Cómo hace para restablecer el equilibrio hídrico?", sostuvo el investigador.

"Desde el punto de vista de la genómica, queremos saber qué genes se regulan cuando suceden infecciones o cuando el insecto pica", agregó.

Estos trabajos, aclaró, están financiados por subsidios de la Agencia de Promoción de Ciencia y Tecnología del ministerio de Educación de la Nación; por la UNLP; por el gobierno de la Provincia de Buenos Aires y, desde el exterior, por la Sociedad Max Planck de Alemania.

Rivera Pomar reconoció sin embargo que es difícil responder en qué medida estas investigaciones pueden contribuir a combatir la enfermedad y con qué plazos:

"La idea que subyace es que si se conocen los genomas de los tres componentes de la enfermedad --el parásito, el insecto y el humano-- podemos llegar a comprender en el futuro los mecanismos de transmisión".

Es lo que sucede con la malaria, dado que se conocen los genomas del plasmodio, del mosquito y del hombre.

"Quizás a partir de allí se podrá comenzar a responder por qué un mosquito solo transmite malaria o dengue y no es capaz de transmitir tripanosomas, y por qué la vinchuca sólo tripanosomas", consideró.

La especie *rhodnius*, la que se está estudiando, es una vinchuca que puebla el norte de Sudamérica y algunos países de Centroamérica.

La elección de esta vinchuca es, según explicó el experto, puramente económica: secuenciarlo cuesta la mitad que hacerlo en la triatoma (una de las casi 20 variedades que hay en la Argentina y que transmiten la enfermedad), que es el doble de grande.

¿Habrán nuevos fármacos?

Conociendo los distintos genomas, agregó, se podría conocer los genes del insecto que son específicos para transmitir la enfermedad y quizás alterar los procesos de transmisión.

"Imaginemos que una persona infectada, aunque no se pueda curar, tome un medicamento que impida la transmisión si es picada por una vinchuca", ejemplificó, aunque reconoció que, por ahora, tal perspectiva sería "ciencia ficción".

Otro aporte posible se daría en el diseño de insecticidas más específicos.

Pero en cuanto al diseño de nuevos fármacos, sostuvo Rivera Pomar, es más complejo ya que su potencial descubrimiento llevaría años antes de su aplicación, porque hay que pasar las fases clínicas de estudio.

"Hay fármacos potencialmente útiles, como los que se aplicaron para el tratamiento de leishmaniasis en la India.

Con el doctor Hansjorg Eibl en Alemania hemos probado algunas de estas drogas en tripanosomas y son capaces de inhibir su crecimiento en el laboratorio, pero estamos lejísimos de las pruebas clínicas".



Asociación de Lucha contra el Mal de Chagas
COMUNIDAD - BIBLIOTECA

Por otra parte, Rivera Pomar no cree que haya laboratorios interesados en financiar el desarrollo y producción de nuevos medicamentos contra el chagas, simplemente porque, como ocurrió con las drogas contra leishmaniasis --el caso de la mitelfosina y derivados--, son más rentables como producto veterinario para las parasitosis de mascotas en Europa y Estados Unidos, cuyos dueños están dispuestos a pagar tratamientos caros, que como medicina para humanos pobres. "Quizás el Estado, como ocurrió en India, esté interesado", agregó.
Verdaderamente selectiva

Mientras que en el caso del dengue o la malaria el mosquito portador y transmisor crece en cualquier estancamiento de agua, sea en el campo o en la ciudad, en la villa o en el country, y pica sin distinción de género ni clase social, la vinchuca necesita de un hábitat específico. Es el del rancho, la vivienda precaria, las paredes de adobe y los techos de paja. Quienes viven en ellas son los que están expuestos.

"La verdad es que el chagas no se va a acabar con ningún proyecto genoma, por más que éste sea importantísimo para el conocimiento de la enfermedad y su transmisión", declaró Rivera Pomar. "Esto no significa que no deba apoyarse la investigación científica", aclaró luego. "En los países latinoamericanos el chagas va a disminuir su incidencia cuando se elimine la pobreza, se mejoren las condiciones de vida indignas de muchas familias, y se tenga un sistema de salud universal.

Y no se vislumbra que esto vaya a suceder --criticó-- sino más bien al contrario: al menos en nuestro país, la riqueza tiende a concentrarse y la marginalidad a crecer, y la ayuda social por parte del Estado es parte de un sistema de compra de voluntades que cambia arbitrariamente. Sin embargo, destacó la participación de los laboratorios universitarios locales, "en pie de igualdad" en el consorcio internacional que está haciendo punta en las investigaciones sobre este tema, junto a países con mayor inversión en ciencia como Brasil, Estados Unidos o Canadá, y formar parte del Comité Ejecutivo, si bien el grueso de los fondos para la secuenciación del genoma --unos U\$S 10.000.000, según aclaró-- lo aportan los institutos nacionales de salud estadounidenses (NIH, por sus siglas en inglés) y la mayor parte de la secuenciación del genoma (que estaría lista para mediados de 2007) se hará en ese país, en laboratorios cuya capacidad ha quedado ociosa luego de finalizar la secuenciación del genoma humano.