



COLEGIO DE MEDICOS VETERINARIOS DE LA PROVINCIA DE MENDOZA

LEY PROVINCIAL Nº 7825 - DECRETO REGLAMENTARIO 1958/11

Derqui 114 - Tel 0261 - 4243250 (5501) Godoy Cruz - Mendoza
E- mail: info@colvetmza.com.ar

Divulgación Científica
Artículo número 5, Agosto, 2022

El genoma humano tiene más cercanía taxonómica con el perro que con el ratón

Dra. Nora Gorla
Laboratorio de Genética, Ambiente y Reproducción
Universidad Juan Agustín Maza, Mendoza, Argentina
Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas
ngorla@profesores.umaza.edu.ar

Las enfermedades hereditarias de los animales de compañía son un problema importante para los propietarios, veterinarios y criadores. Se han identificado más de 900 trastornos hereditarios en el perro y más de 200 en el gato (Online Mendelian Inheritance in Animals (OMIA) (<http://omia.angis.org>). Aproximadamente dos de cada cinco perros son portadores de al menos un alelo de una enfermedad genética. Mientras que en los mestizos es una situación asintomática, los animales de razas puras tienen más probabilidades de estar afectados por una enfermedad recesiva debido a la alta probabilidad de haber recibido, de ambos progenitores, un alelo con mutaciones. Incluso, debido a la endogamia, los animales con rasgos autosómicos recesivos (que se manifiestan en el fenotipo cuando están en homocigosis recesiva) suelen ser homocigotos para la misma variante de ADN (es decir la misma mutación en el gen que causa la enfermedad) mientras que los humanos homocigotas suelen tener 2 alelos con diferentes mutaciones o variaciones, por ausencia de endocria. El genoma humano es poco divergente respecto al genoma del ratón, pero lo es menos aún respecto del canino, y por lo tanto, una mayor parte de la secuencia genómica humana tiene regiones sinténicas con el perro, es decir grupos de genes que están alineados juntos en un cromosoma, que tienen chance de estar en ligamiento y de transmitirse juntos. Tenemos muchas regiones de genes así con el perro, conservadas juntas evolutivamente. Los perros tienen aproximadamente el mismo número de genes que los humanos (alrededor de 22.500 genes) y con un alto grado de similitud u homología en su secuencia de ADN. Lo que se traduce como una oportunidad para la ciencia en pos de la salud animal y humana. Por décadas, el ratón ha sido un modelo genético de estudio, pero en el estudio de las enfermedades genéticas humanas es hora de valorizar al perro.

El conocimiento de la epidemiología de las enfermedades genéticas en la población canina tiene implicancias tanto para la medicina veterinaria como para la reproducción sostenible en criaderos de perros puros. Los estudios epidemiológicos en caninos han evaluado en gran medida la prevalencia de trastornos considerados complejos, utilizando elementos de diagnóstico basados en registros de historias clínicas o registros de animales asegurados (en el hemisferio norte) para tener datos sobre determinados fenotipos. Estas son dos fuentes



COLEGIO DE MEDICOS VETERINARIOS DE LA PROVINCIA DE MENDOZA

LEY PROVINCIAL Nº 7825 - DECRETO REGLAMENTARIO 1958/11

Derqui 114 - Tel 0261 - 4243250 (5501) Godoy Cruz - Mendoza
E- mail: info@colvetmza.com.ar

Divulgación Científica
Artículo número 5, Agosto, 2022

válidas de información, especialmente para los rasgos complejos, para los que no suele haber pruebas genéticas diagnósticas de laboratorio. Cientos de afecciones caninas comunes que se presentan de forma espontánea son complejas y análogas a las enfermedades humanas, como la diabetes, los cánceres, las epilepsias, las enfermedades oculares y las enfermedades autoinmunes, por no mencionar el elevado número de enfermedades monogénicas raras. Las monogénicas heredables caninas, con la lista actual de variantes genéticas causantes conocidas, están registradas en la base de datos pública Online OMIA.

La mayoría de los genes que subyacen a las enfermedades caninas son ortólogos de los genes de las correspondientes enfermedades raras humanas, es decir no solamente tienen una alta homología entre sí sino que son secuencias originadas en el mismo gen de un ancestro en común.

Cada año nacen en el mundo millones de niños con trastornos del desarrollo pocos frecuentes o raros, pero que producen discapacidades difíciles de remontar, emocional y económicamente. Aunque cada vez se “disecionan”, a nivel molecular, un mayor número de estas afecciones, la caracterización de la fisiopatología subyacente sigue siendo una gran área vacía de conocimiento. Esto se debe a menudo al escaso registro y difusión médica de los pacientes afectados y a la falta de modelos de estudio pertinentes.

Una mejor caracterización y utilización de los modelos caninos podría ser muy útil, no sólo para el desarrollo de nuevas terapias para las enfermedades humanas raras, sino también para una mejor comprensión de la fisiopatología molecular de las condiciones en general.

Animar directamente a los propietarios de mascotas a participar en los ensayos preclínicos podría proporcionar una ruta directa para facilitar la validación de los enfoques de tratamiento humano, al tiempo que se beneficia la salud y el bienestar canino. En nuestro país, todavía no se ha aprovechado todo el potencial preclínico de los modelos caninos.

Dra. Nora Gorla