

HEMEROTECA > 22/01/2008 > SOCIEDAD

Identificadas variantes genéticas que duplican el riesgo de lupus

N. R. C.MADRID. Buscaban un gen y han encontrado cuatro. Un consorcio científico internacional con presencia española, creado para desentrañar la base genética del lupus, ha identificado múltiples

Actualizado 22/01/2008 - 03:23:10

N. R. C.

MADRID. Buscaban un gen y han encontrado cuatro. Un consorcio científico internacional con presencia española, creado para desentrañar la base genética del lupus, ha identificado múltiples variantes genéticas que predisponen a desarrollar esta compleja enfermedad crónica. El lupus eritematoso sistémico, el nombre completo del trastorno, daña el interior y el exterior del cuerpo. Desde las articulaciones a la piel, de los riñones al corazón o de la sangre a los pulmones... Es como si el organismo se volviera loco y se autolesionara.

El manejo de este trastorno es muy complicado. Por eso cualquier pista sobre su origen y desarrollo es bienvenida. Esta vez la buena noticia es genética y ayudará a diagnosticar mejor a los pacientes y a encontrar tratamientos más efectivos. Dos revistas científicas de impacto, «Nature Genetics» y «The New England Journal of Medicine», publican al mismo tiempo cuatro estudios donde se presentan las variantes genéticas que pueden duplicar el riesgo de padecer la enfermedad. El papel de estas variaciones es importante porque tienen la capacidad para alterar la función de la proteína que codifica el gen y contribuir a la aparición de la enfermedad.

Investigadores españoles del Hospital Central de Asturias y del Virgen del Rocío de Sevilla han participado en el proyecto junto a otros grupos de diferentes universidades de Estados Unidos, Suecia y el Reino Unido.

No es la primera vez que se descubre un gen relacionado con el lupus, pero el último hallazgo «subraya que numerosos genes relacionados con la función inmune contribuyen a aumentar el riesgo», explica Carl Langefeld, director del consorcio científico.

El análisis genético de 3.047 mujeres de origen europeo ha conducido a la identificación de variantes genéticas en, al menos, seis regiones del genoma. Esas variantes estaban dentro o cercanas a los genes ITGAM, KIAA1542, PXX1 y a una región del genoma «desierta» que no contiene ningún gen conocido. También se halló una posible asociación con el gen BLK, y otros ya conocidos por su relación con el lupus.

Aplicaciones clínicas

«Aunque las aplicaciones clínicas inmediatas de estos estudios genéticos aún están por definir, nos aporta un mayor conocimiento de las bases genéticas de esta enfermedad que repercutirá en el desarrollo de mejores herramientas diagnósticas y terapéuticas», señaló a EP Javier Martín, del Instituto «López-Neyra» de Granada, uno de los autores.

Ahora el próximo paso es descubrir el mecanismo molecular preciso por el que esos nuevos genes disparan el riesgo de padecer lupus. Los factores genéticos pueden predecir complicaciones específicas o pautas que permitan conocer de antemano la agresividad de la enfermedad. Con esa información se podría tener un diagnóstico más rápido e intervenir precozmente.

En el horizonte terapéutico también se apunta a las células B, como una diana posible. «El trabajo apoya la utilización de nuevas terapias que controlen la activación de células B o que eliminen las que ya se encuentran hiperactivadas», advierte Ana Suárez, del Hospital Central de Asturias, uno de los autores. Para John Harley, miembro del consorcio, «la investigación ha abierto nuevas puertas. Ahora debemos investigar en cada una de ellas». Un editorial en el «New England Journal», reconoce el esfuerzo del consorcio, aunque desliza alguna crítica: «El estudio se ha realizado con población europea, pero la enfermedad es más severa en África, Asia y en América del Sur. Necesitamos confirmar si esos mismos genes afectan a distintas poblaciones», pide la reumatóloga Mary K.Crow.