



CROMATINA ABIERTA

Buscan unificar reguladores del genoma que son activos en células beta

■ L. P. T. Málaga

El equipo de Programación Genómica de Células Beta y Diabetes del Idibaps (Instituto de Investigaciones Biomédicas August Pi i Sunyer) de Barcelona, ha presentado otro estudio del epigenoma de las células beta en el simposio de Genética en el marco del XXII Congreso Nacional de la Sociedad Española de Diabetes, que se ha celebrado en Málaga.

Según ha afirmado Jorge Ferrer, que dirige este equipo de investigadores, el trabajo de investigación hace referencia al intento de unificar elementos reguladores del genoma que son activos en células beta.

En esa línea, la parte del genoma que interviene en la regulación suele estar en el nucleosoma en situación de cromatina abierta.

"La cromatina abierta forma aglomeraciones bien visibles, y si miramos detenidamente el Pdx1 vemos que esos lugares se crean justo donde hay elementos reguladores y, por tanto, donde está la cromatina", ha indicado el experto, quien ha puntualizado que "la cromatina abierta es específica de islotes y no está abierta en otros tipos celulares".

En gran medida, los investigadores del Idibaps han resaltado que los GWAS están actuando en la célula beta, no siempre y no todos, pero muchos de ellos sí. Por tanto, "si queremos entender de qué forma la organización genética impacta en el riesgo de diabetes, la célula beta es un sitio relevante para examinar", ha confirmado el experto.

SNP asociados

De esta forma, "cruzamos nuestros mapas de cromatina abierta con los mapas de SNP asociados a la diabetes y encontramos SNP asociados a la diabetes en lugares de cromatina abierta, concretamente el gen *TCF7L2*. Nuestro objetivo es extender y enriquecer los mapas de genes activos en islotes pancreáticos", ha puntualizado Ferrer.

DIARIO MEDICO.COM

Más informaciones
sobre el XXII
Congreso Nacional de
la Sociedad Española
de Diabetes.