

26/12/2013

Descubren una nueva mutación genética que aumenta el riesgo de desarrollar diabetes tipo II

Directorio



Foto: EUROPA PRESS/SANOFI

MADRID, 26 Dic. (EUROPA PRESS) -

Un equipo de investigadores de México y Estados Unidos ha descubierto una nueva mutación genética que aumenta el riesgo de desarrollar diabetes tipo 2 y que se encuentra en el genoma de un neandertal recientemente secuenciado. Se trata del gen SLC16A11 que, a pesar de que juega un papel importante en la enfermedad, no había sido detectado en estudios anteriores.

Los expertos forman parte del Consorcio SIGMA de la diabetes tipo 2 y han realizado este estudio genético en la población mexicana y americana, publicando sus resultados en la revista 'Nature', recogidos por la plataforma Sinc.

De esta forma, han mostrado que las personas que portan la versión de mayor riesgo del gen tienen un 25 por ciento más de probabilidades de tener diabetes, y las personas que heredan copias de ambos padres son un 50 por ciento más propensas a sufrirla.

Ahora bien, el mayor riesgo se ha encontrado en casi la mitad de la gente con ascendencia indígena, incluyendo los latinoamericanos. Además, la variante se encuentra en alrededor del 20 por ciento de los asiáticos del este y es poco frecuente en las poblaciones de Europa y África.

Como consecuencia de ello, los autores del trabajo han comentado que la frecuencia elevada de este gen de riesgo en los latinoamericanos podría ser responsable de hasta un 20 por ciento de la prevalencia en estas poblaciones de diabetes tipo 2.

"Hasta la fecha, los estudios genéticos han utilizado, en gran medida, muestras de personas de ascendencia europea o asiática, lo que permite que genes causantes puedan alterarse en otras poblaciones", ha explicado el profesor en la Facultad de Medicina de Harvard (Estados Unidos) y uno de los autores, José Florez.

COINCIDENCIA CON EL GENOMA NEANDERTAL

Por otra parte, el equipo llevó a cabo análisis genómicos adicionales, en colaboración con el investigador del Instituto Max Planck de Antropología Evolutiva, Svante Pääbo, y descubrió que la secuencia asociada con el riesgo de diabetes tipo 2 se encuentra en el genoma de los neandertales.

En concreto, los análisis indicaron que la versión de mayor riesgo de SLC16A11 se introdujo en los humanos modernos a través de la mezcla con neandertal. Para los autores, heredar un gen de un neandertal es bastante común ya que aproximadamente entre el 1 por ciento al 2 por ciento de las secuencias presentes en todos los seres humanos fuera de África fueron heredados de los neandertales.

No obstante, los expertos han advertido de que ni las personas con diabetes ni las poblaciones de nativos americanos o de ascendencia latinoamericana tienen un exceso de ADN neandertal en relación con otras poblaciones.

"Hemos descubierto una nueva pista sobre la biología de la diabetes. Ahora tratamos de averiguar qué compuestos son transportados, cómo esto influye en el metabolismo de los triglicéridos, y los pasos que conducen al desarrollo de la diabetes", ha zanjado el coautor principal y profesor de la Escuela de Medicina de Harvard, David Altshuler.