

El Devenir de Chihuahua - Identifican gen SF1 que influye en desarrollo de diabetes tipo 2

Escrito por Redacción

Lunes, 08 de Julio de 2019 12:37



Detectan una variante genética propia de los nativos americanos.

Un estudio internacional, en el que participó la Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM) , detectó una variante genética propia de los nativos americanos, incluidos los mexicanos, que influye en el desarrollo de la diabetes tipo 2, informó este lunes la institución.

El estudio identificó el gen SF11 que, según María Teresa Tusié Luna, del Instituto de Investigaciones Biomédicas de la UNAM , explica cerca del 25 % del riesgo genético para desarrollar la enfermedad.

La especialista explicó que en el estudio se revisó a más de 45 mil personas en el mundo, 20.791 con diabetes tipo 2 y 24.440 sin diagnóstico, pertenecientes a cinco grupos étnicos diferentes.

Cerca del 10 % analizado es originario de México.

La investigadora explicó que el genoma humano es resultado de procesos de selección y cada población pasó por distintos eventos a través de su historia.

Es por ello que los individuos actuales portan variantes genéticas que en algún momento les confirieron alguna ventaja evolutiva.

Detalló que los mestizos-mexicanos tienen un fondo genético europeo y nativo americano. E históricamente, esas poblaciones para sobrevivir acumulaban grasa debido a la carencia de alimentos y a las condiciones climáticas.

Debido a esa estructura genética heredada, es que los mexicanos hoy están predispuestos a distintas enfermedades, pues el estilo de vida actual incluye una dieta altamente calórica y menos ejercicio.

Tusié Luna colabora con el Broad Institute, en Estados Unidos, que encabeza el estudio que ahora continuará con el análisis de proteínas que se ven afectadas por la enfermedad, con la

finalidad de que sean utilizadas en el desarrollo de mejores medicamentos.

La especialista dijo que las investigaciones genéticas para analizar enfermedades como el cáncer o la diabetes dependían hasta ahora del uso de chips especiales, donde se buscaban miles de variantes genéticas.

Sin embargo, se tenía la limitación de que debían ser conocidas o identificadas previamente en otras poblaciones, pero en la actualidad “se puede secuenciar o leer el genoma directamente sin depender de las variables conocidas”.

En la investigación también participo Clicerio González, del Instituto Nacional de Salud Pública, con expedientes de pacientes a los se les dio seguimiento por una década, lo que contribuirá a entender mejor los factores que predisponen a la diabetes.