

MEDICINA FETAL/ Estudio pionero del Clínic-Idibaps publicado por 'Circulation'

Vinculan RA con remodelado cardiovascular fetal y postnatal

- Los niños nacidos por reproducción asistida (RA) tienen cambios en corazón y vasos
- El 50% de casos presenta este factor, modificable, que predispone a patología CV



Las técnicas de reproducción asistida se asocian a cambios estructurales en el corazón y las arterias de los fetos, que perduran en vida postnatal, aunque no se debe tanto a la RA como a una combinación de factores resultante de ese tipo de embarazos.

GM C. OSSORIO
Barcelona

Los fetos concebidos por reproducción asistida (RA) experimentan un remodelado del corazón y las arterias que se inicia ya antes de nacer y persiste de forma postnatal. Así lo ha demostrado por primera vez un estudio liderado desde el Hospital Clínic – Idibaps de Barcelona que ha publicado *Circulation* y que ha merecido un editorial de la revista.

El trabajo es fruto de la colaboración entre los servicios de Medicina Maternofetal y de Ginecología del Hospital Clínic, los servicios de Cardiología de los Hospitales Clínic i Sant Joan de Déu e investigadores de la Universitat Pompeu Fabra, con el impulso de la Obra Social “la Caixa”. Ha estado dirigido por Eduard Gratacós y Juan Balasch, del ICGON y el Centro de Investigación en Medicina Fetal, y sus primeras firmantes son Brenda Valenzuela y Fátima Crispi.

En primer lugar, Gratacós puntualiza que los cambios observados en los fetos y niños en este estudio no se deben a un efecto directo de las técnicas de reproducción asistida (RA), sino a una combinación de factores, seguramente porque se trata de embarazos con mayor riesgo de sufrir pro-

blemas, como el retraso de crecimiento fetal, y porque la misma causa que produjo la infertilidad puede influir después en que el feto presente más problemas.

Análisis de 200 embarazos

Tras dos estudios anteriores que habían sugerido que los niños de 10-12 años que habían nacido mediante técnicas de reproducción asistida presentaban una presión arterial más alta, los investigadores emprendieron el análisis de 100 embarazos por fertilización in vitro y 100 embarazos normales.

Mediante un ambicioso diseño de investigación y un equipo multidisciplinar, utilizando técnicas que permiten evaluar el movimiento y la deformación de corazón y las arterias tanto en vida fetal como en los primeros meses de vida, comprobaron que aproximadamente el 50 por ciento de los casos del grupo de estudio presentaba remodelado cardiovascular, frente al 5 por ciento del grupo control.

En concreto, el seguimiento se produjo desde la vida del feto a mitad de embarazo hasta los seis meses de vida del niño, y se observó que en los casos de RA, después del parto estos cambios persistían, asociándose también a hipertensión y a un aumento del grosor de las arterias.

Los resultados son concluyentes, si bien Gratacós enfatiza que en ningún caso se está hablando de enfermedad, sino de marcadores de riesgo. “Es una situación que predispone, no quiere decir que cuando sean mayores van a ser enfermos, pero están partiendo de una situación que no es la ideal”, matiza el experto.

Predisposición reversible

La buena noticia es que se trata de cambios detectables y reversibles, ya que en los últimos años se ha demostrado que una dieta adecuada que protege el sistema cardiovascular puede revertir muchos de los cambios que se producen por enfermedades intrauterinas.

Además, el grupo de medicina fetal de Barcelona ha desarrollado nuevos métodos basados en ecocardiografía fetal que permiten seleccionar los fetos con mayor riesgo cardiovascular, de forma que no es necesario (ni viable) un screening general a todas las embarazadas por fecundación in vitro.

El problema, como indica Gratacós, es que de momento estos algoritmos desarrollados para detectar el remodelado se ofrece en centros muy seleccionados, y confía en que pueda extenderse su implementación.

GENÉTICA

Un mapa asocia la información del genoma con su actividad funcional



Xavier Estivill, jefe de grupo en el Centro de Regulación Genómica (CRG) en Barcelona, ha liderado la parte española de la investigación.

GM C. O.
Barcelona

Un consorcio europeo acaba de presentar el primer mapa de la variación genética funcional en humanos, el conjunto más grande de datos nunca presentado hasta ahora que enlazan la información del genoma humano (ADN) con la actividad funcional de estos genes a nivel del ARN.

Lo ha realizado un grupo de científicos europeos, liderados por investigadores de la Facultad de Medicina en la Universidad de Ginebra (Unige) en el marco del proyecto Geuadis, que está financiado por el 7º programa marco de la Comisión Europea y coordinado por Xavier Estivill, jefe de grupo en el Centro de Regulación Genómica (CRG) en Barcelona.

Además de este centro catalán, también han participado en el trabajo investigadores de dos instituciones españolas más: el Centro Nacional de Análisis Genómico (CNAG) en Barcelona y la Universidad de Santiago (USC) en Santiago de Compostela.

Publicado en las revistas *Nature* y *Nature Biotechnology*, este estudio de secuenciación de ARN ha sido llevado a cabo por 50 científicos de nueve centros de investigación europeos.

En él se mide la actividad genética (es decir, la expresión de los genes) secuenciando el ARN en células humanas de 462 individuos, de los que ya se habían definido sus secuencias de ADN en el marco del proyecto “los 1.000 genomas”. Por tanto, este trabajo añade una

interpretación funcional al catálogo más importante de genomas humanos.

“Comprender los efectos celulares de las variantes a la predisposición de enfermedades nos ayudará a entender los mecanismos que causan las enfermedades”, señala el investigador Emmanouil Dermizakis, profesor Louis Jeantet en UNIGE y líder del estudio, enfatizando que este trabajo tiene profundas implicaciones para la medicina genómica.

Para la coordinadora del estudio, Tuuli Lappalainen, “es importante que nos hagamos una idea de las leyes generales sobre cómo funciona el genoma humano en vez de fijarnos en genes individuales”.

Enlazar gen y enfermedad

Según valora Estivill, “estos datos permitirán que los científicos de todo el mundo puedan abordar proyectos de investigación que van desde estudiar las funciones concretas de un gen determinado hasta describir complejas relaciones entre genes y los rasgos fisiológicos en los humanos. Esperamos que la publicación facilite el intercambio de datos adicionales y que nos permita progresar rápidamente para enlazar la expresión genética y la enfermedad”.

Como puntualiza el coordinador español del trabajo, el consorcio Geuadis pretende facilitar “la traslación de la genómica a herramientas médicas”, y por ello considera que esta nueva publicación “representa un gran avance hacia ese objetivo”.

