

NOTICIAS

Desvelan cómo el cromosoma que provoca el síndrome de Down altera todo el genoma

ANNA CABEZA / BARCELONA
DÍA 17/04/2014 - 13.23H

Un estudio liderado desde Ginebra y con presencia española confirma que la trisomía 21 está vinculada a otras patologías



ABC

Publicidad



Liquidación Galaxy S4 17€

Experto en compras desvela cómo españoles consiguen gangas usando un sorprendente truco

www.megabargains24.com



¿Te arruinas en viajes?

Viaja un 75% más barato... ¡y en coche! #hazteUnBlaBlaCar
www.BlaBlaCar.es



Comentarios:

Un paso más para entender y descifrar la complejidad del síndrome de Down. Un estudio coordinado por el departamento de Medicina Genética y Desarrollo de la Universidad de Ginebra (Unige), en el que ha participado el Centro de Regulación Genómica (CRG) de Barcelona, arroja luz sobre cómo el cromosoma extra 21, conocido también como trisomía 21, que provoca esta enfermedad, **trastorna el equilibrio de todo el genoma** y puede causar así una amplia variedad de patologías.

Los investigadores de Ginebra estudiaron la **genética de dos gemelos, uno de los cuales desarrolló esta trisomía 21** y el otro no, un caso no muy habitual, y la compararon con otros casos de personas con síndrome o sin. De todo ello, consiguieron confirmar que "hay pruebas que hay otras zonas fuera del cromosoma 21 alteradas" por este cromosoma, un avance que puede ayudar a vincular el síndrome de Down a patologías como el Alzheimer o las enfermedades coronarias.

La investigación muestra por primera vez que la posición del ADN en el núcleo, o las características bioquímicas de las interacciones entre ADN y proteínas en las células con trisomía, se modifican, ocasionando así cambios en los patrones de expresión génica. "El material cromosómico extra modifica la función de todos e interrumpe el equilibrio de la expresión de los genes", detalla el director del proyecto, Stylianos Antonarakis, que compara este **gran cambio a partir de un pequeño elemento** al simple aumento de un grado de la temperatura de todo el planeta, que podría conllevar a muchos cambios en el clima.

El CRG de Barcelona, y otros centros europeos, colaboraron en el proyecto analizando parte de los datos con la **técnica de secuenciación masiva**, una tecnología que permite secuenciar el genoma y leer de manera más concreta, rápida y más económica el genoma humano.

El avance, que ha sido publicado hoy en la revista "Nature", abre más vías para identificar concretamente "**qué genes están alterados**" y ahora "tocará mirarlos con detalle y reducir la lista de genes que no están afectados". "Podremos comparar mejor, porque buscar por todo el genoma no es práctico, no sabes ni por dónde empezar", sentencia. Además, supone un paso más para que en un futuro puedan descifrarse todas las incógnitas acerca esta patología, que afecta a 1 de cada 800 nacimientos y que es la causa genética de discapacidad intelectual más frecuente.
