



Identifican un nuevo biomarcador de la diabetes tipo 2

Lunes, 8 de febrero del 2016 - 12:37 CET

Investigadores del Instituto Hospital del Mar de Investigaciones Médicas (IMIM) han hallado un mecanismo epigenético implicado en la regulación de la glucosa en sangre, un nuevo biomarcador de la diabetes tipo 2 que podría servir para identificar a pacientes con riesgo de desarrollar la enfermedad.

El estudio, publicado en la revista 'Human Molecular Genetics', muestra que la metilación del gen TXNIP está asociada a la Diabetes Mellitus tipo 2, y especialmente a los niveles medios de glucosa sanguínea. Estos resultados podrían servir para identificar pacientes con riesgo de desarrollar diabetes, para controlar la respuesta al tratamiento y para generar posibles tratamientos futuros para esta enfermedad, que es uno de los principales factores de riesgo cardiovascular en la población.

El trabajo ha sido coordinado por Carolina Soriano, investigadora del grupo Neurovascular del IMIM, y por Jordi Jiménez, investigador del mismo grupo y neurólogo del Hospital del Mar, en colaboración con el grupo de investigación en Epidemiología y genética Cardiovascular del IMIM. El objetivo del estudio ha sido determinar la asociación entre la diabetes tipo 2 y la metilación del ADN. La metilación es un proceso epigenético que modifica el ADN alterando la estructura de un gen, pero sin modificar su secuencia básica.

"A diferencia de la genética, en la que todas las células de un mismo organismo comparten el mismo ADN y es inalterable a lo largo de la vida, la epigenética, y en este caso la metilación, que es el mecanismo epigenético mejor estudiado, es dinámica y modulable por nuestro estilo de vida, un mecanismo que puede estar asociado a la modulación del riesgo de diversas patologías como la diabetes", ha explicado Soriano. Los investigadores realizaron un estudio de la metilación en muestras de sangre de 355 pacientes que habían sufrido un ictus empleando una técnica de última generación que permite estudiar más de 450.000 puntos de metilación del genoma.

El estudio comparó el perfil de metilación de pacientes diabéticos y no diabéticos y los niveles de hemoglobina glicosilada, un biomarcador que indica los niveles de glucosa en sangre en los últimos tres meses. "En ambos análisis detectamos que el gen TXNIP tenía un bajo nivel de metilación genómica en los pacientes diabéticos y, en concreto, en aquellos con mal control de sus niveles de glucosa", ha dicho la investigadora. "Además -ha agregado-, un análisis in-silico (simulación por ordenador) reveló que la posición de hipometilación está localizada en una región reguladora del gen, por lo que tendría un efecto en la expresión de este gen".

Posteriormente, los investigadores replicaron el estudio en dos cohortes de poblaciones independientes, de 167 y 645 pacientes respectivamente, que confirmó la relación entre la metilación TXNIP, la diabetes y la disfunción de los niveles de glucosa. "La metilación de este gen podría ser usada como biomarcador precoz de disfunción del control de los niveles de glucosa y ahora estamos trabajando para descubrir la implicación y el papel concreto de este gen en la diabetes y, en un futuro, podría ser una posible diana terapéutica en tratarla o controlar la concentración de glucosa", ha concluido la investigadora.