



IDENTIFICAN NUEVAS VÍAS GENÉTICAS IMPLICADAS EN EL DOLOR CRÓNICO DE LA ARTROSIS

Un equipo internacional compuesto por investigadores españoles y el European Brain Research Institute (EBRI) en Roma identificaron nuevas vías genéticas implicadas en la cronificación del dolor articular que permiten comprenderlo y avanzar en el diseño de fármacos más efectivos.

Este avance forma parte del proyecto europeo PainCa-

ge, una iniciativa financiada por la Unión Europea que busca comprender mejor los mecanismos moleculares del dolor crónico y desarrollar nuevas estrategias terapéuticas más seguras y eficaces.

El deterioro cognitivo es una de las principales causas de discapacidad y dependencia en el envejecimiento y se estima que hasta un 40% de

los casos de demencia podrían prevenirse al modificar factores ambientales, especialmente hábitos de vida como la actividad física y la nutrición.

Sin embargo, aún no se comprende completamente cómo estos factores influyen directamente sobre las funciones cognitivas.

El dolor es una señal esencial para la supervivencia, pe-

ro cuando se mantiene en el tiempo, se convierte en una enfermedad crónica que afecta a una de cada cinco personas en el mundo. La artrosis, una de sus principales causas, genera un tipo de dolor que, con frecuencia, no responde bien a los tratamientos actuales.

El estudio se centró en el papel del factor de crecimiento nervioso (NGF) y su receptor TrkA, una vía de señalización clave en la percepción del dolor. En modelos experimentales de artrosis en ratón, el equi-

po observó cómo esta vía activa genes y rutas celulares específicas que contribuyen al mantenimiento del dolor crónico.

Gracias a técnicas avanzadas de análisis genético y transcriptómico, los investigadores identificaron varios genes cuya expresión está regulada directamente por la señal NGF/TrkA, entre ellos Aak1, Kalrn, ARMS/Kidins220 y Ndfip2. Aunque algunos ya habían sido asociados al dolor en otros contextos, su relación con la artrosis era hasta ahora

prácticamente desconocida.

Estos hallazgos abren la puerta a desarrollar tratamientos que actúen sobre objetivos más específicos, minimizando los efectos adversos que presentan muchos de los medicamentos actuales como los opioides o los antiinflamatorios.

“Comprender qué genes se activan en la artrosis a través de esta vía de señalización nos permite avanzar en el diseño de fármacos más precisos y efectivos”, señalan los autores del estudio. **CS**