



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 PainCage, una iniciativa financiada por la Unión Europea que busca comprender mejor los mecanismos moleculares del do-

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

lor 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 acti-

vidad 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, pero 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 opiáceos 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.

