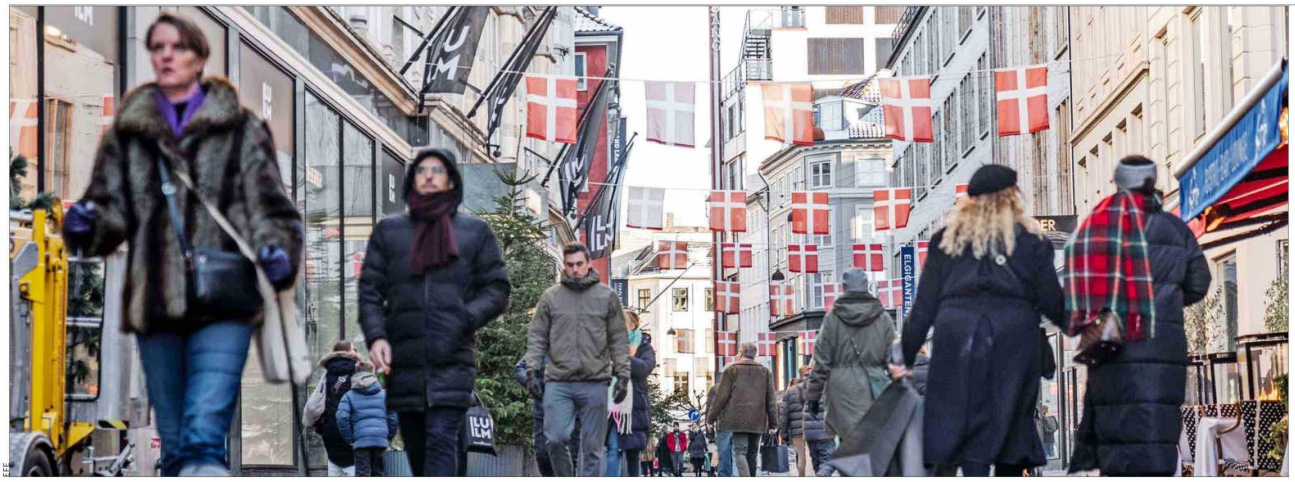
LITORALPRESS

Fecha: 11-01-2024
Medio: El Mercurio
Supl. : El Mercurio - Cuerpo A
Tipo: Noticia general
Título: ADN antiguo revela el origen de enfermedades y allana el camino para nuevos tratamientos

Pág. : 8
Cm2: 725,6
VPE: $ 9.531.489

Tiraje: 126.654
Lectoría: 320.543
Favorabilidad: No Definida



EFE

El norte de Europa tiene la mayor prevalencia de esclerosis múltiple del mundo. Los resultados del estudio lo vinculan con migraciones de hace miles de años y entregan datos del origen biológico de la enfermedad, lo que podría ayudar a hallar nuevas terapias. En la foto, una calle de Copenhague, Dinamarca.

Serie de hallazgos encabezados por la U. de Oxford, Copenhague y California se publicaron ayer en Nature:

ADN antiguo revela el origen de enfermedades y allana el camino para nuevos tratamientos

Investigadores descubrieron cómo los genes que aumentan el riesgo de esclerosis múltiple se traspasaron con las migraciones en Europa hace miles de años. También vieron que el alzhéimer y la diabetes tipo 2 se remontan a los cazadores recolectores.

JANINA MARCANO

A partir del análisis de huesos y dientes de casi cinco mil humanos que vivieron en Europa Occidental y Asia hace 34 mil años, científicos internacionales crearon el banco genético de humanos antiguos más amplio del mundo.

Y con ello descubrieron sorprendentes datos sobre el origen de enfermedades actuales, lo que allana el camino para crear nuevos tratamientos.

Al secuenciar ADN humano antiguo y compararlo con muestras modernas, el equipo internacional de investigadores trazó un mapa de la propagación histórica de genes y enfermedades a lo largo del tiempo a medida que las poblaciones migraban. Los resultados se publicaron ayer en la prestigiosa revista Nature.

En el trabajo participaron más de 170 investigadores de múltiples países, dirigidos por académicos de la Universidad de Cambridge (Reino Unido), la Universidad de Copenhague (Dinamarca) y Universidad de California en Berkeley (EE.UU.).

Entre los hallazgos clave están los orígenes de la esclerosis múltiple. Los científicos descubrieron que el perfil genético moderno que actualmente aumenta en 30% el riesgo de desarrollar patología también estaba presente en huesos y dientes de hace miles de años.

Primero, los investigadores rastrearon la propagación geográfica de la enfermedad desde sus orígenes en la estepa póntica, una región que abarca partes de lo que hoy son Ucrania, el suroeste de Rusia y el oeste de Kazajistán.

El análisis de los datos reveló que una importante migración de individuos del pueblo Yamnaya (pastores de ovejas y ganado) de la estepa póntica hacia el noroeste de Europa fue lo que introdujo genes de riesgo en esa región, dejando un legado de tasas más altas de esclerosis múltiple presente hasta hoy.

Actualmente, la población del norte de Europa es la que tiene la mayor prevalencia de esclerosis múltiple del mundo, lo que hasta ahora había sido un misterio para la comunidad científica.

Los investigadores también determinaron que portar los genes de mayor riesgo de la enfermedad, de hecho, era una ventaja en la antigüedad, ya que esos mismos genes protegían al pueblo Yamnaya de contraer enfermedades infecciosas de sus ovejas y vacas.

El profesor Lars Fugger, coautor del estudio y médico del Hospital John Radcliffe de Oxford, afirmó: "Esto significa que ahora podemos comprender y tratar la esclerosis múltiple tal como es en realidad: el resultado de una alteración genética, una adaptación a ciertas condiciones ambientales que ocurrieron en nuestra prehistoria".

UNIVERSIDAD DE CAMBRIDGE

"Estos resultados cambian nuestra visión de las causas de la esclerosis múltiple y tienen implicaciones en la forma cómo se trata".

ESKE WILLERSLEV
INVESTIGADOR DE LAS UNIVERSIDADES DE CAMBRIDGE Y COPENHAGUE

Por otro lado, la investigación también determinó que los genes que se sabe que actualmente aumentan el riesgo de presentar alzhéimer y diabetes tipo 2 se remontan a la época de los cazadores recolectores.

William Barrie, investigador posdoctoral en la Universidad de Cambridge y coautor del estudio, comentó: "Estos resultados nos sorprendieron a todos. Mostrar cómo los estilos de vida de nuestros antepasados impactaron en el riesgo de enfermedades modernas simplemente resalta hasta qué punto somos receptores de sistemas inmunes antiguos en un mundo moderno".

Especialistas en genética entrevistados coinciden en que los resultados de esta investigación son muy relevantes.

"Esta información nos sirve para crear estrategias terapéuticas y nuevos tratamientos basados en el análisis de ADN", dice Carolina Inostroza, especialista en genómica forense e investigadora de la Universidad de los Andes.

La académica explica: "Si en la antigüedad había cierto código genético y posteriormente cambió, conocer las diferencias nos ayuda a pensar en tratamientos basados en esos cambios, para modificar estructuras defectuosas".

Concuerda Francisco Cubillos, doctor en genética y académico de la Facultad de Química y Biología de la Usach. "Una vez identificados cuáles son los genes responsables de una condición o enfermedad, se pueden identificar también blancos farmacéuticos o blancos de tratamiento, incluso permitiría anteponerse a la enfermedad por distintos mecanismos. Eso es muy relevante".

Consultado sobre si estos datos sobre población europea sirven para encontrar tratamientos que funcionen en pacientes de otras regiones del mundo, como Sudamérica, el profesor Fugger dijo a "El Mercurio": "La respuesta es sí. Sin embargo, esto es parte de un gran debate en la actualidad. Muchos desarrollos de fármacos están basados en hombres de raza blanca. Hay una necesidad urgente de investigar a otras poblaciones, pero estos hallazgos sí son claves para el desarrollo de medicamentos en otras partes del mundo".

El equipo de investigadores internacionales aseguró que ahora planea estudiar otras afecciones neurológicas, incluidas las enfermedades de Parkinson y trastornos psiquiátricos como la esquizofrenia y la depresión.

Según explicaron, de hecho ya han recibido cientos de solicitudes de investigadores de enfermedades de todo el mundo para acceder a los perfiles de ADN antiguos y poder estudiarlos.