

Salud

HACE QUE EL POTASIO SE ACUMULE EN LA SANGRE

Investigadores españoles descubren un nuevo gen implicado en la hipertensión

Directorio

- [Centro Regulación Genómica Barcelona](#)
- [Genes Enfermedad Xavier Estivill](#)
- [Universidad Nantes](#)
- [Nature Genetics](#)



Foto: FLICKR/CAMPDARBY

BARCELONA, 12 Mar. (EUROPA PRESS) -

Investigadores del Centro de Regulación Genómica (CRG) de Barcelona, junto con la Universidad de Nantes y otros centros de investigación franceses, han descubierto un nuevo gen implicado en la hipertensión hereditaria por altos niveles de potasio en sangre.

El trabajo, que publica 'Nature Genetics', revela que la molécula descubierta, KLHL3, es la "responsable" de que el riñón no efectúe bien el intercambio de iones de potasio y la culpable de que la proteína se acumule en la sangre.

En declaraciones a Europa Press, el coordinador del programa Genes y Enfermedad del CRG, Xavier Estivill, ha explicado que para la investigación se exploró inicialmente la totalidad del genoma en sujetos de dos familias con dicha dolencia a través de la secuenciación informática de todas las variables y se observó que compartían mutaciones en el gen KLHL3.

Después de ampliar el estudio a más familias con la misma patología, se confirmó que el gen estaba mutado en la mayoría de los casos, y tras comparar los genomas con los de personas con hipertensión no hereditaria se demostró que las mutaciones son específicas de personas con síndrome de Gordon.

La medicina genómica, ha dicho Estivill, permite hacer investigaciones a ciegas sin hipótesis previas y en este caso el estudio ha permitido identificar nuevas piezas que "no pensaban" que participaban en la función del riñón y el intercambio de iones, culpables de este tipo de hipertensión.

La identificación de las moléculas causantes de una patología a partir de "familias raras de la enfermedad", que afectan a un número reducido de personas, abre vías para un futuro fármaco y para avances en la enfermedad común ya que aporta información sobre la biología de la dolencia.

AVANCE SIGNIFICATIVO

Estivill compara este avance en investigación a partir de familias raras con las mejoras en el tratamiento del Alzheimer que supuso el descubrimiento del gen APP, que afectaba sólo a una parte de los enfermos.

Además, el coste económico es mucho menor, ya que secuenciar el genoma humano costó en su momento 3.000 millones de euros y actualmente analizar el genoma de un solo sujeto supone unos 1.000 euros.

Seguir la pista a estos "experimentos" de la naturaleza supone una gran ventaja y es una área de investigación que debe apoyar y potenciar, ha dicho el investigador del CRG.

© 2012 Europa Press. Está expresamente prohibida la redistribución y la redifusión de todo o parte de los servicios de Europa Press sin su previo y expreso consentimiento.