

Murcia participa en un estudio internacional que ha posibilitado el hallazgo de factores genéticos asociados a la diabetes tipo 2

La doctora Carmen Navarro del Servicio de Epidemiología de la Consejería de Sanidad ha trabajado en este estudio en el que se han cartografiado partes del genoma relacionadas con esta enfermedad

La Región de Murcia ha participado en un estudio internacional que ha reunido a varios centros del consorcio Diabetes Genetics Replication and Meta-analysis ('Diagram'), que han desarrollado científicos de 14 países que llevan a cabo una treintena de proyectos de investigación en Europa y Norteamérica, y que ha permitido hallar nuevos mecanismos causales de la diabetes tipo 2 relacionados con las asociaciones genéticas.

Estos hallazgos han sido posibles tras un cartografiado de las distintas partes del genoma y de las relaciones que se establecen entre ellas. En concreto, se han cartografiado 39 variantes genéticas asociadas a la diabetes tipo 2.

La doctora Carmen Navarro, jefa del Servicio de Epidemiología de la Dirección General de Salud Pública y Adicciones de la Consejería de Sanidad, ha trabajado en esta investigación con profesionales de otros centros españoles del Centro de Investigación Biomédica en Red de Epidemiología y Salud Pública (CIBERESP) que forman parte del estudio EPIC (European Prospective Investigation into Cancer and Nutrition).

Tras analizar a 27.206 personas afectadas de diabetes tipo 2 y 57.574 controles, todos con ancestros europeos, se ha comprobado que las múltiples asociaciones entre regiones genómicas distintas es un fenómeno común a todos ellos.

El objetivo de esta investigación, publicada en la revista 'Nature Genetics', es contribuir a la comprensión de la compleja arquitectura genética de las variantes susceptibles a la diabetes tipo 2, localizar su localización y describir aquellos factores que puedan incrementar el riesgo de padecerla.

Novedades

Este estudio supone un avance respecto a otros previos, que se limitaban a documentar asociaciones epidemiológicas entre las variantes genéticas comunes en la población y el riesgo de sufrir determinadas enfermedades como el cáncer, las patologías cardiovasculares o la diabetes.

Así, mediante la superposición de información genética y funcional disponible, los investigadores han dado un paso al frente para intentar descubrir los mecanismos por los que actúan algunas de las variantes analizadas.

Con este trabajo se demuestra la utilidad del cartografiado genético, en el que se combina información genética y genómica, para comprender la fisiopatología de las enfermedades humanas complejas y se ofrecen nuevas vías para que la secuenciación del genoma tenga utilidad clínica y preventiva.

La doctora Navarro también es profesora de la Universidad de Murcia e investigadora del Instituto Murciano de Investigación Biosanitaria (IMIB) y del CIBERESP, dependiente del Instituto de Salud Carlos III.

Datos de contacto:

Nota de prensa publicada en:

Categorías: [Internacional](#) [Medicina Murcia](#) [Otras ciencias](#)

NotasdePrensa

<https://www.notasdeprensa.es>