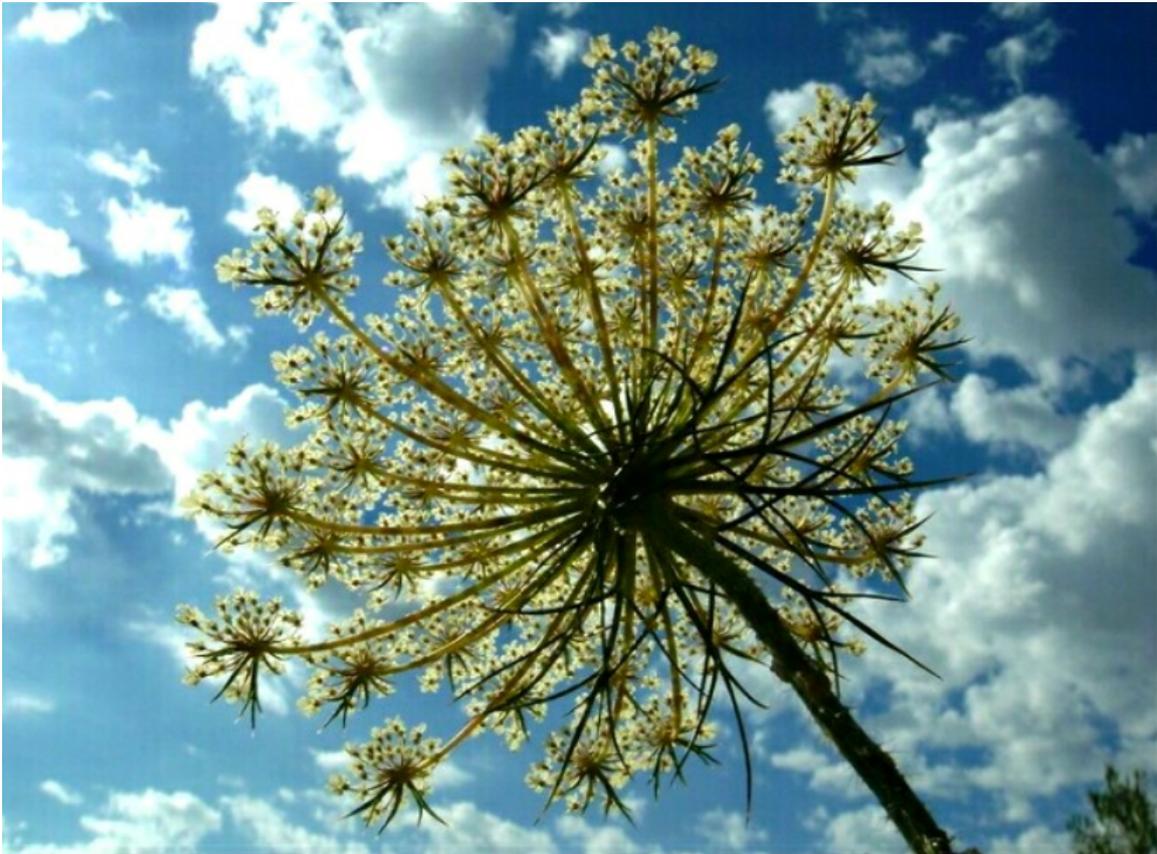


La imagen comentada



Foeniculum vulgare. Crédito de la imagen: Elena Rivera González (manisoplo@hotmail.com).

VARIANTES GENÉTICAS Y SU ASOCIACIÓN CON LA RINITIS ALERGIA

La rinitis alérgica estacional afecta aproximadamente al 25 % de la población mundial^[1]. Esta patología es más común en la primavera, coincidiendo con la floración de numerosas especies vegetales, aunque también suele ocurrir en los meses de verano, finales de septiembre y octubre. Los pacientes presentan síntomas comunes, siendo los más frecuentes la congestión nasal, estornudos, tos y conjuntivitis alérgica.

Esta patología es provocada por múltiples factores, tanto genéticos como ambientales. La susceptibilidad a padecer rinitis alérgica¹ se ha asociado a los genes *IL13* y *FOXJ1*^[2]. El gen *IL13* se localiza en el brazo largo del cromosoma 5 (5q31)^[3]. Da lugar a la interleuquina 13, una citoquina pleiotrópica (afecta a la actividad de múltiples tipos celulares) producida por los linfocitos T_H2 y otras células del sistema inmune, incluyendo mastocitos y basófilos. Ciertas variantes de *IL13* también han sido asociadas a la susceptibilidad de padecer asma^[4]. Por su parte, el gen *FOXJ1* está presente en el brazo largo del cromosoma 17 (17q25) y da lugar al factor de transcripción *forkhead* J1, perteneciente a

una familia de proteínas encargadas del desarrollo de cilios, fundamentales para el correcto intercambio de moléculas y organización celular^[4].

Sin embargo, cabe destacar que múltiples procesos alérgicos no solo se han asociado a regiones codificantes sino también a elementos reguladores del genoma, incluyendo potenciadores, silenciadores, sitios de metilación y moléculas ARN no codificante, entre otros^[5,6]. Recientes estudios han demostrado cambios en los niveles expresión de ciertos ARN largos no codificantes (long noncoding RNAs) afectan a la correcta regulación de los genes *CXCL12* y *CXCR4*, los cuales dan lugar a quimiocinas implicadas en los procesos inflamatorios asociados con la rinitis alérgica^[6]. La investigación de variantes genéticas asociadas a enfermedades alérgicas en regiones no codificantes del genoma está ayudando a la interpretación de las posibles causas que dan lugar a las mismas, con el fin de mejorar los tratamientos para evitar sus molestas consecuencias^[7].

¹Información obtenida a partir de la base de datos OMIM: <https://www.omim.org/entry/607154>

Referencias

- [1] De-Yun W. Risk factors of allergic rhinitis: genetic or environmental?. *Ther Clin Risk Manag* 1(2), 115–123, 2005.
- [2] Dávila I y otros. Genetic aspects of allergic rhinitis. *J Investig Allergol Clin Immunol* 19 Suppl 1:25-31, 2009.
- [3] Nair P, O'Byrne PM. The interleukin-13 paradox in asthma: effective biology, ineffective biologicals. *European Respiratory Journal* 53: 1802250, 2019.
- [4] Peng Y y otros. Aberrant localization of FOXP1 correlates with the disease severity and comorbidities in patients with nasal polyps. *Allergy, Asthma & Clinical Immunology* volume 14:71, 2018.
- [5] Rojano E y otros. Characterisation of non-coding genetic variation in histamine receptors using AnNCR-SNP. *Amino Acids* 48(10):2433-42, 2016.
- [6] Wei X y otros. Genome-wide analysis of long noncoding RNA expression profile in nasal mucosa with allergic rhinitis. *BMC Medical Genomics* 14:100, 2021.
- [7] Potaczek D y otros. Epigenetics and allergy: from basic mechanisms to clinical applications. *Epigenomics* 9:4, 2017.

Elena Rojano Rivera
elenarojano@uma.es