

La válvula aórtica bicúspide: un estudio embrionario y genético en el hámster sirio

Soto-Navarrete MT, Peterse C, López-Unzu MA, Lorenzale M

Departamento de Biología Animal, Facultad de Ciencias, Universidad de Málaga

La válvula aórtica bicúspide (VAB) es la enfermedad cardíaca más frecuente en el hombre. Consiste en una reducción anatómica del número de elementos que componen una válvula normal (tricúspide). La válvula se sitúa en el límite aorta-ventrículo e impide el retroceso de la sangre al corazón. Esta malformación altera el funcionamiento valvular y tiene su origen en el desarrollo embrionario. Parece deberse a una extra-fusión de los cojines endocárdicos durante la tabicación del tracto de salida. A día de hoy se desconoce el mecanismo de fusión de dichos cojines, y por ello nuestro grupo plantea dos hipótesis: que una vez contactan los cojines se desencadena un proceso de muerte celular programada (apoptosis) de las células que los tapizan (endocardio) o que, tras el contacto, estas mismas células se transforman en otro tipo celular (transición epitelio-mesénquima, TEM).

La VAB suele asociarse a patologías como la dilatación aórtica. Esta relación es por un lado física, como consecuencia de la alteración de la dirección del flujo sanguíneo, y por otro genética, debido a la aparición de alteraciones a nivel estructural en la pared de la aorta de pacientes con VAB.

La Universidad de Málaga cuenta con el único modelo animal espontáneo de VAB, una cepa isogénica de hámster sirio con una elevada incidencia de VAB asociada a alteraciones en la pared aórtica. Esta cepa se utilizará en este estudio para cumplir con los siguientes objetivos: 1) dilucidar el mecanismo de fusión de los cojines endocárdicos para poder explicar el origen de la VAB, y 2) estudiar los genes implicados en la asociación VAB-dilatación con el fin de desarrollar un test genético para pacientes en riesgo.

Para cumplir con ambos objetivos se están llevando a cabo técnicas celulares y moleculares que abarcan inmunohistoquímica, cultivo *ex vivo* de embriones, TUNEL, Western Blot, PCR/RTqPCR y secuenciación (proteica y génica).