

INTRODUCCIÓN A LA GENÉTICA MÉDICA

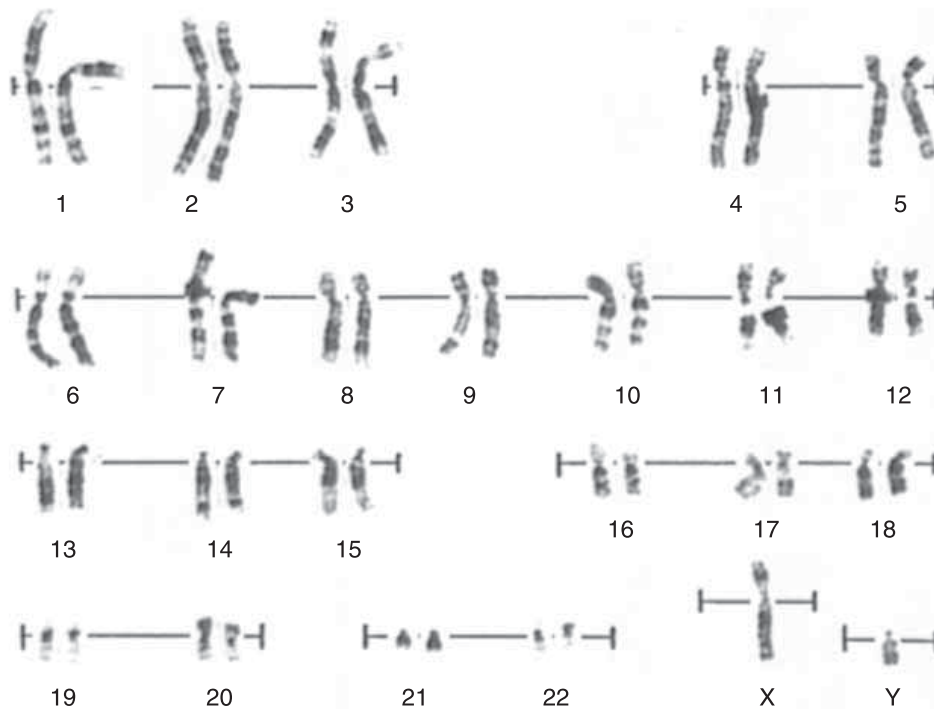
En alguna época los médicos se ocupaban sólo de lo que encontraban en la valoración clínica y los estudios de laboratorio. En el lenguaje de la genética, los signos y síntomas del paciente constituyen su **fenotipo**. Ahora ya se cuenta con los medios para definir el **genotipo** de una persona, es decir, el contenido de información real inscrito en los dos metros de DNA enrollados en cada célula del cuerpo, o la mitad de esa cantidad en cada óvulo o espermatozoide maduro. La mayor parte de las características fenotípicas, que incluyen las enfermedades y rasgos humanos (como personalidad, talla adulta e inteligencia), dependen en cierta medida de los genes. La importancia de la contribución genética varía en gran proporción entre los fenotipos humanos, y hasta ahora sólo se han desarrollado métodos para identificar los genes causales de los rasgos complejos y las enfermedades más frecuentes. Además, no puede soslayarse la importancia de las interacciones entre el ambiente y el genotipo para producir fenotipos, a pesar de la falta de conocimiento de los mecanismos reales.

Los miles de millones de nucleótidos que se hallan en el núcleo de una célula están organizados en forma lineal a lo largo de la doble hélice del DNA, en unidades funcionales llamadas **genes**. Cada uno de los 20 000 a 25 000 genes se acompaña de varios elementos reguladores que controlan el momento de activación para producir **RNA mensajero (mRNA)** mediante un proceso llamado **transcripción**. En casi todas las situaciones, el mRNA se transporta del núcleo al citoplasma, donde su información genética se **traduce** en **proteínas**, las cuales realizan funciones que al final determinan el fenotipo. Por ejemplo, las proteínas actúan como enzimas que facilitan el metabolismo y la síntesis celular, como elementos de unión del DNA que regulan la transcripción de otros genes, como unidades estructurales de las células y la matriz extracelular, y como moléculas receptoras para las comunicaciones intracelular e intercelular. El DNA también codifica moléculas que cumplen funciones aún por definir, lo cual incluye regular la transcripción de genes e interferir con la capacidad de traslación de algunos mRNA.

Los **cromosomas** son los vehículos en que se transportan los genes de una generación a otra. Cada cromosoma es un complejo de proteínas y ácido nucleico en que una doble hélice continua de DNA se enrolla varias veces en un espacio de magnitud muy inferior al que ocupa el DNA extendido. Dentro del cromosoma tienen lugar procesos integrados muy complejos, incluidas la replicación del DNA, la recombinación y la transcripción. En el núcleo de cada célula somática los seres humanos normales tienen 46 cromosomas dispuestos en 23 pares. Uno de estos pares, el de los **cromosomas sexuales** X y Y, determina el sexo del individuo; las mujeres tienen el par XX y los varones el XY. Los 22 pares restantes se llaman **autosomas** (fig. 44–1). Además de estos cromosomas nucleares, cada mitocondria (de las cuales hay cantidades variables en el citoplasma de todas las células) posee múltiples copias de un pequeño cromosoma. Este **cromosoma mitocondrial** codifica unas cuantas de las proteínas para el metabolismo oxidativo y todos los RNA de transferencia que se utilizan en la traducción de proteínas dentro de este organelo. Los cromosomas mitocondriales se heredan casi por completo del citoplasma del óvulo fecundado, por lo que son de origen materno.

En todas las células somáticas, los 44 autosomas y uno de los cromosomas X se mantienen activos para la transcripción. En los varones, el cromosoma X activo es el único que existe; algunas porciones del cromosoma Y también están activas. En las mujeres, el requerimiento de la **compensación de dosis** (para equiparar la situación a la de los varones) se satisface con la desactivación de la mayor parte de un cromosoma X en una etapa temprana de la embriogénesis. Aunque no se conoce del todo este proceso

FIGURA 44-1



Cariotipo normal de un varón. Preparado a partir de células amnióticas cultivadas y teñidas con técnica de Giemsa. Se detectan cerca de 400 bandas en cada conjunto haploide de cromosomas.

de desactivación cromosómica, se sabe que es aleatorio, por lo que, en promedio, un cromosoma X está activo en 50% de las células de la mujer, y en el 50% restante está activo el miembro **homólogo** del par. El fenotipo de la célula depende de los genes de cromosomas activos en la producción de mRNA en un momento determinado.

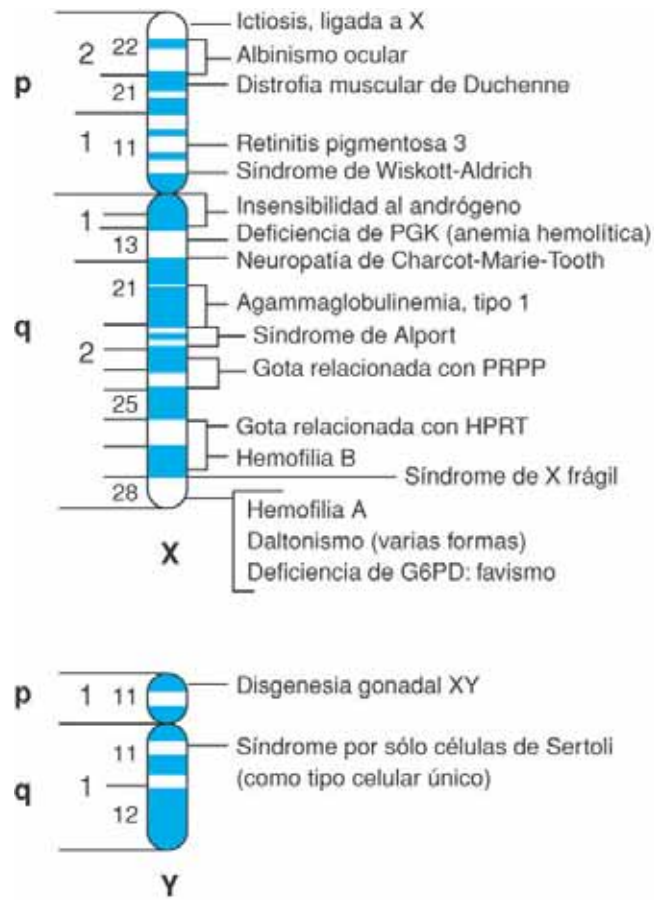
GENES Y CROMOSOMAS

En todos los genes, la información está contenida en fragmentos llamados **exones**, que se encuentran intercalados con segmentos de DNA denominados **intrones**, los cuales no codifican información sobre secuencias proteínicas. Sin embargo, los intrones pueden contener secuencias reguladoras genéticas y algunos son tan grandes que codifican un gen del todo distinto.

La localización exacta del gen en un cromosoma es su **locus** y la disposición de los loci constituye el **mapa genético humano**. En la actualidad se conocen los sitios cromosómicos de más de 11 000 genes (para los cuales se ha identificado ya una función normal o anormal), a menudo con alto grado de resolución. En la figura 44-2 se muestra una variación de este mapa que identifica algunos loci conocidos por su participación en enfermedades humanas. Con técnicas moleculares (como el análisis de vínculo) se alcanza una resolución sustancialmente mayor en el ordenamiento de los genes que con técnicas citogenéticas (como la visualización de pequeños defectos), aunque la brecha se estrecha cada vez más. Los cromosomas del cariotipo "estándar" de la figura 44-1 tienen cerca de 450 bandas visibles; en las mejores condiciones citológicas y microscópicas puede observarse un total aproximado de 1 600 bandas. No obstante, incluso en esta configuración extendida, cada banda contiene docenas, en ocasiones cientos de genes individuales. Por lo tanto, la pérdida (**deleción**) de una pequeña banda afecta a muchas secuencias de codificación y tiene efectos diversos en el fenotipo.

El número y disposición de los genes en los cromosomas homólogos son idénticos, aunque es factible que no lo sean las secuencias de codificación reales ni el número de copias de esos genes. Las copias homólogas de un gen se llaman **alelos**. Cuando se comparan los alelos, debe especificarse en qué nivel de análisis se efectúa dicha comparación. Cuando los alelos son en verdad idénticos (es decir, que sus

FIGURA 44-2



“Mapa patológico” parcial del genoma humano. Junto al ideograma de los cromosomas humanos X y Y se encuentran los trastornos mendelianos secundarios a mutaciones en ese locus. Se han rastreado más de 460 fenotipos del cromosoma X y ocho del Y. (Cortesía de V. McKusick y J. Strayer.)

secuencias de codificación y número de copias no varían) el individuo es **homocigoto** en ese locus. En un plano más general, los alelos pueden poseer función idéntica, a pesar de las sutiles variaciones en la secuencia de nucleótidos; el resultado es que las proteínas producidas a partir de los dos alelos son idénticas o que, cualesquiera que sean las diferencias en la secuencia de aminoácidos, no tienen efecto en la función de la proteína. Si el individuo se analiza en relación con el fenotipo proteínico, un término adecuado para describirlo sería homocigocidad alélica. Sin embargo, si el análisis se realizara respecto del DNA, como ocurre en el estudio con enzima de restricción o la secuencia de nucleótidos, los alelos se considerarían diferentes pese a la identidad funcional y el sujeto sería **heterocigoto** para ese locus. La heterocigocidad basada en las diferencias de los productos proteínicos de los alelos puede reconocerse desde hace decenios y fue la primera evidencia sólida del alto grado de variabilidad biológica humana. En los últimos 10 años, el análisis de las secuencias de DNA mostró que esta variabilidad es mucho más común (las diferencias en la secuencia de nucleótidos entre los individuos ocurren aproximadamente una vez cada 1 200 nucleótidos). Como resultado de la selección evolutiva en oposición a cambios de secuencia nocivos, la variación del DNA en regiones de codificación ocurre una vez cada 2 000 nucleótidos, y menos de la mitad de esos cambios producen modificaciones en el aminoácido. Sin embargo, el nivel de variaciones secuenciales en seres humanos (sin importar su origen étnico) es mucho menos común (tres a 10 veces) que en nuestros ancestros primates.

Cohen J. Genomics: DNA duplications and deletions help determine health. *Science*. 2007 Sep 7;317(5843):1315-9. [PMID: 17823326]

Guttmacher AE et al. Realizing the promise of genomics in biomedical research. *JAMA*. 2005 Sep 21;294(11):1399-402. [PMID: 16174701]

International Human Genome Sequencing Consortium: Finishing the euchromatic sequence of the human genome. *Nature*. 2004 Oct 21; 431(7011):931–45. [PMID: 15496913]

Nussbaum RL et al. *Thompson & Thompson Genetics in Medicine*, 7th ed. Elsevier 2007.

Rimoin DL et al (editors). *Emery and Rimoin's Principles and Practice of Medical Genetics*, 5th ed. Churchill Livingstone, 2007.

MUTACIÓN

Por lo general, la heterocigocidad alélica se produce cuando se heredan diferentes alelos del óvulo y el espermatozoide, pero también puede ser efecto de la alteración espontánea de la secuencia de nucleótidos (**mutación**). El cambio genético que ocurre durante la formación de un óvulo o un espermatozoide se conoce como **mutación germinal**; cuando el cambio se presenta después de la concepción (desde las etapas más tempranas de la embriogénesis hasta la división de las células en el adulto mayor) se denomina **mutación somática**. Como se explica más adelante, se reconoce cada vez más el papel de la mutación somática en el origen de la enfermedad humana.

El tipo más ordinario de mutación es la alteración del número o estructura física de los cromosomas. Por ejemplo, la **falta de disyunción** (ausencia de separación de los pares de cromosomas) durante la **meiosis** (división reductiva que conduce a la formación de óvulos y espermatozoides maduros) hace que el embrión tenga demasiados o muy pocos cromosomas, lo que se conoce como **aneuploidía**. La redistribución de los brazos de los cromosomas, como la observada en la **translocación** o **inversión**, es una mutación, aun cuando la rotura y reunión no interrumpen ninguna secuencia codificadora. Por consiguiente, el efecto fenotípico de las mutaciones cromosómicas de mayor importancia varía desde el profundo (como en la aneuploidía) hasta el nulo.

Un poco menos notorias, pero aún detectables por sus características citológicas, son las **deleciones** de partes de algunos cromosomas. Estas mutaciones casi siempre alteran el fenotipo, porque se pierde cierta cantidad de genes; empero, una deleción puede afectar sólo a un nucleótido, en tanto que deben perderse uno a dos millones de nucleótidos (una a dos megabases) antes de que sea posible visualizar el defecto con los métodos citogenéticos más sensibles sin hibridación *in situ*. Se requieren técnicas de biología molecular para reconocer las pérdidas más pequeñas.

Las mutaciones en uno o algunos nucleótidos de los exones tienen varias consecuencias potenciales. Los cambios en un nucleótido pueden modificar el aminoácido que codifica: si el aminoácido se halla en una región fundamental de la proteína, la función podría alterarse de manera notable (p. ej., drepanocitosis). Por otro lado, algunas sustituciones de aminoácidos carecen de efecto detectable en la función, de modo que la mutación no cambia el fenotipo. De igual manera, como el código genético está **degenerado** (dos o más secuencias distintas de tres nucleótidos llamadas **codones** codifican el mismo aminoácido), la sustitución de nucleótidos no siempre altera la secuencia de aminoácidos en la proteína. Hay tres codones específicos que señalan la terminación de la traducción; por lo tanto, la sustitución de nucleótido en un exón que genere uno de los codones de detención produce una proteína truncada, casi siempre disfuncional. Otras sustituciones de nucleótidos interrumpen las señales que dirigen el corte y empalme de la molécula de mRNA, y causan grandes modificaciones en el producto proteínico. Por último, las inserciones y deleciones de uno o más nucleótidos pueden tener efectos drásticos (cualquier cambio que no sea múltiplo de tres nucleótidos modifica el marco de lectura del resto del exón) o mínimos (si la proteína puede tolerar la inserción o pérdida de un aminoácido).

Las mutaciones en los intrones pueden interrumpir las señales de corte y empalme del mRNA o ser del todo imperceptibles en el fenotipo. Hay gran variación en las secuencias de nucleótidos de los intrones entre un individuo y otro (en promedio, una diferencia cada pocos cientos de nucleótidos). Las mutaciones en el DNA entre genes adyacentes también pueden pasar inadvertidas o ejercer efectos profundos en el fenotipo si se interrumpen las secuencias reguladoras. Se ha descubierto un mecanismo nuevo de mutación que también ayuda a explicar la variación clínica entre familiares; se observa en trastornos como la distrofia miotónica, enfermedad de Huntington, síndrome de X frágil con retraso mental, ataxia de Friedreich y otros padecimientos. En algunas familias hay una región inestable de secuencias de trinucleótidos repetidas cerca o dentro de un gen; el aumento del número de unidades repetidas dentro de este segmento, más allá de un límite crítico, se relaciona con un fenotipo de mayor gravedad, el fenómeno conocido como **anticipación**.

Las mutaciones pueden ser espontáneas o inducidas por factores ambientales como radiación, medicamentos o infecciones víricas. Tanto la edad materna como la paterna favorecen la mutación, pero

de distinto tipo. En mujeres, la meiosis se completa sólo después de la ovulación y la falta de disyunción cromosómica se hace más frecuente a medida que el óvulo envejece. El riesgo de que éste sea aneuploide se incrementa en forma exponencial y se convierte en un problema clínico importante en mujeres que rebasan la primera mitad del cuarto decenio de vida. En varones hay mutaciones más sutiles que afectan las secuencias de nucleótidos y aumentan con la edad. Los hijos de varones mayores de 40 años tienen mayor riesgo de presentar trastornos mendelianos, sobre todo de tipo autosómico dominante.

Antonarakis SE. Mutations in human disease: Nature and consequences. In: *Emery and Rimoin's Principles and Practice of Medical Genetics*, 5th ed. Rimoin DL et al (editors). Churchill Livingstone, 2007.

Barsh G. Genetic disease. In: *Pathophysiology of Disease: An Introduction to Clinical Medicine*, 5th ed. McPhee SJ et al (editors). McGraw-Hill, 2005.

Pearson CE et al. Repeat instability: mechanisms of dynamic mutations. *Nat Rev Genet*. 2005 Oct;6(10):729-42. [PMID: 16205713]

GENES EN INDIVIDUOS

Es difícil distinguir las contribuciones de los genes individuales a ciertos rasgos cuantitativos (como la talla adulta o la concentración sérica de glucosa en sujetos normales); esto se debe a que, en general, los fenotipos son producto de la acción de múltiples genes. Sin embargo, si uno de los genes del sistema está alterado, puede causar desviación notoria del fenotipo "normal" o esperado. La gravedad del fenotipo anormal (p. ej., aparición de una enfermedad) o incluso su identificación dependen del producto del gen afectado y la resistencia del sistema a dicha alteración. Esto último subraya la importancia de la homeostasis, tanto fisiológica como del desarrollo: muchas mutaciones no se reconocen porque el sistema puede enfrentarlas, aunque puede reducirse la tolerancia a las perturbaciones adicionales.

En otras palabras, casi todas las características humanas y las enfermedades comunes son **poligénicas**, en tanto que muchos de los fenotipos alterados que se consideran "genéticos" son **monogénicos**, pero aun así influidos por otros loci del genoma del individuo.

Los fenotipos consecutivos a alteraciones en un solo gen también se conocen como **mendelianos**, en honor al monje y biólogo que estudió la reproducibilidad y recurrencia de la variación en guisantes. Gregor Mendel mostró que algunos rasgos eran **dominantes** respecto de otros, a los que llamó **recesivos**. Los rasgos dominantes sólo requerían la expresión de una copia de algún "factor", sin importar cuál de las copias fuera; en cambio, los rasgos recesivos necesitaban dos copias para expresarse. En términos modernos, los factores mendelianos son genes y las copias alternativas del gen son los alelos. En el caso de que A sea el alelo frecuente (normal) y a un alelo mutante en un locus determinado, si el fenotipo es el mismo, al margen de que el genotipo sea A/a o a/a , el fenotipo es dominante; en cambio, si el fenotipo se presenta sólo cuando el genotipo es a/a , es recesivo.

En medicina es importante tener en mente dos cuestiones: primero, la dominancia y la recesividad son atributos del fenotipo, no del gen; segundo, los conceptos de dominancia y recesividad dependen de la forma en que se define el fenotipo. Para ilustrar ambos puntos, considérese la drepanocitosis. Este trastorno se presenta cuando la persona hereda dos alelos para la globina β^S , en la que el glutamato normal de la posición 6 de la proteína es sustituido por valina. El genotipo del locus para globina β es HbS/HbS , en comparación con el normal HbA/HbA . Cuando el genotipo es HbS/HbA , el individuo no tiene drepanocitosis, por lo que este trastorno satisface los criterios de un fenotipo recesivo. Considérese ahora el fenotipo de los eritrocitos drepanocíticos. Los eritrocitos con el genotipo HbS/HbS poseen una deformación evidente, pero si la tensión de oxígeno se reduce, lo mismo sucede con los eritrocitos del genotipo HbS/HbA . En consecuencia, la transformación drepanocítica es un rasgo dominante.

Un fenotipo mendeliano se distingue no sólo por la dominancia y recesividad, sino también por la localización del gen determinante, ya sea que se encuentre en el cromosoma X o en uno de los 22 pares de autosomas. Por consiguiente, los rasgos o enfermedades se denominan autosómicos dominantes, autosómicos recesivos, ligados a X recesivos y ligados a X dominantes.

Cook J et al. Mendelian inheritance. In: *Emery and Rimoin's Principles and Practice of Medical Genetics*, 5th ed. Rimoin DL et al (editors). Churchill Livingstone, 2007.

GENES EN FAMILIAS

Desde el primer decenio del siglo XX, los patrones de recurrencia de los fenotipos humanos específicos se explican en los términos que describió Mendel en la planta de guisantes. El segundo principio de Mendel (casi siempre referido como el primero)* se llama **ley de segregación** y señala que un par de factores (alelos) que determina algún rasgo se separa (segrega) durante la formación de los gametos. En términos sencillos, una persona heterocigótica (A/a) produce dos tipos de gametos respecto de este locus: uno que contiene sólo A y otro que posee únicamente a , en proporciones iguales. Los descendientes de esta persona tendrán una probabilidad de 50:50 de heredar el alelo A y una probabilidad similar de heredar el alelo a .

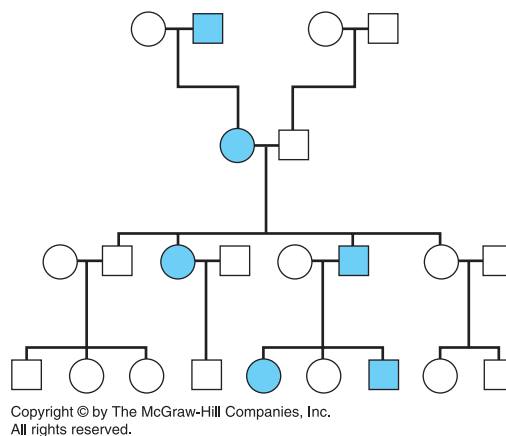
Los conceptos de los genes en individuos y familias pueden combinarse para precisar la forma en que se heredan los rasgos mendelianos.

Herencia autosómica dominante

Las características de la herencia autosómica dominante en los seres humanos pueden resumirse de la siguiente manera: 1) hay un patrón vertical en el árbol genealógico, con afectación de múltiples generaciones (fig. 44–3); 2) los heterocigotos para el alelo mutante tienen un fenotipo anormal; 3) los varones y mujeres están afectados con la misma frecuencia y gravedad; 4) sólo uno de los padres debe estar afectado para que un descendiente tenga riesgo de presentar el fenotipo; 5) cuando una persona afectada forma pareja con una sin el defecto, cada hijo tiene una probabilidad de 50% de heredar el fenotipo anormal, lo cual es válido sin importar el sexo del paciente afectado (en particular hay transmisión de varón a varón); 6) la frecuencia de casos esporádicos tiene relación positiva con la gravedad del fenotipo (para ser más exactos, cuanto mejor sea la **condición reproductiva** de las personas afectadas, menos probable es que cualquier caso determinado se deba a una mutación nueva), y 7) el promedio de edad de los padres (varones) es alto entre los casos aislados (esporádico o por mutación nueva).

*La primera ley de Mendel señalaba que, desde la perspectiva del fenotipo, no importaba de qué progenitor se heredara un alelo mutante particular. Durante años se pensó que este principio era demasiado obvio para considerarse como "ley", de modo que se ignoró. Sin embargo, en realidad la evidencia reciente de estudios de trastornos humanos sugiere que ciertos genes se "procesan" (improntan) cuando pasan por la gónada y que el procesamiento en el testículo es diferente del que ocurre en el ovario. En consecuencia, el primer principio mendeliano no sólo es importante, sino que es incorrecto tal y como se formuló de manera original, a partir de las observaciones en los guisantes.

FIGURA 44–3



Árbol genealógico que ilustra la herencia autosómica dominante. Los cuadrados se refieren a los varones y los círculos a las mujeres; los símbolos vacíos señalan que la persona no presenta el rasgo fenotípico y los símbolos llenos que el fenotipo está presente en cierto grado.

Los fenotipos autosómicos dominantes dependen a menudo de la edad, son menos graves que los autosómicos recesivos y se vinculan con malformaciones u otras manifestaciones físicas. Son **pleiotrópicos**, ya que múltiples signos clínicos que parecen no tener relación derivan de la misma mutación, y son **variables**, porque la expresión de la misma mutación difiere de una persona a otra.

La **penetrancia** es un concepto relacionado con alteraciones mendelianas, sobre todo dominantes, y con frecuencia se utiliza de manera equivocada. Debe definirse como una expresión de la frecuencia de aparición de un fenotipo (dominante o recesivo) cuando hay uno o más alelos mutantes. Para los individuos, la penetrancia es un fenómeno de todo o nada: el fenotipo está presente (penetrante) o no (no penetrante). Debe usarse el término **variabilidad** (no "penetrancia incompleta") para designar las diferencias en la expresión de un alelo.

La causa más común de no penetrancia aparente es la insensibilidad de los métodos para detectar el fenotipo. Si un sujeto de apariencia normal con un hijo que tiene un trastorno dominante es en realidad heterocigoto para la mutación, tiene probabilidad de 50% de tener otro hijo afectado en cada concepción subsiguiente. Una causa frecuente de la no penetrancia en enfermedades mendelianas de inicio en el adulto es la muerte de la persona afectada antes de que se torne evidente el fenotipo, pero después de la transmisión del alelo mutante al descendiente. Por lo tanto, la asesoría genética exacta exige mucha atención a los antecedentes médicos de la familia y un escrutinio minucioso de ambos padres en sujetos con un trastorno conocido como rasgo mendeliano dominante.

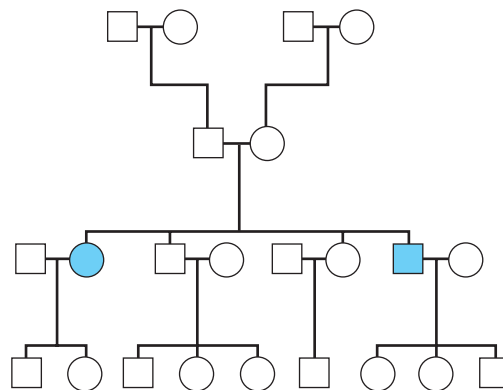
Cuando se expresan ambos alelos en un heterocigoto (como en el grupo sanguíneo AB), el rasgo de eritrocitos drepanocíticos (HbS/HbA), los antígenos principales de histocompatibilidad (p. ej., A2B5/A3B17) o la drepanocitosis (HbS/HbC), el fenotipo se llama **codominante**.

En los fenotipos dominantes humanos, el alelo mutante de los homocigotos casi siempre es más grave que el de los heterocigotos.

Herencia autosómica recesiva

Las características de la herencia autosómica recesiva en los seres humanos pueden resumirse de la siguiente manera: 1) hay un patrón horizontal en el árbol genealógico, con afección de una sola generación (fig. 44-4); 2) los varones y mujeres están afectados con la misma frecuencia y gravedad; 3) la herencia es de ambos padres, cada uno heterocigoto (portador), y por lo general ninguno está afectado; 4) cada hijo de dos portadores tiene una probabilidad de 25% de estar afectado, de 50% de ser portador y de 25% de no heredar alelos mutantes, por lo que dos tercios de todos los descendientes sin manifestación clínica son portadores; 5) cuando se aparean dos individuos con el mismo fenotipo recesivo, todos los hijos estarán afectados; 6) los sujetos afectados que forman pareja con personas sin afección y no portadores sólo tienen hijos sin el defecto, y 7) cuanto más raro sea el fenotipo recesivo, habrá más probabilidad de que los padres sean **consanguíneos** (familiares).

FIGURA 44-4



Copyright © by The McGraw-Hill Companies, Inc.
All rights reserved.

Árbol genealógico que ilustra la herencia autosómica recesiva. (Los símbolos son los mismos que en la figura 44-3.)

Los fenotipos autosómicos recesivos se relacionan a menudo con actividad deficiente de enzimas, por lo que se conocen como **errores congénitos del metabolismo**. Estos trastornos incluyen fenilcetonuria, enfermedad de Tay-Sachs y las diversas enfermedades por almacenamiento de glucógeno; en general son más graves, menos variables y menos dependientes de la edad que los padecimientos dominantes.

Cuando un trastorno autosómico recesivo es muy raro, se incrementa la probabilidad de que los padres del sujeto afectado sean consanguíneos. Como resultado, la prevalencia de las alteraciones recesivas raras es alta en grupos que practican la endogamia, como los amish tradicionales. Por otro lado, cuando el trastorno autosómico recesivo es frecuente, la probabilidad de consanguinidad entre los padres de los sujetos afectados no es mayor que en la población general (cerca a 0.5%).

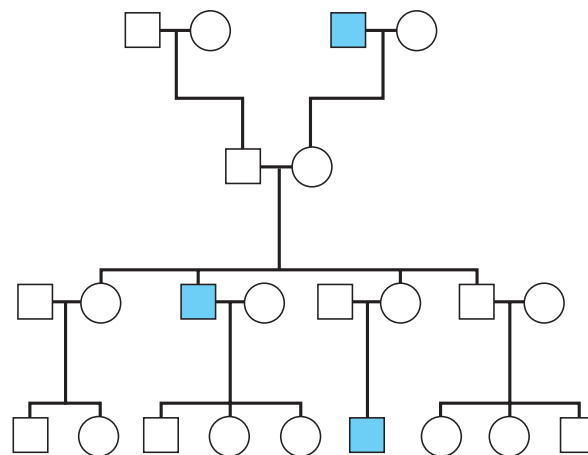
Dos alelos *mutantes* diferentes en el mismo locus, como en HbS/HbC, forman un **compuesto genético** (heterocigoto compuesto). Por lo general, el fenotipo se sitúa entre los consecutivos a la presencia de cualquiera de los alelos en el estado homocigótico. En virtud de la gran cantidad de mutaciones posibles en un gen determinado, es posible que muchos fenotipos autosómicos recesivos se deban a compuestos genéticos. La drepanocitosis es una excepción. La consanguinidad es evidencia presuntiva importante de homocigocidad real de los alelos mutantes y contradice la posibilidad de un compuesto genético.

Herencia ligada a X

Las características generales de la herencia ligada a X en seres humanos pueden resumirse de la siguiente manera: 1) no hay transmisión del fenotipo entre varones (fig. 44–5); 2) los varones no afectados no transmiten el fenotipo; 3) todas las hijas de un varón afectado son portadoras heterocigotas; 4) por lo regular, los varones tienen afección más grave que las mujeres; 5) el que una mujer heterocigota se considere afectada y que el fenotipo se denomine "recesivo" o "dominante" depende con frecuencia de la sensibilidad de la prueba o estudio; 6) algunas madres de varones afectados no son heterocigotas (sino homocigotas normales), pero poseen una mutación germinal, y la proporción de madres heterocigotas (portadoras) mantiene una relación negativa con la gravedad del trastorno; 7) las mujeres heterocigotas transmiten el gen mutante a 50% de sus hijos varones, los cuales presentan el fenotipo, y a 50% de sus hijas, que son heterocigotas, y 8) si un varón afectado forma pareja con una mujer heterocigota, 50% de los hijos varones tendrán el defecto, lo que suscita la falsa impresión de transmisión de varón a varón. Entre las hijas de esta pareja, 50% presenta el defecto con tanta gravedad como el varón homocigoto promedio; en los árboles genealógicos pequeños, este patrón puede estimular la herencia autosómica dominante.

Las características de la herencia ligada a X dependen de la gravedad del fenotipo. En algunos padecimientos, los varones afectados no sobreviven para reproducirse. En tales casos, las madres de cerca de dos tercios de los varones con el defecto son portadoras; en el otro tercio, la afección surge de

FIGURA 44–5



Copyright © by The McGraw-Hill Companies, Inc.
All rights reserved.

Árbol genealógico que ilustra la herencia ligada a X. (Los símbolos son iguales a los de la figura 44–3.)

una mutación germinal nueva en un cromosoma X de la madre. Cuando el trastorno se manifiesta de manera preponderante en mujeres heterocigotas (herencia dominante ligada a X), las mujeres tienden a presentar el defecto con una frecuencia dos veces mayor que los varones. En promedio, una mujer afectada transmite el fenotipo a 50% de sus hijos y 50% de sus hijas.

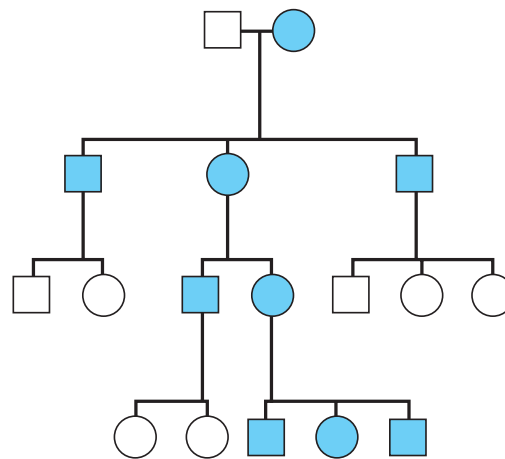
Los fenotipos ligados a X a menudo tienen manifestaciones clínicas variables, sobre todo en mujeres heterocigotas, y se sospecha que son autosómicos dominantes sin penetrancia. Por ejemplo, la enfermedad de Fabry (deficiencia A de galactosidasa α) puede ser asintomática en una mujer portadora u ocasionar accidente vascular cerebral, insuficiencia renal o infarto miocárdico cuando la mujer llega a la edad madura.

El mosaicismo germinal se observa en las madres de niños varones con trastornos ligados a X. La probabilidad de que esta mujer tenga un segundo hijo afectado o una hija heterocigota depende de la fracción de sus oocitos que tenga la mutación. En la actualidad, esta fracción es imposible de determinar. Sin embargo, la presencia del mosaicismo germinal puede identificarse en algunos trastornos (p. ej., distrofia muscular de Duchenne) en una familia mediante el análisis de DNA; este conocimiento se vuelve crucial para la asesoría genética.

Herencia mitocondrial

Las mutaciones en los genes que codifica el cromosoma mitocondrial dan lugar a diversas enfermedades que afectan (en particular) órganos muy dependientes del metabolismo oxidativo, como la retina, cerebro, riñones y corazón. Dado que las mitocondrias de una persona derivan casi por completo del óvulo, los patrones de herencia son distintos a los de un trastorno mendeliano y se conocen como herencia "materna" o, de modo más apropiado, "mitocondrial". Una mujer afectada puede transmitir el cromosoma mitocondrial defectuoso a todos sus descendientes, mientras que un varón afectado tiene poco riesgo de transmitir su mutación a un hijo (fig. 44-6). Como todas las células y el óvulo contienen muchas mitocondrias, y puesto que cada mitocondria posee muchos cromosomas, son posibles dos situaciones: si todos los cromosomas de todas las mitocondrias tienen la mutación, se dice

FIGURA 44-6



Copyright © by The McGraw-Hill Companies, Inc.
All rights reserved.

Herencia mitocondrial ("materna"). La mujer (círculos) transmite a todos sus descendientes una mutación genética mitocondrial (indicada por todos los símbolos azules), incluidos los varones (cuadros). De los descendientes posteriores, los varones no transmiten la mutación, pero las mujeres continúan la transmisión a todos sus descendientes, porque las mitocondrias se transmiten a través del óvulo, no del espermatozoide. Aunque se muestran ambos padres en la primera generación, para fines de simplificación no se muestran las parejas genéticas en las generaciones subsiguientes, ya que se consideran libres de la mutación. Nota: todas o algunas mitocondrias pueden portar la mutación; esta variable afecta la expresión clínica de la mutación. (Véase el texto respecto de los individuos homoplásmicos y heteroplásmicos.)

que la persona es **homoplásmica** para la mutación; si sólo algunos cromosomas mitocondriales portan la mutación, el individuo es **heteroplásmico**. En este último caso, un descendiente podría heredar relativamente pocas mitocondrias con la mutación y presentar una forma menor de la enfermedad o no exhibirla.

Se han identificado o referido más de 16 000 genes humanos mediante sus fenotipos y patrones de herencia en familias. Este total representa 60 a 70% de todos los genes que al parecer están codificados en los 22 autosomas, dos cromosomas sexuales y el cromosoma mitocondrial. Victor McKusick y sus colegas coordinan un esfuerzo internacional para catalogar la variación mendeliana humana.

Cook J et al. Mendelian inheritance. In: *Emery and Rimoin's Principles and Practice of Medical Genetics*, 5th ed. Rimoin DL et al (editors). Churchill Livingstone, 2007.

Online Mendelian Inheritance in Man, OMIM (TM). McKusick-Nathans Institute for Genetic Medicine, Johns Hopkins University (Baltimore, MD) and National Center for Biotechnology Information, National Library of Medicine (Bethesda, MD), 2007. <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/omim/>

Wallace DE et al. Mitochondrial genes in degenerative diseases, cancer and aging. In: *Emery and Rimoin's Principles and Practice of Medical Genetics*, 5th ed. Rimoin DL et al (editors). Churchill Livingstone, 2007.

Yousoufian H et al. Mechanisms and consequences of somatic mosaicism in humans. *Nat Rev Genet*. 2002 Oct; 3(10):748-58. [PMID: 12360233]

TRASTORNOS DE CAUSALIDAD MULTIFACTORIAL

Muchos padecimientos se agrupan en familias, pero no se relacionan con alteraciones cromosómicas evidentes ni patrones de herencia mendelianos. Los ejemplos incluyen malformaciones congénitas como labio leporino, estenosis pilórica y espina bífida; cardiopatía coronaria; diabetes de tipo 2, y varias formas de neoplasia. A menudo se caracterizan por frecuencias variables en distintos grupos raciales o étnicos, disparidad en la predisposición sexual y mayor frecuencia (aunque menor que la concordancia completa) en gemelos monocigotos que dicigotos. A este patrón de herencia se le llama "multifactorial" para indicar que múltiples genes interactúan con varios agentes ambientales para producir el fenotipo. Se considera que la agrupación familiar se debe al compartimiento de alelos y al ambiente.

Se sabe poco sobre los genes que participan en la mayor parte de los trastornos multifactoriales, del modo en que interactúan, de sus productos y de la forma en que los factores no genéticos contribuyen al fenotipo. Los estudios bioquímicos y genéticos han identificado padecimientos mendelianos dentro del fenotipo general de algunas anomalías: los defectos en el receptor para la lipoproteína de baja densidad explican un pequeño porcentaje de casos de cardiopatía isquémica (una fracción más grande si tan sólo se considera a los pacientes menores de 50 años); la poliposis colónica familiar predispone al adenocarcinoma; y algunos individuos con enfisema heredaron la deficiencia del inhibidor de la proteinasa α_1 (antitripsina α_1). A pesar de estos ejemplos notables, es poco probable que tal preocupación simplificadora con los fenotipos mendelianos explique la mayor parte de las enfermedades; empero, incluso así, en el análisis final la enfermedad humana se relaciona en buena medida con factores genéticos en su causa, patogenia, o ambas.

El desconocimiento que persiste en relación con los mecanismos genéticos fundamentales para el desarrollo y la fisiología no ha limitado del todo el abordaje práctico de la genética de trastornos multifactoriales. Por ejemplo, los riesgos de recurrencia se basan en datos empíricos derivados de la observación de muchas familias. El riesgo de recurrencia de los padecimientos multifactoriales se incrementa en varios casos: 1) familiares cercanos (hermanos, hijos y padres) de un individuo afectado; 2) presencia de dos o más miembros de una familia con el mismo trastorno; 3) cuando el primer caso en una familia se presenta en el sexo afectado con menor frecuencia (p. ej., la estenosis pilórica es cinco veces más frecuente en niños, y una mujer afectada tiene riesgo tres a cuatro veces mayor de procrear un descendiente con dicho trastorno), y 4) grupos étnicos en los que hay alta incidencia de un trastorno específico (p. ej., la espina bífida es 40 veces más frecuente en individuos blancos, y aún más entre irlandeses, respecto de los asiáticos).

En lo concerniente a muchas anomalías que parecen multifactoriales se han estudiado muy pocas familias para establecer datos empíricos sobre el riesgo. Una aproximación útil del riesgo de recurrencia en familiares cercanos es la raíz cuadrada de la incidencia. Por ejemplo, muchas malformaciones

congénitas frecuentes tienen una incidencia de 1:2 500 a 1:400 nacidos vivos; en consecuencia, los riesgos de recurrencia calculados son de 2 a 5%, valores que corresponden a la experiencia.

Altshuler D. The inherited basis of common disease. In: *Cecil Textbook of Medicine*, 23rd ed. Goldman L et al (editors). Saunders, 2008.

Childs B. Medicine in a genetic context. In: *Emery and Rimoin's Principles and Practice of Medical Genetics*, 5th ed. Rimoin DL et al (editors). Churchill Livingstone, 2007.

Pletcher BA et al. Indications for genetic referral: a guide for healthcare providers. *Genet Med*. 2007 Jun;9(6):385–9. [PMID: 17575505]

ABERRACIONES CROMOSÓMICAS

Cualquier desviación en la estructura y número de cromosomas (como se presenta en la figura 44-1) es una aberración cromosómica desde el punto de vista técnico. No todas las aberraciones causan problemas en el individuo afectado; empero, es factible que algunas puedan ocasionar problemas sin provocar alteraciones en los descendientes. Casi uno de cada 200 neonatos vivos tiene una aberración cromosómica que se detecta por algún efecto en el fenotipo. Esta frecuencia será considerablemente mayor conforme más temprana sea la edad fetal en que se estudian los cromosomas. Hacia el final del primer trimestre de gestación, la mayor parte de los fetos con cantidades anormales de cromosomas se pierde por aborto espontáneo. Por ejemplo, el síndrome de Turner (que se debe a la ausencia de un cromosoma sexual y la presencia de un solo cromosoma X) es un padecimiento relativamente frecuente, pero se calcula que sólo 2% de los fetos con esta forma de aneuploidía sobrevive hasta llegar a término. Aún más relevante es la ausencia completa de la mayor parte de las trisomías y monosomías autosómicas en niños que nacen vivos, a pesar de su manifestación frecuente en fetos de pocas semanas de gestación.

Tipos de anomalías cromosómicas

Los cambios estructurales mayores ocurren en forma **equilibrada** o **no equilibrada**. En esta última se observa ganancia o pérdida de material genético; en la primera no hay cambio en la cantidad de material genético, sólo su reacomodo. En los sitios con roturas y uniones nuevas de fragmentos cromosómicos puede haber daño estructural o funcional permanente en un gen o en unos cuantos genes. A pesar de que no haya pérdida visible de material, la alteración puede reconocerse como no equilibrada por el fenotipo anormal; el defecto cromosómico se confirma por análisis molecular del DNA.

La **aneuploidía** se produce por falta de disyunción (ausencia de separación en un par de cromátides durante el proceso de división celular). La falta de disyunción en la primera o segunda división de la meiosis produce gametos con constitución cromosómica normal. En la aneuploidía hay más de 46 cromosomas o menos de esta cantidad (cuadro 44–1). Las siguientes son todas las formas de aneuploidía: 1) **monosomía**, en la que sólo está presente un miembro de un par de cromosomas; 2) **trisomía**, en la que hay tres cromosomas en lugar de dos, y 3) **polisomía**, en la que un cromosoma está representado cuatro o más veces.

Si la falta de disyunción ocurre en la mitosis se producen patrones en **mosaico** en el tejido somático, en los cuales algunas células del mismo organismo tienen un cariotipo y otras poseen otro cariotipo. En individuos con constitución genética en mosaico a menudo se manifiesta cada uno de los síndromes genéticos relacionados con los diversos cariotipos anormales.

La **translocación** se produce por intercambio de partes de dos cromosomas.

La **deleción** es la pérdida de material cromosómico.

La **duplicación** es la presencia de dos o más copias de la misma región de un cromosoma determinado. La redundancia puede ocurrir en el mismo cromosoma o en uno no homólogo. En este último caso también hubo translocación.

Un **isocromosoma** es un cromosoma en que los brazos a ambos lados del centrómero tienen el mismo material genético en orden idéntico; esto quiere decir que en algún momento el cromosoma se dividió de tal manera que tiene una dosis doble de un brazo y ausencia del otro.

En una **inversión**, una región cromosómica se reorienta 180° respecto de la fase ordinaria. Existe el mismo material genético, pero en orden diferente.

Cuadro 44–1. Fenotipos clínicos derivados de la aneuploidía

Trastorno	Cariotipo	Incidencia al nacimiento
Trisomía 13	47,XX o XY, +13	1:15 000
Trisomía 18	47,XX o XY, +18	1:11 000
Trisomía 21 (síndrome de Down)	47,XX o XY, +21	1:900
Síndrome de Klinefelter	47,XXY	1:600 varones
Síndrome XYY	47,XYY	1:1 000 varones
Síndrome de Turner	45,X	1:2 500 mujeres
Síndrome XXX	47,XXX	1:1 200 mujeres

Ferguson-Smith MA et al. Cytogenetic analysis. In: *Emery and Rimoin's Principles and Practice of Medical Genetics*, 5th ed. Rimoin DL et al (editors). Churchill Livingstone, 2007.

TÉCNICAS DE GENÉTICA MÉDICA

Los trastornos hereditarios afectan múltiples sistemas orgánicos y a personas de todas las edades. Muchos padecimientos son crónicos, aunque en ocasiones se observan crisis agudas. Las preocupaciones de los pacientes y sus familiares abarcan una gran variedad de aspectos médicos, psicológicos, sociales y económicos. Estas características enfatizan la necesidad de que los pediatras, internistas, obstetras y médicos familiares ofrezcan servicios de genética médica a sus pacientes. Esta sección reseña los servicios de laboratorio y consultoría que proporcionan los genetistas clínicos y las indicaciones para recurrir a ellos.

ANTECEDENTES FAMILIARES Y ANÁLISIS DEL ÁRBOL GENEALÓGICO

El primer paso para valorar la participación de factores genéticos en la situación clínica de un sujeto consiste en obtener antecedentes familiares detallados. Como mínimo deben formularse preguntas minuciosas (edad, sexo, estado de salud [si están vivos], enfermedades importantes y causa de muerte), sobre todo a los familiares del paciente de primer grado (padres, hermanos e hijos). También debe preguntarse sobre el trastorno específico en familiares más distantes. Hay que identificar el grupo étnico de las familias paterna y materna, e inquirir en forma específica sobre cualquier anomalía que tenga prevalencia importante en un grupo étnico determinado. Los antecedentes familiares deben analizarse una vez que se obtienen; los genetistas médicos y los asesores en genética están capacitados para efectuar esta tarea y desempeñan un papel muy valioso cuando el médico no tiene tiempo ni personal para recopilar dicha información. Un esquema del árbol genealógico (como el de la figura 44-3) con los símbolos oscuros para referirse a la presencia de un padecimiento, puede ser instructivo para delinear un modelo de herencia. Una vez que se dispone de los resultados de las pruebas genéticas dirigidas del **probando**, el diagrama también ayuda a identificar familiares que podrían beneficiarse de la asesoría respecto de una prueba similar.

CITOGENÉTICA

La citogenética es el estudio de los cromosomas mediante microscopía óptica. La constitución cromosómica de una sola célula o de todo el individuo se especifica con una notación estandarizada. Primero se realiza el recuento cromosómico total, seguido del complemento de cromosomas sexuales; luego se identifica cualquier anomalía. Los autosomas se designan con los números 1 a 22. Un signo más (+) o menos (–) señala la ganancia o pérdida respectiva de material cromosómico. Por ejemplo, un varón normal es 46,XY, en tanto que una niña con síndrome de Down por trisomía 21 es 47,XX,+21; un niño con síndrome de Down por translocación del cromosoma 21 al cromosoma 14 en el espermatozoide o el óvulo es 46,XY,–14,+t(14;21).

Los análisis cromosómicos se realizan mediante el cultivo hístico de células humanas, con inhibición química de la mitosis para luego teñir, observar, fotografiar, clasificar y contar los cromosomas. La

presentación de todos los cromosomas se denomina **cariotipo** (fig. 44–1) y es el resultado final del aspecto técnico de la citogenética.

Las muestras para análisis citogenético común pueden obtenerse de la sangre periférica, en cuyo caso se analizan los linfocitos T; del líquido amniótico para cultivar amniocitos; de vellosidades coriónicas para obtener células trofoblásticas; de la médula ósea, y de fibroblastos cultivados, casi siempre obtenidos de biopsia de piel. Deben estudiarse suficientes células para que la probabilidad de que una línea celular con diferencias citogenéticas (mosaicismo) pase inadvertida sea baja. Para la mayor parte de las indicaciones clínicas se analizan y cuentan 20 mitosis mediante visualización microscópica directa; dos se fotografían y se preparan cariotipos a partir de ellas. La observación de alteraciones conduce a un escrutinio más amplio y, en muchos casos, al análisis adicional del cultivo original.

Pueden utilizarse diversos métodos para revelar los patrones en bandas (exclusivos para cada par de cromosomas) durante el análisis de aberraciones. El número de bandas que puede visualizarse depende de cuán “extendidos” estén los cromosomas, lo que a su vez se relaciona con qué tan temprano en la metafase (o incluso en la profase para obtener la mayor cantidad de bandas) se detuvo la mitosis. El cariotipo “estándar” revela cerca de 400 bandas por conjunto haploide de cromosomas, en tanto que un cariotipo en profase muestra cuatro veces esa cantidad. Los cariotipos extendidos son muy valiosos en ciertas situaciones clínicas, pero muchas veces su interpretación es difícil en términos del tiempo y esfuerzo necesarios, además de la ambigüedad en cuanto a qué es anormal, qué constituye una variación normal y qué se debe a un artefacto técnico. La hibridación *in situ* con sondas de DNA para cromosomas o regiones cromosómicas específicas puede combinarse con una marca radiactiva y usarse para identificar aberraciones cromosómicas. Cuando se usa la técnica apropiada, la hibridación fluorescente *in situ* (FISH) alcanza cifras de sensibilidad y especificidad cercanas a 100%. Algunas aplicaciones se utilizan con regularidad y se distribuyen en el comercio, aunque la *Food and Drug Administration* (FDA) aprobó el uso clínico de sondas sólo en fecha reciente.

Las puntas de los cromosomas se llaman **telómeros**. Un área de relevancia especial es el empleo de FISH para reconocer deleciones que hasta hace poco eran indetectables en las regiones de los cromosomas proximales inmediatas a las puntas (subteloméricas). La hibridación genómica comparativa (CGH) es un método que utiliza la tecnología basada en chips de DNA para explorar el genoma del paciente en busca de muchas deleciones que no pueden identificarse con las técnicas de FISH actuales. Los chips de uso comercial contienen 400 a 600 sondas que incluyen todos los sitios de deleciones e inserciones de importancia clínica conocida, así como las regiones de significación incierta. En el futuro próximo habrá sistemas con la capacidad de explorar miles de regiones del genoma humano.

Indicaciones para el análisis citogenético

Las indicaciones actuales se listan en el cuadro 44–2. Se ha descubierto una gran variedad de síndromes clínicos relacionados con alteraciones cromosómicas, y el análisis del cariotipo es útil siempre que se descubran manifestaciones de uno de estos síndromes en el individuo. Cuando se descubre una alteración cromosómica, no sólo es el médico quien dispone de información valiosa sobre el pronóstico: los padres también obtienen nociones sobre la causa de los problemas de su hijo y pueden obtener asesoría puntual (casi siempre tranquilizadora) sobre el riesgo de recurrencia.

El retraso mental es un componente frecuente de los síndromes con malformaciones congénitas. Cualquier persona con retraso mental inexplicable debe someterse a estudio mediante análisis cromosómico.

Estudios recientes con sondas fluorescentes para las secuencias genéticas subteloméricas han mostrado reacomodos o deleciones sutiles en cerca de 6% de los individuos con retraso mental inexplicable por otra causa, con o sin rasgos dismórficos. Estas deleciones ocurren por una mutación *de novo* o por reorganizaciones debidas a translocaciones equilibradas en los padres, y casi siempre son demasiado pequeñas para detectarlas con el análisis citogenético habitual. Las anomalías en la diferenciación sexual sólo pueden comprenderse después de dilucidar el **sexo genético** del paciente. El tratamiento hormonal y la cirugía plástica pueden determinar el **sexo fenotípico** en cierta medida, pero el sexo genético está dictado por el complemento de cromosomas sexuales. El ejemplo más conocido de dicotomía entre el sexo genético y el fenotípico es el **síndrome de feminización testicular**, en que

Cuadro 44–2. Indicaciones para el análisis citogenético

- Pacientes de cualquier edad con retraso considerable, físico o mental, sobre todo si hay anomalías relacionadas.
- Cualquier individuo con genitales internos o externos ambiguos, o sospecha de hermafroditismo.
- Niñas con amenorrea primaria y niños con retraso del desarrollo puberal. Hasta 25% de las pacientes con amenorrea primaria muestra alguna alteración cromosómica.
- Varones con trastornos del aprendizaje o el comportamiento cuya estatura sea mayor de lo esperado (con base en la talla de los padres).
- Ciertas enfermedades malignas y premalignas (véanse los cuadros 44–7 y 44–8).
- Padres de un paciente con translocación cromosómica.
- Padres de un sujeto con sospecha de síndrome cromosómico si hay antecedente familiar de niños con manifestaciones similares.
- Parejas con antecedente de múltiples abortos espontáneos de causa desconocida.
- Parejas infecundas después de descartar las causas obstétricas y urológicas más frecuentes.
- Diagnóstico prenatal (véase el cuadro 44–6).

la constitución cromosómica es 46,XY, pero un defecto en la proteína receptora para testosterona (especificado por un gen en el cromosoma Y) propicia un fenotipo externo del todo femenino.

Tanto en el **síndrome de Turner** (cuya causa más frecuente es una forma de aneuploidía, la monosomía 45,X del cromosoma X) como en el de **Klinefelter** (cuyo cariotipo más frecuente es 47,XXY) y otras alteraciones cromosómicas mucho más raras, hay falta o retraso en el desarrollo de los caracteres sexuales secundarios.

La talla alta es tal vez el único rasgo fenotípico relacionado con la presencia de un **cromosoma Y adicional** (cariotipo 47,XXY); la mayoría de los varones que presentan esta aberración cromosómica tienen vidas normales y por consiguiente la talla alta no es indicación para análisis cromosómico; sin embargo, cierta evidencia sugiere que esta anomalía se vincula con mayor prevalencia de dificultades para el aprendizaje. Asimismo, el síndrome de Klinefelter produce a menudo talla alta, aunque con hábito eunucoide, además de los problemas de aprendizaje y comportamiento. Por lo tanto, la combinación de dificultades del aprendizaje o comportamiento y la estatura más elevada de lo esperado en un varón obliga a considerar el análisis citogenético.

Como se explica más adelante, la mayor parte de los tumores se relaciona con alteraciones cromosómicas, algunas de las cuales son muy específicas para ciertas neoplasias malignas. El análisis citogenético del tejido tumoral ayuda a establecer el diagnóstico, pronóstico y tratamiento.

Siempre que se demuestra que una persona tiene una translocación cromosómica (ya sea equilibrada y asintomática o no equilibrada) causante de un síndrome clínico, el médico debe considerar la importancia de identificar la fuente de la translocación. Si el probando es un niño y los padres están interesados en tener más hijos, debe solicitarse un estudio citogenético de ambos padres. Aún no se establece el límite al que debe llegar el médico de atención primaria o el consultor en el rastreo de una translocación en la familia; es un problema con implicaciones legales, éticas y médicas. Es seguro que el probando (si es adulto) o sus padres necesiten asesoría y deben analizarse los riesgos para los familiares. El médico debe documentar en el expediente médico y por correspondencia que los individuos cuyo nombre menciona de manera específica, asumieron la responsabilidad de exponer datos importantes a sus familiares.

La incapacidad para procrear descendencia, ya sea por falta de concepción o como resultado de abortos repetidos, es un problema frustrante y desalentador para las parejas afectadas y sus médicos. Los notables avances en el conocimiento urológico y ginecológico de la infecundidad han beneficiado a muchas parejas. Sin embargo, las alteraciones cromosómicas son todavía un problema importante en la medicina reproductiva, y el análisis citogenético debe utilizarse en alguna etapa de la extensa valoración. La infecundidad es frecuente en los síndromes de Klinefelter y Turner, y ambos pueden acompañarse de signos externos leves, en particular si la alteración cromosómica se presenta en mosaico. Cualquier

aborto espontáneo puede ser resultado de aneuploidía fetal. Es factible que la recurrencia sea consecuencia de translocación en uno de los padres que predispone a un cariotipo fetal no equilibrado.

Ried T. Cytogenetics—in color and digitized. *N Engl J Med.* 2004 Apr; 350(16):1597-600. [PMID: 15084690]

Salman M et al. Will the new cytogenetics replace the old cytogenetics? *Clin Genet.* 2004 Oct; 66(4):265-75. [PMID: 15355426]

Shaffer LG et al. Medical applications of array CGH and the transformation of clinical cytogenetics. *Cytogenet Genome Res.* 2006; 115(3-4):303-9. [PMID: 17124414]

Shashidhar P et al. *Handbook of Chromosomal Syndromes.* Wiley, 2002.

Speicher MR et al. The new cytogenetics: blurring the boundaries with molecular biology. *Nat Rev Genet.* 2005 Oct; 6(10):782-92. [PMID: 16145555]

GENÉTICA BIOQUÍMICA

La genética bioquímica estudia no sólo los defectos enzimáticos, sino también las proteínas que intervienen en todas las funciones, incluidas las estructurales del citoesqueleto, las extracelulares y las reguladoras, así como los receptores. Las funciones principales del laboratorio de genética bioquímica consisten en establecer la presencia o ausencia de proteínas, valorar las características cualitativas de las proteínas y verificar la efectividad de las proteínas *in vitro*. Los elementos clave desde la perspectiva del médico que hace una referencia son: 1) indicar cuáles son los diagnósticos sospechados, y 2) confirmar la obtención de la muestra apropiada y su traslado al laboratorio en forma oportuna.

Indicaciones para estudios bioquímicos

Algunos errores congénitos son relativamente frecuentes en la población general, como la hemocromatosis, los defectos en el receptor de lipoproteína de baja densidad y la fibrosis quística (cuadro 44–3). Aunque otros son raros en la población general, son frecuentes en ciertos grupos étnicos, como la enfermedad de Tay-Sachs en los judíos asquenazíes, la drepanocitosis en individuos de raza negra y las talasemias en poblaciones de la cuenca mediterránea y Asia. Muchos de estos trastornos son autosómicos recesivos, y la frecuencia de la condición heterocigótica es muchas veces mayor que la del padecimiento expresado por completo. La detección del estado de portador puede ser efectiva si se satisfacen ciertos criterios (cuadro 44–4). Por ejemplo, en todo Estados Unidos, incluido el Distrito de Columbia, se requiere la detección neonatal de fenilcetonuria, y a menudo también de otras enfermedades metabólicas. Estos programas son rentables incluso en casos de anomalías raras como la fenilcetonuria, que ocurre sólo en uno de cada 11 000 nacimientos. De manera infortunada, en algunos estados de la Unión Americana no se realiza la detección de todos los trastornos que satisfacen los requerimientos del cuadro 44–4. Además, el cumplimiento es muy variable de un programa a otro, y en algunos casos las pruebas diagnósticas de seguimiento, el control y la asesoría son inadecuados. Los lactantes que tienen mayor probabilidad de pasar inadvertidos son los que nacieron en casa o abandonaron el hospital antes de ingerir una gran cantidad de leche (materna o maternizada). En algunos casos, los padres pueden rechazar que se estudie a sus hijos. Hay varios laboratorios comerciales que venden a los hospitales pruebas para detección de más de 35 defectos congénitos del metabolismo. Esta **detección neonatal complementaria** incluye análisis espectroscópico de masa en tándem de las mismas muestras de sangre empleadas en los programas obligatorios del gobierno.

El uso del laboratorio de genética bioquímica para fines distintos a la detección debe justificarse por la necesidad de obtener datos para diagnosticar trastornos específicos o alteraciones vinculadas con éstos. Las posibilidades se limitan sólo por la extensión del conocimiento, el interés del médico de atención primaria o el consultor, la disposición del paciente o su familia para precisar el diagnóstico y aportar las muestras, y la disponibilidad de un laboratorio para su análisis.

Aunque muchos defectos congénitos son tan sutiles que escapan a la detección, hay diversas situaciones clínicas en que un error congénito debe incluirse en el diagnóstico diferencial. La urgencia con que debe realizarse la investigación es variable, según la gravedad del trastorno y la disponibilidad del tratamiento. En el cuadro 44–5 se listan varias presentaciones clínicas.

La posibilidad de que el neonato padezca una enfermedad metabólica aguda es la indicación más importante, ya que el diagnóstico y tratamiento oportunos establecen con frecuencia la diferencia

Cuadro 44–3. Defectos congénitos del metabolismo representativos

Clase general de defecto	Ejemplo	Defecto bioquímico	Herencia
Aminoacidopatía	Fenilcetonuria	Hidroxilasa de fenilalanina	AR
Ciclo de la urea	Citrulinemia	Sintetasa de arginosuccinato	AR
Enfermedad por almacenamiento de glucógeno	Tipo I	Glucosa-6-fosfatasa	AR
Función inmunitaria	Enfermedad granulomatosa crónica	Citocromo <i>b</i> , cadena β	XL
Gangliosidosis	Enfermedad de Tay-Sachs	Hexosaminidasa A	AR
Metabolismo de lípidos	Hipercolesterolemia familiar	Receptor de lipoproteína de baja densidad	AD
Mucopolisacaridosis (MPS)	MPS II (síndrome de Hunter)	Sulfatasa de iduronato	XL
Porfiria	Intermitente aguda	Desaminasa de porfobilinógeno	AD
Tejido conjuntivo	Osteogénesis imperfecta tipo II	Procolágena $\alpha_1(I)$ y $\alpha_2(I)$	AD
Transporte	Fibrosis quística (CF)	Regulador de conductancia transmembrana para CF	AR

AR, autosómica recesiva; AD, autosómica dominante; XL, recesiva ligada a X.

Cuadro 44–4. Requerimientos para la detección efectiva de errores congénitos del metabolismo en la población

1. La enfermedad debe tener manifestaciones clínicas graves o potencial de consecuencias graves.
2. Debe comprenderse la evolución natural de la anomalía.
3. En general, debe contarse con tratamiento efectivo que dependa del diagnóstico temprano para obtener resultados óptimos.
4. La incidencia de la enfermedad debe ser lo bastante alta para ameritar la detección.
5. La prueba de detección debe tener especificidad (bajo índice de resultados positivos falsos) y sensibilidad (bajo índice de resultados negativos falsos) favorables.
6. La prueba de detección debe estar disponible y aplicarse en toda la población con riesgo.
7. Debe haber un sistema adecuado para el seguimiento de los resultados positivos.
8. El análisis económico de rentabilidad debe favorecer la detección y el tratamiento.

entre la vida y la muerte. Las manifestaciones clínicas son inespecíficas porque el recién nacido tiene respuestas limitadas a las agresiones metabólicas graves. El médico debe ser incluyente y sistemático en la valoración de estos lactantes.

Cleary MA et al. Developmental delay: when to suspect and how to investigate for an inborn error of metabolism. *Arch Dis Child*. 2005 Nov;90(11):1128-32. [PMID: 16243864]

Erbe RW et al. Neonatal screening. In: *Emery and Rimoin's Principles and Practice of Medical Genetics*, 5th ed. Rimoin DL et al (editors). Churchill Livingstone, 2007.

Cuadro 44–5. Forma de presentación de los errores congénitos del metabolismo

Presentación y evolución	Ejemplos
Enfermedad metabólica aguda del recién nacido	Galactosemia, trastornos del ciclo de la urea
Trastornos crónicos con progresión limitada después de la lactancia	Fenilcetonuria, hipotiroidismo
Trastornos crónicos con progresión insidiosa e incesante	Enfermedad de Tay-Sachs
Trastornos que causan anomalías estructurales	Displasias esqueléticas, síndrome de Marfan
Trastornos del transporte	Cistinuria, deficiencia de lactasa
Trastornos que determinan predisposiciones	Deficiencia del receptor de lipoproteína de baja densidad, agammaglobulinemia
Trastornos episódicos	Casi todas las porfirias, deficiencia de glucosa-6-fosfato
Trastornos que causan anemia	Deficiencia de cinasa de piruvato, esferocitosis hereditaria
Trastornos que interfieren con la hemostasis	Hemofilias A y B, enfermedad de von Willebrand
Trastornos congénitos irreversibles	Feminización testicular
Trastornos con manifestaciones proteicas	Seudohipoparatiroidismo, amiloidosis hereditaria
Errores congénitos sin efectos clínicos	Pentosuria, histidinemia

Scriver CR et al. *The Metabolic and Molecular Bases of Inherited Disease*, 8th ed. McGraw-Hill, 2001.

Seashore MR et al. Newborn screening and the pediatric practitioner. *Semin Perinatol*. 2005 Jun;29(3):182-8. [PMID: 16114581]

ANÁLISIS DE DNA

La inspección directa de los ácidos nucleicos (que a menudo se denomina “genética molecular” o “diagnóstico de DNA”) desempeña un papel cada vez más importante en diversas áreas clínicas como oncología, infectología, medicina forense y el estudio general de la fisiopatología. Uno de los avances más importantes ha sido el diagnóstico de trastornos mendelianos. Se dispone de pruebas moleculares para más de 1 000 padecimientos hereditarios. Una vez que se demuestra que hay un gen particular defectuoso en una enfermedad determinada, puede identificarse la naturaleza de la mutación, muchas veces mediante el establecimiento de la secuencia de nucleótidos y la comparación del conjunto con un alelo normal. Luego puede usarse alguna de las diversas técnicas disponibles para determinar si la misma mutación está presente en otros pacientes con el mismo trastorno. La heterogeneidad genética es tan grande que la mayor parte de los padecimientos mendelianos se vincula con numerosas mutaciones en un locus (algunas veces en varios) que producen el mismo fenotipo. Hay mutaciones en no menos de 35 genes diferentes que causan retinitis pigmentosa, en tanto que la miocardiopatía hipertrófica familiar es consecuencia de cambios en cuando menos 12 genes. Este hecho complica el diagnóstico de DNA y la detección de portadores de defectos en genes específicos.

Unas cuantas anomalías se relacionan con relativamente pocas mutaciones o una mutación muy frecuente. Por ejemplo, todos los casos de drepanocitosis se deben al mismo cambio de glutamato por valina en la posición 6 de la globina β ; a su vez, esta sustitución se debe al cambio de un nucleótido en el sexto codón del gen para la globina β . Sin embargo, tal uniformidad es la excepción. En la fibrosis quística, 70% de los heterocigotos tiene una delección idéntica de tres nucleótidos que ocasiona la pérdida de un residuo de fenilalanina en una proteína transportadora de cloro; empero, el restante 30% de las mutaciones de esa proteína es de tipo diverso (se han descubierto más de 1 500), por lo que no hay una prueba de detección sencilla que identifique a *todos* los portadores de la fibrosis quística.

En las publicaciones médicas aparecen con regularidad revisiones del estado técnico actual del análisis de DNA. Los estudios con reacción en cadena de la polimerasa (PCR) revolucionaron muchos aspectos de la biología molecular, y ahora el diagnóstico de DNA incluye esta técnica en muchos casos. Si se conoce la secuencia de los 10 a 20 nucleótidos que se ubican en los extremos de una región de DNA de interés (como una porción de un gen), pueden sintetizarse "cebadores" complementarios a estas secuencias. Cuando se combina una cantidad aunque sea diminuta de DNA de un paciente (p. ej., de unos cuantos leucocitos, células mucosas bucales o bulbos pilosos) con los cebadores en una mezcla de reacción que replique el DNA, y se realizan varias docenas de ciclos de este proceso, la región de DNA ubicada entre los cebadores se amplifica en forma exponencial. Por ejemplo, puede reconocerse la presencia de la infección temprana con VIH después de la amplificación por PCR de una porción del genoma vírico. Se encuentran en estudio diversas técnicas novedosas cuya finalidad es permitir el análisis de muchas variaciones genéticas potenciales en un individuo en muy poco tiempo. Por ejemplo, los "conjuntos de chips de DNA" del tamaño de un cubreobjetos pueden contener decenas de miles de secuencias específicas de nucleótidos. Cuando el DNA de un individuo se desnaturaliza y se permite que forme híbridos con el conjunto, los pares de secuencias producen una señal fluorescente que puede detectarse con un microscopio láser para luego registrarse e interpretarse con una computadora.

Indicaciones para el diagnóstico de DNA

El requerimiento esencial para el uso de ácidos nucleicos en el diagnóstico de trastornos hereditarios es la presencia de una **sonda** disponible para el gen en cuestión. La sonda puede ser un fragmento del gen real, una secuencia cercana al gen o unos cuantos nucleótidos de la mutación misma. Entre más cercana se halle la sonda a la mutación, más exacta y útil será la información obtenida. El diagnóstico de DNA supone una de dos medidas generales: 1) detección directa de la mutación, o 2) análisis de vinculación, en el que se infiere la presencia de la mutación a partir de una secuencia de sonda de DNA remota a la mutación. En esta última, cuanto más se aleje la sonda de la mutación, mayor será la probabilidad de que la recombinación separe las dos secuencias y esto dificulte la interpretación de los datos.

El diagnóstico de DNA tiene aplicación cada vez más frecuente en la detección presintomática de personas con trastornos dependientes de la edad, como la corea de Huntington y la poliquistosis renal del adulto; en la detección de portadores de padecimientos autosómicos recesivos, como fibrosis quística y talasemias; en la detección de heterocigotos femeninos con trastornos ligados a X, como la distrofia muscular de Duchenne y las hemofilias A y B, y en el diagnóstico prenatal (véase más adelante). En los casos de algunas anomalías en que surgen complicaciones graves durante la adolescencia o la vida adulta temprana, como el síndrome de von Hippel-Lindau, la telangiectasia hemorrágica hereditaria o la poliposis colónica familiar, la prueba genética a edad temprana permite identificar a los familiares que requieren vigilancia clínica frecuente y tratamiento profiláctico. No menos importante es que los familiares que obtengan resultados negativos en la prueba para detectar la mutación pueden ahorrarse la inconveniencia, el costo y el riesgo de las pruebas clínicas. En todos los casos de pruebas del DNA, los médicos de atención primaria y los especialistas deben tener presentes los problemas éticos, psicológicos, legales y sociales importantes que aún no se han resuelto; por ejemplo, algunos trastornos en que puede definirse con facilidad la predisposición hereditaria (como la enfermedad de Alzheimer, corea de Huntington y muchos cánceres) no cuentan con un tratamiento efectivo por ahora. En relación con estos mismos padecimientos, las compañías de seguros de vida y gastos médicos estarían muy interesadas en averiguar cuáles de sus clientes actuales o potenciales tienen riesgo incrementado. Algunos estados han promulgado leyes para proteger a las personas en quienes se ha identificado un alto riesgo genético de enfermedad.

Logística del diagnóstico de DNA

Los linfocitos son una fuente accesible de DNA; 10 ml de sangre entera producen hasta 0.5 mg de DNA, una cantidad suficiente para docenas de análisis basados en la hibridación, ya que cada uno requiere sólo 5 µg. Si el análisis se enfoca en una mutación específica (como en un estudio familiar, en el que sólo se busca un cambio específico de nucleótido), puede usarse la PCR, y la cantidad de DNA necesaria es infinitesimal: unos cuantos bulbos pilosos o espermatozoides son adecuados. Una vez que se aísla, la muestra de DNA puede dividirse en alícuotas y congelarse. Una alternativa consiste en transformar linfocitos en linfoblastos mediante la acción de un virus; como estas células no mueren, cuando sea necesario se descongelan, se propagan y se aísla el DNA. Tales muestras almacenadas proporcionan acceso al genoma de una persona mucho tiempo después de su muerte. Esta característica

es tan importante que muchos centros de genética médica y laboratorios comerciales tienen un “banco” de DNA de pacientes y familiares, aun cuando las muestras no puedan usarse de inmediato. Es posible que, más adelante, las muestras sean invaluable para los familiares u otros pacientes en estudio. En algunos casos, el DNA se ha vuelto más confiable que los expedientes médicos.

La sangre para aislamiento del DNA debe extraerse en el anticoagulante ácido etilendiaminotetraacético (EDTA) (tubos con tapón lila); la sangre para cultivo de linfoblastos debe obtenerse con heparina (tubos con tapón verde). Ninguna muestra debe congelarse. Las muestras para aislamiento de DNA pueden almacenarse o enviarse a temperatura ambiental dentro de un periodo de pocos días. Los cultivos de linfoblastos deben realizarse antes de 48 h, por lo que es indispensable que se envíen a la brevedad. Para uno o unos cuantos análisis específicos de DNA, algunos laboratorios aceptan un hisopo sostenido entre el carrillo y la encía durante un minuto (frotis bucal), dado que se adhieren a las fibras suficientes células para aislar el DNA del individuo.

El DNA fetal puede aislarse a partir de células amnióticas, células trofoblásticas obtenidas por muestreo de vellosidades coriónicas o cualquier tipo celular cultivado. Es necesario procesar las muestras pronto; pueden enviarse por mensajería nocturna y no deben congelarse.

Grody WW. Molecular genetic risk screening. *Annu Rev Med* 2003;54:473-90. [PMID: 12525682]

Grody WW. Diagnostic molecular genetics. In: *Emery and Rimoin's Principles and Practice of Medical Genetics*, 5th ed. Rimoin DL et al (editors). Churchill Livingstone, 2007.

Khoury MJ et al. Population screening in the age of genomic medicine. *N Engl J Med* 2003 Jan 2;348(1):50-8. [PMID: 12510043]

Liu ET et al. Microarrays and clinical investigations. *N Engl J Med* 2004 Apr 15;350(16):1595-7. [PMID: 15084689]

McCabe LL et al. Direct-to-consumer genetic testing: access and marketing. *Genet Med* 2004 Jan-Feb;6(1):58-9. [PMID: 14726811]

Pasternak JK. *An Introduction to Human Molecular Genetics*, 2nd ed. Wiley, New York, 2005.

DIAGNÓSTICO PRENATAL

Antes de la mitad del segundo trimestre es posible establecer el diagnóstico intrauterino de varios cientos de trastornos mendelianos, todas las alteraciones cromosómicas y varias malformaciones congénitas no mendelianas. El diagnóstico prenatal se solicita cuando la pareja que espera un hijo, el médico de atención primaria o el obstetra consideran que es necesario. Encuestas recientes sugieren que incluso en presencia de edad materna avanzada (que es la indicación más frecuente para este procedimiento), la prueba prenatal se ofrece a menos de 50% de las mujeres de 35 años de edad y mayores en Estados Unidos.

Técnicas utilizadas en el diagnóstico prenatal

El diagnóstico prenatal depende de la aptitud para efectuar una prueba fetal directa (muestra de sangre fetal, fetoscopia), indirecta (análisis del líquido amniótico, amniocitos o células trofoblásticas, ecografía) o remota (análisis del suero materno). Algunas de estas técnicas satisfacen los requerimientos para la detección (cuadro 44-4) y deben ofrecerse a todas las mujeres embarazadas; otras conllevan un riesgo considerable y deben reservarse para circunstancias específicas. Unos cuantos centros han desarrollado el diagnóstico anterior a la implantación del embrión: extraen una sola célula del blastocisto de seis a ocho células que se cultiva después de la fecundación *in vitro*, sin dañar su desarrollo futuro. Pueden estudiarse tanto los cromosomas de la célula (por FISH) como los genes (mediante PCR). Otra técnica novedosa con potencial considerable es el aislamiento de células fetales que circulan en cantidades diminutas en la sangre materna.

La exploración fetal con ecografía es un procedimiento seguro e incruento que permite diagnosticar malformaciones esqueléticas y de otros tipos que tienen relación conocida con afecciones específicas (como medición de la translucidez de la nuca en el síndrome de Down; véase más adelante). Algunos obstetras realizan estudios de ecografía rutinarios por lo menos una vez entre las semanas 12 y 20 de gestación.

Otros procedimientos para el diagnóstico prenatal (fetoscopia, fetografía y amniografía) son más cruentos y suponen riesgos más definidos para la madre y el feto. Sólo están indicados si el riesgo de la anomalía sospechada es alto y la información no puede obtenerse de otra manera.

Todas las técnicas citogenéticas, bioquímicas y analíticas del DNA descritas pueden aplicarse a muestras del feto. Además de la detección de fetoproteína α en suero materno para identificar defectos en el tubo neural, el análisis cromosómico es la prueba más frecuente. Puede realizarse en células amnióticas y trofoblásticas cultivadas, así como de manera directa en cualquier célula trofoblástica que se halle en el proceso de mitosis. Las células del líquido amniótico derivan sobre todo del sistema urinario fetal. La amniocentesis puede realizarse durante las semanas 16 a 18 de la gestación para facilitar el análisis de la muestra, la transmisión de resultados y las decisiones reproductivas. El tiempo que transcurre desde la obtención de la muestra hasta la lectura del cariotipo se ha acortado en la actualidad a una semana, y los métodos automáticos pueden reducir el tiempo un poco más. La toma de muestras de vellosidades coriónicas (CVS) para obtener células trofoblásticas (derivadas del mismo óvulo fecundado que el feto) casi siempre se realiza durante las semanas 10 a 13 de la gestación. Si el tejido puede analizarse en forma directa, se consiguen resultados citogenéticos en unas cuantas horas; sin embargo, la calidad de los cariotipos es menor a la de células cultivadas y la mayor parte de los laboratorios cultiva las células y estudia de nueva cuenta cualquier alteración sospechada. La ventaja de la CVS radica en que los resultados se obtienen en una etapa más temprana del embarazo; en consecuencia, si se elige la terminación, ésta puede efectuarse con mayor prontitud y las complicaciones obstétricas son menores.

El riesgo de la CVS es un poco mayor que el de la amniocentesis, aunque ambos procedimientos son relativamente seguros. Se pierden 0.5 a 1% de los embarazos por complicaciones de la CVS, en tanto que menos de una de cada 300 amniocentesis produce la pérdida fetal. Algunos centros ofrecen "amniocentesis temprana" que se realiza durante las semanas 12 a 14 de la gestación; la magnitud de los riesgos es similar respecto de la CVS. Estas cifras son menores, aunque adicionales, a 2 a 3% de los abortos espontáneos al final del primer trimestre.

Indicaciones para el diagnóstico prenatal

Las indicaciones para el diagnóstico prenatal se mencionan en el cuadro 44–6; algunas merecen un comentario.

Casi ninguno de los estudios indicados en caso de edad materna avanzada identifica alteraciones cromosómicas y la pareja se tranquiliza con las noticias. Sin embargo, siempre es apropiado subrayar que el riesgo promedio de concebir un hijo con un defecto evidente al nacimiento (como malformación física o defecto congénito del metabolismo) se aproxima a 3% y se incrementa con la edad de cualquiera de los padres. El análisis simple de los cromosomas reduce el riesgo en forma mínima. Por otro lado, a menos que exista alguna de las indicaciones, es imposible "hacer una detección" de la mayor parte de los defectos congénitos (los defectos del tubo neural son una excepción).

A las personas que planean un embarazo (en especial los judíos asquenazíes u otro grupo étnico blanco) se les debe ofrecer detección para las mutaciones más frecuentes en el gen *CFTR* que causa la fibrosis quística. Si se descubre que ambos padres son portadores, el diagnóstico prenatal del feto es una opción adecuada.

El antecedente de alteraciones citogenéticas señala la presencia de un defecto cromosómico en alguno de los padres, antecedente familiar de anomalía cromosómica, o un hijo o concepción previos con defecto cromosómico, definido o no. No se conocen bien los factores que sensibilizan a ciertas parejas a episodios repetidos de aneuploidía; está indicada la prueba prenatal regular una vez que se presenta un defecto.

Cuadro 44–6. Indicaciones para el diagnóstico prenatal

Indicaciones	Métodos
Anomalía congénita	Ecografía, citogenética fetal
Detección del defecto del tubo neural y trisomía	Detección de múltiples marcadores maternos, ecografía
Edad materna avanzada, uno de los padres es portador de translocación, hijo previo con alteración cromosómica, retraso del crecimiento intrauterino	Citogenética (amniocentesis, muestreo de vellosidades coriónicas)
Trastorno bioquímico	Prueba de proteínas, diagnóstico de DNA

Es evidente que el análisis citogenético del feto suministra información sobre los cromosomas sexuales. Algunas parejas no desean conocer con anticipación el sexo de su hijo, de modo que la persona que notifica los resultados a la pareja siempre debe tratar este asunto antes. Por otro lado, algunas parejas sólo desean conocer el sexo del feto y planean terminar el embarazo si se reconoce el sexo no deseado. Pocos centros en Estados Unidos consideran la selección del sexo como una indicación apropiada para el diagnóstico prenatal.

El nivel de fetoproteína α en suero materno cambia con la edad gestacional, el estado médico de la madre y las anomalías del feto. Si es posible controlar bien los primeros dos factores, la prueba puede utilizarse para obtener información sobre el feto. Las cifras se expresan como múltiplos de la mediana para una edad gestacional determinada. Los niveles superiores a lo normal se relacionan con defectos por tubo neural abierto (trastornos para los cuales se creó la prueba), muerte fetal reciente o inminente, gastrosquisis y nefropatía fetal. Las cifras demasiado altas son muy específicas de anomalías fetales; un nivel tres veces más alto que la mediana aumenta 20 veces el riesgo de mielomeningocele o anencefalia. Los niveles bajos de fetoproteína α en suero materno se relacionan con trisomía fetal, sobre todo síndrome de Down (se desconocen las razones). La adición de dos compuestos más al análisis (gonadotropina coriónica humana [hCG] y estriol no conjugado [uE3] séricos) a la prueba de fetoproteína α constituye el "tamiz triple" e incrementa varias veces la posibilidad de reconocer a un feto con trisomías 21 y 18. La medición en el primer trimestre de la proteína A plasmática relacionada con el embarazo y la translucidez del cuello fetal por ecografía, seguida del tamiz triple en el segundo trimestre, mejora el índice de detección de síndrome de Down en cerca de 85%, al tiempo que disminuye los resultados positivos falsos a casi 1%. Tras un resultado positivo en cualquiera de estos protocolos para trisomía debe solicitarse amniocentesis para confirmar el diagnóstico.

Check E. Fetal genetic testing: Screen test. *Nature*. 2005 Dec 8;438(7069):733-4. [PMID: 16340984]

Larrabee PB et al. Global gene expression analysis of the living human fetus using cell-free messenger RNA in amniotic fluid. *JAMA*. 2005 Feb 16;293(7):836-42. [PMID: 15713773]

Li Y et al. Detection of paternally inherited fetal point mutations for β -thalassemia using size-fractionated cell-free DNA in maternal plasma. *JAMA*. 2005 Feb 16;293(7):843-9. [PMID: 15713774]

Mennuti MT et al. Screening for Down's syndrome—too many choices? *N Engl J Med*. 2003 Oct 9;349(15):1471-3. [PMID: 14534341]

Papp C et al. Chorionic villus sampling and amniocentesis: what are the risks in current practice? *Curr Opin Obstet Gynecol*. 2003 Apr;15(2):159-65. [PMID: 12634608]

Parano E et al. Noninvasive prenatal diagnosis of chromosomal aneuploidies by isolation and analysis of fetal cells from maternal blood. *Am J Med Genet*. 2001 Jul 1;101(3):262-7. [PMID: 11424143]

Reddy UM et al. Incorporating first-trimester Down syndrome studies into prenatal screening: executive summary of the National Institute of Child Health and Human Development Workshop. *Obstet Gynecol*. 2006 Jan;107(1):167-73. [PMID: 16394055]

Van Voorhis BJ. Clinical practice. In vitro fertilization. *N Engl J Med*. 2007 Jan 25;356(4):379-86. [PMID: 17251534]

NEOPLASIA: ANÁLISIS DE CROMOSOMAS Y DNA

Los estudios de los cromosomas y los ácidos nucleicos apoyan la hipótesis de Boveri de 1914, según la cual el cáncer se debe a un cambio del material genético celular. Se han descubierto dos clases de genes que participan en la transformación neoplásica.

Los **oncogenes** surgen de genes normales preexistentes (protooncogenes) que se alteran por factores víricos y no víricos. Como resultado, las células sintetizan proteínas normales en cantidades inapropiadas o proteínas de estructura y función anormales. Muchas de estas proteínas son factores de crecimiento celular o receptores para factores de crecimiento. El resultado final de la activación del oncogén es la división celular no regulada. Las mutaciones que activan oncogenes casi siempre se presentan en células somáticas; por lo general no son hereditarias. Aunque algunos oncogenes tienen mayor probabilidad de estar activados en ciertos tumores, en general pueden encontrarse las mismas mutaciones en distintas células y tejidos.

Los **genes supresores tumorales** pueden considerarse la antítesis de los oncogenes. Su función normal es suprimir la transformación; se requiere una mutación en ambos alelos para bloquear esta importante función. El primer alelo mutante en cualquier gen supresor tumoral puede surgir de manera espontánea o ser hereditario; la mutación en el otro alelo (el "segundo golpe") casi siempre surge de manera espontánea por diversos mecanismos moleculares. Estos genes poseen una especificidad tumoral mucho mayor que los oncogenes; sin embargo, aunque son necesarias algunas mutaciones específicas para que se desarrollen ciertos tumores, la pérdida de una sola función supresora no es suficiente. Está claro que la persona que hereda una copia de un gen supresor tumoral mutante tiene mayor riesgo de que en alguna célula propensa se pierda la función de ese gen en algún momento de su vida. La predisposición se hereda como rasgo autosómico dominante. Por ejemplo, la mutación en un alelo del locus *p53* da lugar al síndrome de Li-Fraumeni (151623), que implica la predisposición a desarrollar sarcomas y otros tumores antes de los 45 años de edad, tanto en varones como en mujeres en generaciones sucesivas. Las mutaciones heredadas en este locus también incrementan el riesgo de un segundo tumor después de radiación o quimioterapia para el primer tumor, lo que sugiere que el tratamiento inicial puede inducir un "segundo golpe" en el locus *p53* en otro tejido. Sin embargo, la herencia de una mutación *p53* no es garantía de que el sujeto desarrolle cáncer a edad temprana; es necesario aprender mucho más sobre la patogenia de la neoplasia antes de indicar la asesoría genética a familias con predisposición molecular al cáncer. El gen *BRCA1*, que torna proclives a las mujeres a los cánceres mamario (114480) y ovárico, es otro ejemplo de gen supresor tumoral. Las mujeres que heredan un alelo mutante de *BRCA1* tienen riesgo promedio de 60 a 80% de desarrollar cáncer mamario y la edad media para la detección del tumor es el quinto decenio de vida; su riesgo de desarrollar cáncer ovárico es de 34 a 45%. Tanto en mujeres como en varones con ciertas mutaciones de *BRCA1*, el riesgo de cáncer colónico y pancreático es varias veces mayor que en la población general.

En algunos casos puede analizarse el DNA en busca de un gen mutado, a fin de valorar el riesgo de esa persona para desarrollar un tumor. Los ejemplos incluyen el retinoblastoma (189200), ciertas formas del tumor de Wilms (194070), cáncer mamario (114489) y cáncer colónico familiar (114500).

Para ilustrar qué tan sensible e incruenta es ahora la metodología, es posible analizar materia fecal para descubrir la presencia de mutaciones en los genes supresores tumorales que podrían indicar la presencia de adenocarcinoma colónico no reconocido. El análisis aún no es de uso generalizado y depende de la capacidad de la PCR para amplificar cantidades diminutas de DNA mutante a partir de las células epiteliales que se desprenden del tumor.

En años recientes se descubrió una tercera clase de genes que predispone a neoplasias malignas. Los llamados **genes mutantes** se unieron a los oncogenes y los genes supresores tumorales como factores de riesgo. La función normal de los genes mutantes es la reparación del daño al DNA que producen las agresiones ambientales (como la exposición a carcinógenos y la radiación ultravioleta). Cuando un gen mutante presenta una mutación en sí mismo, el daño en el DNA se acumula; a la larga afecta a los oncogenes y los genes supresores tumorales, lo que aumenta la probabilidad de cáncer. El cáncer colónico familiar no polipósico es un síndrome familiar secundario a mutaciones en alguno de los cinco genes mutantes identificados hasta ahora (*MSH2* y *MLH1* son las causas más frecuentes de cáncer colónico familiar no polipósico).

Muchos años de estudio sobre la citogenética de los tumores antecedieron a este excelente trabajo sobre la naturaleza molecular de la oncogénesis. En realidad, el gen supresor tumoral del retinoblastoma pudo aislarse porque una pequeña cantidad de pacientes con esta malformación presenta una delección constitutiva del cromosoma 13, donde se ubica este gen. Se descubrió que otras alteraciones cromosómicas son muy características, incluso específicas, de ciertos tumores (cuadro 44-7). Por lo tanto, la identificación de estas alteraciones citogenéticas puede favorecer el diagnóstico.

Las neoplasias hematológicas son muy apropiadas para el estudio por la relativa facilidad para efectuar análisis citogenéticos. Estas neoplasias malignas se relacionan con más de 100 reacomodos cromosómicos específicos, sobre todo translocaciones. La mayor parte de estas reconfiguraciones se limita a un tipo específico de cáncer (cuadro 44-8) y el resto ocurre en muchos cánceres.

En las leucemias, la alteración cromosómica es la base de una de las clasificaciones de la enfermedad. Cuando se combina la información citogenética con la clasificación histológica, es posible definir a subgrupos de pacientes con respuesta al tratamiento, evolución clínica y pronóstico predecibles. Cuando no hay cambios cromosómicos en las células de la médula ósea al momento del diagnóstico, el tiempo de supervivencia es mayor si alguna o todas las células de la médula ósea poseen características

Cuadro 44–7. Aberraciones cromosómicas relacionadas con tumores sólidos representativos

Tumor	Aberración cromosómica
Carcinoma de células renales	del(3)(p14.2–p25) o translocación de esta región
Carcinoma pulmonar microcítico	del(3)(p14–p23)
Meningioma	del(22)(q11) ¹
Neuroblastoma	del(1)(p36), del(11)(q23)
Retinoblastoma, osteosarcoma	del(13)(q14.1) o translocación de esta región
Tumor de Wilms	del(11)(p15)

¹La nomenclatura significa “una deleción en la banda q11 del cromosoma 22”.

citogenéticas anormales. A medida que ocurren los cambios cromosómicos secundarios, la leucemia se vuelve más agresiva, y a menudo se relaciona con resistencia farmacológica y menor probabilidad de remisión completa o prolongada. El cambio cromosómico menos ominoso es la alteración numérica sin alteración morfológica.

Hay menos información citogenética disponible acerca de los linfomas y trastornos hematológicos premalignos en comparación con la leucemia. En la enfermedad de Hodgkin, los estudios se han limitado por la escasa producción de células en división y la baja cantidad de clonas con aneuploidía clara, por lo que se dispone de análisis cromosómicos completos con determinación de bandas para muchos menos pacientes que en el caso de cualquier otro linfoma. En la enfermedad de Hodgkin, la moda del número cromosómico tiende a ser triploide o tetraploide. Cerca de un tercio de las muestras tiene un cromosoma 14q+. En los linfomas no Hodgkin, las técnicas de alta resolución para la identificación de bandas reconocen anomalías en 95% de los casos. En la actualidad, los hallazgos citogenéticos se relacionan con las características inmunitarias e histológicas, además del pronóstico.

En el linfoma de Burkitt (un tumor sólido que se origina en las células B), 90% de los pacientes sufre translocación entre el brazo largo del cromosoma 8 y el brazo largo del cromosoma 14, con sitios de rotura cromosómica en o cerca de los loci para inmunoglobulina y oncogenes.

Cuadro 44–8. Aberraciones cromosómicas relacionadas con neoplasias malignas hematológicas representativas

Tumor	Aberración cromosómica
Leucemia	
Mieloblástica aguda	t(8;21)(q22;q11) ¹
Promielocítica aguda	t(15;17)(q22;q11–q12)
Monocítica aguda	t(10;11)(p15–p11;q23)
Mielógena crónica	t(9;22)(q34;q11)
Linfomas	
Burkitt	t(8;14)(q24.1;q32.3)
De células B	t(1;14)(q42;q43)
De células T	inv, del y t de 1p13–p12
Premalignidad	
Policitemia vera	del(20)(q11)

¹La nomenclatura significa “una translocación con la unión en la banda q22 del cromosoma 8 y q11 del cromosoma 21”.

La inestabilidad de los cromosomas también predispone al desarrollo de algunas neoplasias malignas. En ciertas enfermedades autosómicas recesivas (como ataxia-telangiectasia, síndrome de Bloom y anemia de Fanconi), las células muestran tendencia a la **inestabilidad genética**, es decir, a la rotura cromosómica y reacomodos *in vitro*. Estas enfermedades se vinculan con alta incidencia de neoplasia, sobre todo leucemia y linfoma.

Algunas alteraciones cromosómicas conocidas por su efecto en el fenotipo también predisponen al desarrollo de tumores. Por ejemplo, los pacientes con síndrome de Down (trisomía 21) tienen aumento de 20 veces en el riesgo de leucemia; los varones 47,XXY (síndrome de Klinefelter) poseen un riesgo 30 veces mayor de cáncer mamario y las mujeres fenotípicas XY muestran mayor riesgo de desarrollar cáncer ovárico, en particular gonadoblastoma.

Las indicaciones para análisis citogenético de la neoplasia continúan en desarrollo. No todos los tumores requieren estudio; sin embargo, cuando la neoplasia es de tipo impreciso (sobre todo leucemias y linfomas), con antecedente familiar notorio de neoplasia temprana, así como en ciertas tumoraciones relacionadas con posibles defectos cromosómicos generalizados (presentes en células no neoplásicas), debe considerarse el análisis citogenético.

Grimwade D et al. Gene-expression profiling in acute myeloid leukemia. *N Engl J Med*. 2004 Apr 15;350(16):1676-8. [PMID: 15084701]

Nathanson KL et al. The Y deletion gr/gr and susceptibility to testicular germ cell tumor. *Am J Hum Genet*. 2005 Dec;77(6):1034-43. [PMID: 16380914]

Rajagopalan H et al. Aneuploidy and cancer. *Nature*. 2004 Nov 18;432(7015):338-41. [PMID: 15549096]

Tobias E et al. The molecular biology of cancer. In: *Emery and Rimoin's Principles and Practice of Medical Genetics*, 5th ed. Rimoin DL et al (editors). Churchill Livingstone, 2007.

Traverso G et al. Detection of APC mutations in fecal DNA from patients with colorectal tumors. *N Engl J Med*. 2002 Jan 31;346(5):311-20. [PMID: 11821507]

Weiss JR et al. Epidemiology of male breast cancer. *Cancer Epidemiol Biomarkers Prev*. 2005 Jun;14(1):20-6. [PMID: 15668471]