

POS-C33*PD en Cuaternario: Cambios Ambientales y Huella Humana***CONTRIBUCIÓN DE LA PALEOGENÉTICA AL CONOCIMIENTO DE LOS FACTORES GENÉTICOS ASOCIADOS A LAS ARTROPATÍAS INFLAMATORIAS**

Imanol Martín Laza Montserrat Hervella Afonso Concepción de la Rúa Vaca

Departamento de Genética, Antropología Física y Fisiología Animal Facultad de Ciencia y Tecnología Universidad del País Vasco (UPV-EHU)

Las Artropatías Inflamatorias (Als) son un grupo de enfermedades reumáticas en las que interviene el sistema inmunitario, que cursan con inflamación, deformación y en ocasiones fusión de las diferentes articulaciones, reduciendo la calidad de vida del paciente. Dentro de las Als destacan: artritis reumatoide, artritis psoriásica, espondilitis anquilosante, entre otras. Las Als son causadas por una combinación de factores genéticos y ambientales, aunque en algunas de ellas no se conoce con exactitud su etiopatogenia. No obstante, se han descubierto polimorfismos dentro de diferentes genes asociados con el desarrollo de estas patologías. En este estudio se han analizado 43 individuos recuperados en el yacimiento de San Miguel de Ereñozar (Ereño, Bizkaia) en los que se han encontrado diferentes grados de afectación de las Als. Uno de nuestros objetivos es poder relacionar estos fenotipos patológicos con los análisis genéticos de asociación (GWAS, Genome-Wide Association Study) previamente realizados y poder verificar cuáles de los polimorfismos de los genes asociados a las Als se encuentran en los sujetos afectados por estas patologías. De forma preliminar, se ha analizado el linaje mitocondrial de los individuos, detectando diferentes haplogrupos mitocondriales, como CRS, H, J, U, entre otros, lo que ha permitido descartar que se trate de una población endógama. Por otro lado, se han analizado algunos de los marcadores nucleares (alelo HLA-B27, gen IL-23R y gen ERAP1) asociados a las Als en los diferentes enterramientos, encontrándose el alelo HLA-B27, el marcador genético que mayor grado de asociación presenta con la espondilitis anquilosante. Una vez descritas las mutaciones significativas de estas enfermedades, se podrá establecer un haplotipo de riesgo para contribuir al diagnóstico precoz de este grupo de enfermedades en la población actual.