

Asociación de las variantes rs1800925 y rs1881457 de IL13 con asma grave en población del Occidente de México

Association of IL13 rs1800925 and rs1881457 variants with severe asthma in a population from Western Mexico

Ingrid Berenice Montoya-Delgado^{1,2} , Bricia Melissa Gutierrez-Zepeda^{1,2} ,
Antonio Quintero-Ramos^{3,4}, Itzel Vianey Ochoa-García³ , Margarita Ortega-Cisneros³,
Alicia Del Toro-Arreola¹ , Adrian Daneri-Navarro¹ 

¹Laboratorio de Inmunología, Departamento de Fisiología, Centro Universitario de Ciencias de la Salud, Universidad de Guadalajara, Guadalajara, Jalisco, México

²Doctorado en Genética Humana, Departamento de Biología Molecular y Genómica, Centro Universitario de Ciencias de la Salud, Universidad de Guadalajara, Guadalajara, Jalisco, México

³Departamento de Inmunología Clínica y Alergia, Hospital de Especialidades, Centro Médico Nacional de Occidente, Instituto Mexicano del Seguro Social, Guadalajara, Jalisco, México

⁴Unidad de Investigación Biomédica 02, Unidad Médica de Alta Especialidad, Hospital de Especialidades, Centro Médico Nacional de Occidente, Instituto Mexicano del Seguro Social, Guadalajara, Jalisco, México

Correspondencia:

Ingrid Berenice Montoya Delgado
ingrid.montoya9883@alumnos.udg.mx

Rev Alerg Mex 2025; 72 (3): 95

<https://doi.org/10.29262/ram.v72i3.1493>

Resumen

Antecedentes: El asma es una enfermedad inflamatoria crónica con obstrucción variable del flujo aéreo. El asma grave (3-10% de los casos) requiere corticosteroides en altas dosis, aumentando el riesgo de exacerbaciones. Las variantes rs1800925 y rs1881457 de IL13, implicadas en la regulación de la inflamación, se han asociado con la gravedad del asma en diversas poblaciones, pero su impacto en México no ha sido estudiado.

Objetivo: Evaluar la asociación de las variantes rs1800925 y rs1881457 de IL13 en pacientes con asma grave.

Métodos: Se analizaron 100 pacientes con asma grave y 150 controles sanos. Se extrajo y cuantificó DNA para genotipificación mediante discriminación alélica. Se evaluaron función pulmonar, niveles de IgE, hospitalizaciones, síntomas, medicación y exposición a alérgenos. Se calcularon haplotipos y desequilibrio de ligamiento (DL).

Resultados: No hubo diferencias significativas en las frecuencias alélicas/genotípicas entre grupos. Se observó fuerte DL entre rs1800925 y rs1881457 ($D'=0.83$, $r^2=0.77$, $p<0.05$). El 77% presentó endotipo Th2 eosinofílico, el 70% alergia a aeroalérgenos y el 54% mostró control insuficiente de la enfermedad. Las mujeres usaron más medicación de alivio y tuvieron más síntomas nocturnos ($p<0.05$).

Conclusión: Las variantes presentan un fuerte DL, pero no muestran asociación significativa con AG en esta población. La alta prevalencia del endotipo Th2 eosinofílico y la sensibilización a aeroalérgenos refuerzan el papel de la inflamación alérgica en la enfermedad. Además, las diferencias según el sexo sugieren una mayor afectación en mujeres, lo que podría influir en el manejo clínico del AG. Se requieren estudios más amplios para confirmar estos hallazgos.

Palabras clave: Asma grave; Variantes genéticas; IL13; Inflamación alérgica; Desequilibrio de ligamiento.

Abstract

Background: Asthma is a chronic inflammatory disease with variable airflow obstruction. Severe asthma (3–10% of cases) requires high-dose corticosteroids, increasing the risk of exacerbations. The IL13 rs1800925 and rs1881457 variants, involved in the regulation of inflammation, have been associated with asthma severity in various populations, but their impact in Mexico has not been studied.

Objective: To evaluate the association of the IL13 rs1800925 and rs1881457 variants in patients with severe asthma.

Methods: One hundred patients with severe asthma and 150 healthy controls were analyzed. DNA was extracted and quantified for genotyping using allelic discrimination. Lung function, IgE levels, hospitalizations, symptoms, medications, and allergen exposure were assessed. Haplotypes and linkage disequilibrium (LD) were calculated.

Results: There were no significant differences in allele/genotype frequencies between groups. A strong LD was observed between rs1800925 and rs1881457 ($D'=0.83$, $r^2=0.77$, $p<0.05$). 77% had an eosinophilic Th2 endotype, 70% had aeroallergen allergy, and 54% had insufficient disease control. Women used more reliever medication and had more nighttime symptoms ($p<0.05$).

Conclusion: The variants exhibit a strong LD but do not show a significant association with AG in this population. The high prevalence of the eosinophilic Th2 endotype and sensitization to aeroallergens reinforce the role of allergic inflammation in the disease. Furthermore, sex differences suggest a greater incidence in women, which could influence the clinical management of AG. Larger studies are needed to confirm these findings.

Keywords: Severe asthma; Genetic variants; IL-13; Allergic inflammation; Linkage disequilibrium.