



141 - ESTUDIO DE FACTORES GENÉTICOS ESPECÍFICOS DE LA POBLACIÓN CANARIA Y SU ASOCIACIÓN CON LA DIABETES TIPO 1. RESULTADOS DEL CONSORCIO INTERNACIONAL DE GENÉTICA DE LA DIABETES TIPO 1

N.M. Suárez¹, M. Hernández², J. Nóvoa Mogollón³, M.J. Rodríguez Troyano³, M. Boronat³, Á. Santana⁴, A.M. Wägner³ y Grupo Español de Genética de la Diabetes tipo 1

¹Instituto Universitario de Investigaciones Biomédicas y Sanitarias. Universidad de Las Palmas de Gran Canaria.

²Servei d'Endocrinologia i Nutrició. Hospital Universitari Arnau de Vilanova. Lleida. ³Departamento de Endocrinología y Nutrición. Complejo Hospitalario Universitario Insular Materno Infantil. Las Palmas de Gran Canaria. ⁴Departamento de Matemáticas y Estadística. Universidad de Las Palmas de Gran Canaria.

Resumen

Introducción: Canarias tiene la mayor incidencia de diabetes tipo 1 (DT1) infantil en España. La población canaria presenta ciertas particularidades genéticas en relación a su origen ancestral. El objetivo de este trabajo fue comparar las variantes genéticas identificadas en las familias canarias y peninsulares que participaron en el consorcio internacional de genética de la diabetes tipo 1 (T1DGC).

Métodos: Se usaron los datos generados por el T1DGC, donde se genotiparon 3.263 familias (149 españolas [676 individuos], 42 [184 individuos] de Canarias) con al menos 2 hermanos con DT1. El genotipado incluía 6090 variantes con una distancia media entre ellas de 0,58 cM (Illumina Human Linkage12 Beadchip). Las frecuencias de dichas variantes fueron comparadas entre la población canaria y la peninsular (χ^2 con corrección de test múltiples), y se evaluó su asociación con la DT1 (Cochran-Mantel-Haenszel test), controlando una posible estructuración de los datos basada en el origen de los individuos, usando el programa PLINK v1,07.

Resultados: Un total de 576 individuos (296 casos y 278 controles) incluyendo 167 canarios tenían genotipadas $\geq 90\%$ de las variantes analizadas. Un total de 5.147 variantes estaban genotipadas en $\geq 90\%$ de los individuos. De éstas, se descartaron 53 por presentar una frecuencia del alelo menor inferior a 0,05. Las variantes restantes ($n = 5.094$) no presentaban diferencias significativas en su frecuencia entre las poblaciones analizadas (Canarias vs. Península; $p > 0,05$). Además, ninguna de estas variantes cosegregaba significativamente con la DT1 ($p > 0,05$), a pesar de los hallazgos positivos del proyecto T1DGC.

Conclusiones: La falta de diferencias significativas en las frecuencias de las variantes analizadas invita a una investigación más exhaustiva de los factores genéticos, ampliando la densidad del genotipado y el tamaño muestral.

Agradecimientos: datos del T1DGC. Financiación: Juvenile Diabetes Research Foundation y Ministerio de Universidades.