



19 - DISEÑO DE ESTRATEGIAS PARA LA CARACTERIZACIÓN DE BIOMARCADORES DE TEJIDO ADIPOSO PERIPROSTATICO DE PACIENTES CON OBESIDAD Y/O CÁNCER DE PRÓSTATA

J.M. Pérez Gómez^{1,2,3}, M.D. Gahete Ortiz^{1,2,3}, R. Guzmán Ruiz^{1,2,3}, M.M. Malagón Poyato^{1,2,3} y R.M. Luque Huertas^{1,2,3}

¹IMIBIC. Instituto Maimónides de Investigación Biomédica de Córdoba (IMIBIC). Córdoba. ²Universidad de Córdoba. Departamento de Biología celular, Fisiología e Inmunología. Universidad de Córdoba. ³Hospital Universitario Reina Sofía. Córdoba. ⁴CIBER. CIBER Fisiopatología de la Obesidad y Nutrición (CIBERObn).

Resumen

Introducción: La obesidad (OB) está causada por un desequilibrio energético que provoca la disfunción del tejido adiposo, y la aparición de múltiples comorbilidades, como ciertos tipos de cáncer. Entre ellos, se sitúa el cáncer de próstata (CaP), una de las principales causas de muerte por cáncer en hombres a nivel mundial. En este contexto, el tejido adiposo periprostatático (TAPP) ha ganado atención como elemento regulador clave de la relación fisiopatológica entre OB-CaP, pero no existen estudios que evalúen la validez de genes de referencia (*House Keeping Genes, HKG*) para análisis de la expresión génica de biomarcadores de TAPP en condiciones patológicas.

Objetivos: Evaluar el potencial de una selección de *HKG* en muestras de TAPP de pacientes con OB y/o CaP.

Métodos: Se seleccionaron bibliográficamente 19 potenciales *HKG* para evaluar sus niveles de expresión mediante PCR cuantitativa en una cohorte-exploratoria de TAPP de pacientes normopeso/obesos, con y sin CaP (n = 20; 5/grupo). Los resultados fueron validados empleando una cohorte-ampliada (n = 76) mediante un array microfluídico cuantitativo (Fluidigm). La estabilidad como *HKG* se evaluó mediante los programas GeNorm, BestKeeper y NormFinder.

Resultados: *LRP10*, seguido de *PGK1* y *RPLP0* presentaron la menor variabilidad en los niveles de expresión en los grupos comparados, obteniendo la mejor puntuación como *HKG* en todos los programas usados, en ambas cohortes analizadas, y mediante las dos metodologías empleadas (PCR-cuantitativa/Fluidigm). La validación de estos genes fue corroborada mediante el análisis de genes típicamente asociados a OB y CaP. Por último, *HMBS*, *ATP5PB* y *GUSB* fueron los genes con mayor variabilidad.

Conclusiones: *LRP10*, *PGK1* y *RPLP0* pueden utilizarse como controles óptimos para estudios de expresión génica en TAPP de pacientes con OB y/o CaP.

Financiación: MICINN (PID2019-105564RB-I00/PID2019-108403RB-100/FPU18-06009); Junta de Andalucía (BIO-0139); CIBERObn.