



P-138 - ASOCIACIÓN DE LOS PATRONES DE METILACIÓN DEL TEJIDO ADIPOSO OBTENIDO EN LA CIRUGÍA BARIÁTRICA CON LA DIABETES MELLITUS TIPO 2 EN SUJETOS CON OBESIDAD MÓRBIDA

A.M. Peris Alfonso^a, N. Yun Wu Xiong^a, J. Martínez Ibáñez^b, P. Rentero Garrido^c, F.J. Chaves^d, M. Civera^a y J.T. Real^a

^aHospital Clínico Universitario, Valencia. ^bFundación Hospital Calahorra, Calahorra. ^cUnidad de Medicina de Precisión INCLIVA, Valencia. ^dCIBER de Diabetes y Enfermedades Metabólicas asociadas (CIBERDEM), Valencia.

Resumen

Introducción: La obesidad es una enfermedad metabólica producida por un acúmulo excesivo o anómalo de grasa en el organismo que condiciona numerosas complicaciones metabólicas, entre ellas la resistencia a la insulina, que favorece la aparición de diabetes tipo 2 (DM2). La metilación es la modificación epigenética mejor estudiada y regula la expresión de los genes a través del proceso de la transcripción genética. No existen biomarcadores epigenéticos específicos que expliquen por qué algunos pacientes obesos tienen mayor riesgo de resistencia a la insulina y DM2.

Objetivos: Estudiar y analizar el patrón de metilación del ADN en los tejidos adiposos obtenidos durante el bypass gastroyeyunal de sujetos con obesidad mórbida. Identificar genes relacionados con DM2 en pacientes con obesidad mórbida.

Material y métodos: Se trata de un estudio de casos-controles. Se consideraron casos a aquellos pacientes con obesidad mórbida sometidos a cirugía bariátrica con DM2 y controles a aquellos sin esta patología. Se estudiaron 40 pacientes con obesidad mórbida incluidos en el programa de cirugía bariátrica de nuestro centro. En todos los sujetos se analizaron los marcadores epigenéticos en adipocitos (procedentes de tejido adiposo omental y subcutáneo) obtenidos durante la intervención del bypass gastroduodenal y su relación con la DM2.

Resultados: De los 40 sujetos estudiados, 28 (70%) presentaban DM2. En el grupo con DM2 se objetivó un peso inicial de $119,4 \pm 15,7$ Kg, IMC de $41,9 \pm 5,0$ Kg/m², HbA1c $6,9 \pm 1,2\%$ y HOMA-R de $6,4 \pm 4,8$; en el grupo control un peso inicial de $142,2 \pm 23,0$ Kg, IMC de $47,4 \pm 6,2$ Kg/m², HbA1c $5,6 \pm 0,3\%$ y HOMA-R de $5,1 \pm 2,6$. Tras el análisis de los chips de Illumina del ADN de los tejidos obtenidos se observaron diferencias en 39 sitios de metilación en grasa subcutánea y 41 en grasa visceral, considerando diferencias superiores al 10% del estado de metilación. De estas posiciones se realizaron PCR-RT en 11 sitios: cg14530382, cg07064495, cg19533582, cg07249765, cg26354017, cg14341177, cg08441918, cg04245305, cg08354527, cg22730047, cg22504140.

Conclusiones: Se observan diferencias en el patrón de metilación en los tejidos adiposos visceral y subcutáneo en sujetos con obesidad mórbida según presenten o no diabetes.