



5 - ANÁLISIS DE TRANSCRIPTOMA COMPLETO VALORANDO LA INFLUENCIA DEL NIVEL EDUCATIVO EN LA EXPRESIÓN DE GENES EN PERSONAS CON SOBREPESO Y SÍNDROME METABÓLICO

B. Roig-Espert^a, E.M. Asensio^b, C. Ortega-Azorín^b, I. González-Monje^b, J.V. Sorli^b, D. Corella^b, Ó. Coltell^c y O. Portolés^b

^aHospital de Manises. Valencia. ^bUniversitat de València y CIBER Fisiopatología de la Obesidad y Nutrición. ISCIII. Valencia. ^cUniversitat Jaume I. Castellón.

Resumen

Introducción: Existe una asociación entre el nivel de estudios y la prevalencia de obesidad, siendo mayor a menor nivel educativo. Múltiples estudios de epigenoma completo han encontrado consistentes asociaciones entre nivel socioeconómico/educativo y metilación en determinados genes. Sin embargo, a nivel de transcriptoma los estudios son menos numerosos, y aunque algunos estudios realizados indican también una influencia, todavía es necesaria más investigación al respecto en diferentes poblaciones. Nuestro objetivo es valorar la influencia del nivel de estudios en la expresión de genes en personas de edad avanzada con sobrepeso/obesidad y síndrome metabólico en un análisis de transcriptoma completo.

Métodos: Se analizaron 92 participantes (hombres y mujeres entre 55 y 75 años con obesidad o sobrepeso y con síndrome metabólico) del estudio PREDIMED PLUS-Valencia. El ARN fue aislado a partir de sangre en la visita basal mediante el robot/kits Maxwell. Tras el control de calidad y procesamiento del ARN, se estudió la expresión de transcriptoma completo con el GeneChip™ Human Gene 2.0, realizando los análisis estadísticos con el Partex Genome Suite. El nivel de estudios se consideró como: sin estudios, primarios, secundarios, universitarios grado I y grado II. Se utilizaron modelos ajustados por edad, sexo, IMC, tabaco y diabetes.

Resultados y conclusiones: Se identificaron varios genes expresados diferencialmente en función del nivel de estudios incluso tras ajuste multivariante. Fueron: DIS3L2, IL10RB-AS1, FAS-AS1, DENND2D, ZFP3, CBY1, DNAH6, EXOSC2, PITPNM2, ZSCAN12, DNAJC16 y MBLAC2, con valores de p: 1,87E-06; 5,42E-06; 1,52E-05; 1,57E-05; 1,80E-05; 1,86E-05; 2,40E-05; 2,43E-05; 2,51E-05; 2,69E-05; 2,78E-05 y 3,47E-05; respectivamente. Para la mayoría de estos genes se detectó menor expresión con mayor nivel de estudios, aunque para otros genes la relación fue inversa. Es necesario realizar análisis adicionales para caracterizar mejor las diferencias en expresión.