



Endocrinología, Diabetes y Nutrición



P-037 - Comparación del patrón epigenético ente gestantes sin Diabetes Gestacional y aquellas con Diabetes gestacional en función del tratamiento

T.M. Linares^{a,b,d}, A. Fernández Valero^{a,b}, M. Suárez Arana^c, F. Lima^{a,b}, M. Molina Vega^{a,b}, M.J. Picón^{a,b,d} y S. Morcillo^{a,b,d}

^aIBIMA, Málaga. ^bUnidad de Gestión Clínica de Endocrinología y Nutrición, Hospital Universitario Virgen de la Victoria, Málaga. ^cUnidad de Gestión Clínica de Ginecología y Obstetricia, Hospital Regional de Málaga, Málaga. ^dCIBER fisiopatología de la Obesidad y Nutrición, Málaga.

Resumen

Introducción: La diabetes gestacional (DG) se conoce como una intolerancia a la glucosa de severidad variable que se diagnostica durante el embarazo. Tanto estas mujeres como su descendencia, tiene mayor riesgo de sufrir alteraciones metabólicas en el futuro. Factores como la nutrición o el ambiente intrauterino puede ejercer un importante papel, mediante mecanismos epigenéticos, en el desarrollo de la DG así como en la determinación del tratamiento.

Objetivos: Identificar posibles marcas epigenéticas que nos permitan predecir la evolución metabólica de las mujeres con DG durante el embarazo, así como la necesidad de tratamiento farmacológico.

Material y métodos: El diagnóstico de DG se realizó en dos pasos mediante test de O'Sullivan y sobrecarga oral de glucosa de 100 gramos (SOG-100). Se seleccionaron un grupo de 16 gestantes con DG y 16 embarazadas con diagnóstico de DG negativo tras la SOG-100 gr (control), procedentes de la cohorte EPI-DG. Se analizó el perfil de metilación del ADN mediante el array Methylation EPIC Beadchip de Illumina, tanto en el momento del diagnóstico (semana 24-28; t0) como antes del parto (semana 36-38; t1). El Raw data fue analizado con el paquete de R ChAMP versión 2,9.10. El análisis estadístico se hizo con el paquete lima para R, usando un False Discovery Rate (FDR) |5|%.

Resultados: Se comparó el perfil epigenético de las embarazadas con DG frente a las controles en el momento del diagnóstico (t0) y antes del parto (t1), ajustando por: edad, IMC previo, sexo del feto, ganancia de peso, edad gestacional, HOMAIR y el tratamiento. Se obtuvieron 272 posiciones diferencialmente metiladas (DMPs), que se mantuvieron a lo largo del tiempo. De estos 272 sitios, 77 CpGs fueron estadísticamente diferentes entre el grupo control y las embarazadas con DG que requirieron insulina. Entre los CpGs más diferenciados, entre estos grupos, encontramos 3 CpGs que se localizan en genes relacionados con alteraciones en el metabolismo. El gen SELP se ha asociado con la modulación de la secreción de insulina, mientras que cambios epigenéticos en PAX7, debido a la restricción de crecimiento intrauterino, puede afectar al fenotipo de los islotes pancreáticos. Por último, SYNE2 está relacionado con los niveles de HDL-C y con complicaciones cardíacas.

Conclusiones: Algunos sitios específicos de metilación (CpGs) podrían ser buenos biomarcadores

del desarrollo de DG en mujeres embarazadas, así como predictores de la necesidad de tratamiento farmacológico durante el embarazo.