



CO-017 - IDENTIFICACIÓN DE MARCAS EPIGENÉTICAS COMPARTIDAS ENTRE MADRES CON DG Y SU DESCENDENCIA Y SU ASOCIACIÓN CON VARIABLES ANTROPOMÉTRICAS DEL RECIÉN NACIDO

T.M. Linares Pineda^{a,b}, A. Piserra López Fernández de Heredia^d, M.J. Estébanez Prieto^e, M. Suárez-Arand^c, M. Molina^{a,e}, M.J. Picón^{a,e} y S. Morcillo^{a,b,e}

^aIBIMA, Málaga, España. ^bCIBER Fisiopatología de la Obesidad y Nutrición-CIBEROBN, España. ^cUnidad de Gestión Clínica Ginecología y Obstetricia, Hospital Regional de Málaga, Málaga, España. ^dUnidad de Gestión Clínica Cardiología, Hospital Universitario Virgen de la Victoria, Málaga, España. ^eUnidad de Gestión Clínica Endocrinología, Hospital Universitario Virgen de la Victoria, Málaga, España.

Resumen

Introducción y objetivos: La diabetes gestacional (DG) es conocida como una intolerancia a la glucosa que se diagnostica durante el embarazo. Tanto estas mujeres como su descendencia enfrentan un mayor riesgo de desarrollar alteraciones metabólicas en el futuro. Diferentes estudios han mostrado que existen marcas epigenéticas (metilación del ADN) diferentes entre las mujeres con DG y aquellas que no desarrollan DG, y que estas marcas pueden ser transmitidas a la descendencia. El objetivo es identificar si las marcas epigenéticas que diferencian entre el grupo de madres con DG frente al grupo control a lo largo del embarazo, también se encuentran diferencialmente metiladas en muestras de sangre de cordón de su descendencia. Así como, evaluar si esas marcas se correlacionan con variables antropométricas en los recién nacidos.

Material y métodos: El diagnóstico de la DG se realizó en las madres en la semana 24-28 mediante test de O'Sullivan y una posterior sobrecarga oral de glucosa de 100 gramos (SOG-100), siguiendo los criterios NDDG. En estudios anteriores del grupo, se demostró que existían 272 posiciones diferencialmente metiladas (DMP) entre DG y controles, en sangre materna, que se mantenían a lo largo del embarazo. En esta ocasión, hemos realizado un array de metilación de Illumina (Methylation EPIC Beadchip) en muestras de sangre de cordón de 28 recién nacidos (15 descendientes de madres no-DG y 13 de madres con DG). El Raw data fue analizado con los paquetes de R minfi, y missMethyl. El análisis estadístico se realizó con el paquete lina para R, ajustando por: sexo del niño, y peso del recién nacido ($p < 0,05$). Posteriormente, con los DMP resultantes, se realizó un análisis de correlación con las variables antropométricas del niño mediante el test de Spearman ($p < 0,05$).

Resultados: Del total de 272 DMP diferencialmente metiladas a lo largo del embarazo en sangre materna, encontramos 53 DMP en las muestras de sangre de cordón. De estos CpGs, 8 se encontraban anotados en el gen FAM41C, 5 en el gen NOCL2 y 3 en el gen SAMD11. Cuando hacemos la correlación con los percentiles del peso, talla, y perímetro cefálico del recién nacido obtuvimos que los CpGs cg03905795 (FAM41C), cg09092525, cg11745885, cg15329406, cg18200810, cg27603605 se correlacionaban con el percentil del peso ($p < 0,05$). Y los CpGs

cg09676390 (SAM11), cg18200810 y cg18671364 (FAM41C), se correlacionaron con el perímetro cefálico ($p < 0,05$).

Conclusiones: Existen marcas epigenéticas compartidas entre las madres con DG y su descendencia, indicando una posible transmisión madre-hijo. Algunas de estas marcas diferencialmente metiladas en ambos (madres e hijos) se asociaron a su vez con variables relacionadas con el crecimiento del niño. La exposición a la DG influye en el epigenoma de la madre y de su descendencia.