



Endocrinología y Nutrición



372 - PERFIL DE EXPRESIÓN GÉNICA PERIFÉRICA EN PACIENTES OBESOS SIN SÍNDROME METABÓLICO

D. de Luis Román, O. Izaola Jauregui, D. Primo Martín, B. de la Fuente Salvador, G. Díaz Soto, E. Gómez Hoyos, J.J. López Gómez, B. Torres Torres, A. Villar Bonet y E. Romero Bobillo

Centro de Investigación de Endocrinología y Nutrición Clínica. Valladolid. España.

Resumen

Introducción: El estudio de las bases genéticas de la obesidad es importante en una enfermedad tan prevalente. La posibilidad de realizar análisis de expresión génica a través de células sanguíneas facilitaría el abordaje genético de esta enfermedad.

Objetivos: El objetivo de nuestro estudio fue evaluar si los pacientes obesos sin síndrome metabólico poseen un perfil típico de expresión génica de células periféricas de sangre.

Métodos: Una muestra de 17 sujetos obesos sin síndrome metabólico y 15 controles fueron incluidos. Tras un análisis de microarrays, protocolo Versión 5.7 (Agilent p/n 4.140 -90.040), se hibridó 3 g de cRNA marcado con Whole Genoma Humano Oligo Microarray Kit (Agilent p/n G2519F-014850).

Resultados: La edad media del grupo de estudio fue $43,6 \pm 19,7$ años con una distribución por sexos de 64,7% mujeres y 35,3% hombres. No se encontraron diferencias estadísticas significativas con los controles (edad $41,9 \pm 12,3$ años, y sexo 70% mujeres y 30% hombres). Se identificaron un total de 1.436 genes expresados de manera diferente: 1248 sobreexpresados y 168 infraexpresados. El análisis de Ingenuity detectó 49 vías bioquímicas con un total de 13 categorías diferentes, agrupadas en: "función celular" y "metabolismo". En el conjunto de genes de la función celular, los más importantes fueron la región C-terminal de Nel como molécula de proteína 1 (NELL1) y el factor SPEDF, ambos sobreexpresaron. En los genes del metabolismo, IGF1, ApoA5, PtdIns (3) P 5-quinasa (PIKFYVE), AdipoR1 y AQP7 estaban sobreexpresados. Por otra parte, FOX4 y ROCK-2 estaban infraexpresados.

Conclusiones: Hemos encontrado que las células sanguíneas periféricas de pacientes obesos sin síndrome metabólico presentan cambios significativos en la expresión génica, con 1.436 genes expresados diferencialmente en comparación con los sujetos no obesos.