



## 50 - LA EXPRESIÓN GÉNICA DEL TEJIDO ADIPOSO SUBCUTÁNEO PREDICE LA RESPUESTA PONDERAL A LA CIRUGÍA BARIÁTRICA

C. Milad<sup>1</sup>, M. Párrizas<sup>2</sup>, R. Olbeyra<sup>3</sup>, A. Ibarzábal<sup>4</sup>, V. Moizé<sup>5</sup>, J. Vidal<sup>5</sup> y A. de Hollanda<sup>6</sup>

<sup>1</sup>Endocrinología y Nutrición, Hospital Clínic de Barcelona. <sup>2</sup>Institut d'Investigacions Biomèdiques August Pi i Sunyer, Barcelona, Centro de Investigación Biomédica en Red de Diabetes y Enfermedades Metabólicas Asociadas (CIBERDEM). <sup>3</sup>Institut d'Investigacions Biomèdiques August Pi i Sunyer, Barcelona. <sup>4</sup>Cirugía Gastrointestinal, Hospital Clínic de Barcelona. <sup>5</sup>Endocrinología y Nutrición, Hospital Clínic de Barcelona, Centro de Investigación Biomédica en Red de Diabetes y Enfermedades Metabólicas Asociadas (CIBERDEM). <sup>6</sup>Endocrinología y Nutrición, Hospital Clínic de Barcelona, Centro de Investigación Biomédica en Red de Obesidad y Nutrición (CIBEROBN).

### Resumen

**Introducción:** El tejido adiposo (TA) sufre transformaciones masivas durante el desarrollo o la resolución de la obesidad, lo que altera su funcionalidad y por ende el metabolismo del individuo. La cirugía bariátrica (CB) es el tratamiento más eficaz en personas con obesidad grave, sin embargo, la variabilidad en la pérdida de peso es importante. Hipotetizamos que las características funcionales del tejido adiposo, reflejadas en su perfil de expresión génica, influyen en la respuesta de pérdida ponderal a la CB y podrían explicar la respuesta limitada en un porcentaje de los pacientes.

**Métodos:** Perfilamos la expresión génica por hibridación en *microarrays* de muestras intraoperatorias de TA subcutáneo de 22 mujeres de 25-65 años con IMC 39-49 kg/m<sup>2</sup>. Correlacionamos los niveles de expresión génica con la pérdida de peso al año de la CB y determinamos su capacidad de predecir la respuesta ponderal.

**Resultados:** El perfil de expresión de las pacientes que perdieron 30% del peso inicial al año resultó significativamente diferente del resto de muestras, con 570 genes disminuidos y 538 genes aumentados. El TA subcutáneo de las pacientes que perdieron menos peso mostró un enriquecimiento significativo en genes implicados en adipogénesis, metabolismo de ácidos grasos y fosforilación oxidativa, mientras que las vías de hipoxia y señalización de TGF $\beta$  se encontraron disminuidas en las mismas muestras.

**Conclusiones:** El perfil de expresión génica del TA subcutáneo previo a la CB se asocia con el resultado de la pérdida de peso en respuesta a esta. Nuestros datos sugieren que el análisis de muestras preoperatorias podría predecir respuesta a la CB, lo que permitiría personalizar el tratamiento para maximizar las probabilidades de éxito.

Financiación: PI22/00394.