

O-040 - IDENTIFICACIÓN DE MARCADORES GENÉTICOS COMUNES PARA LA DIABETES, LA ATROSCLEROSIS Y LA ENFERMEDAD RENAL CRÓNICA MEDIANTE UN ANÁLISIS INTEGRADOR POR HERRAMIENTAS BIOINFORMÁTICAS

F. Andújar Vera^a, C. García Fontana^a, S. González Salvatierra^b, T. Márquez^b, A. García Martín^c, M. Muñoz Torres^d y B. García Fontana^c

^aHospital Universitario Campus de la Salud, Instituto de Investigación Biosanitaria de Granada (Ibs.Granada), Granada. ^bHospital Universitario Campus de la Salud, Instituto de Investigación Biosanitaria de Granada (Ibs.Granada), Universidad de Granada, Granada. ^cHospital Universitario Campus de la Salud, Instituto de Investigación Biosanitaria de Granada (Ibs.Granada), CIBERFES, Instituto de Salud Carlos III, Granada. ^dUnidad de Metabolismo Óseo, UGC Endocrinología y Nutrición, Hospital Universitario Campus de la Salud, Instituto de Investigación Biosanitaria de Granada (Ibs.Granada), CIBERFES, Instituto de Salud Carlos III, Universidad de Granada, Granada.

Resumen

Objetivos: Estudios recientes han mostrado una estrecha relación entre la diabetes mellitus, la aterosclerosis y la enfermedad renal crónica. Hoy en día con el avance en las tecnologías y la gran cantidad de datos nuevos que aparecen, se hace necesario estudiar el papel de la firma genética y las vías de señalización entre estas patologías.

Material y métodos: Se empleó la plataforma DisGeNET para el análisis de enfermedades humanas y sus genes, con el objeto de elegir la firma genética común para la diabetes mellitus, aterosclerosis y enfermedad renal crónica. Para el análisis de enriquecimiento de fenotipo clínico y rutas biológicas se utilizó el software FunRich. Las redes de interacción fueron estudiadas mediante el visualizador y analizador NetworkAnalyst.

Resultados: La minería de datos reveló que de 1.507 genes asociados a la diabetes mellitus, 663 genes tenían relación con las otras enfermedades de estudio, existiendo 153 genes comunes a las tres enfermedades. El análisis de enriquecimiento funcional mostró la implicación de los genes comunes en procesos vasculares (13%), genitourinarios (17%), cardiovasculares (14%) o de riñón (11%). El análisis de redes de interacción reveló que los genes NFKB1, ESR1, TP53, EGR1, EGFR, VCAM1, HIF1A, HSPA4 y SIRT1, formaban nodos sólidos con importantes asociaciones. El análisis de meta-regresión mostró una asociación moderada de estos genes con las tres enfermedades de estudio dando un considerable peso a esta firma genética común.

Conclusiones: El enfoque que se aplicó en este estudio sugiere una firma genética común con un fuerte vínculo con la diabetes mellitus, aterosclerosis y enfermedad renal crónica. Los estudios futuros de asociación de genes se deberían centrar en la relación de polimorfismos genéticos en múltiples enfermedades para lograr fármacos de acción común.