

P-040 - ASOCIACIÓN DE LAS CONCENTRACIONES DE HBA1C Y LA DIABETES DE TIPO 2 CON LA EXPRESIÓN GÉNICA EN EL TEJIDO ADIPOSO SUBCUTÁNEO

F. Arrieta^a, L. Montáñez^b, A. Bayone^b, P. Giordano^b, M. Piñera^b, J. Martínez-Botas^a y D. Gómez-Coronado^a

^aHospital Universitario Ramón y Cajal, IRYCIS.CIBEROBN, Madrid. ^bHospital Universitario Ramón y Cajal, Madrid.

Resumen

Introducción: La expresión génica regula los procesos celulares, su alteración a nivel de expresión génica en el metabolismo lipídico, ritmo circadiano y biomarcadores inflamatorios pueden asociarse con el riesgo de diabetes y a complicaciones metabólicas.

Objetivos: Estudiar la asociación entre los cambios de expresión de genes relacionados con el metabolismo lipídico, ritmos circadianos e inflamación en el tejido adiposo subcutáneo con la concentración de HBA1c, así como con la posesión de diabetes de tipo 2 (DM2).

Material y métodos: Se analizó la expresión génica en de tejido adiposo subcutáneo de 47 mujeres (21-54 kg/m²) con y sin DM2 según criterios de la ADA 2010, obtenidas mediante punción aspiración aguja fina (PAAF). Las muestras fueron inmediatamente congeladas y almacenadas a - 80 °C. Los genes estudiados fueron del ritmo circadiano (CLOCK, BMAL1, CRY1 y PER2), del metabolismo de los lípidos (CEBPB, ANGTL4, INSIG1, PPARG1, PPARG2, SREBP1, SREBP2, CDKN1c, CDKN2c, PGC1a y PGC1b) y de inflamación (TWEAKR y TWEAK), cuya expresión se determinó mediante RT-PCR en tiempo real. Se obtuvo sangre antes de la PAAF y tras de 12 horas de ayuno analizándose la concentración de HBA1c en plasma.

Resultados: Encontramos que los niveles de HBA1c tenían una correlación significativa negativa ($r = -0,387$, $p = 0,024$) con la expresión génica de CDKN2c y positiva con la expresión de CRY1 ($r = 0,458$, $p = 0,006$). La diabetes se asociaba significativamente con la expresión génica de PPARG1 = -0,49, $p = 0,00$, BGLAP $r = -0,30$, $p = 0,03$, CDKN1a $r = 0,53$, $p = 0,00$, CDKN2c $r = -0,40$, $p = 0,00$, PGC1a $r = -0,37$, $p = 0,01$, PGC1b $r = 0,35$, $p = 0,01$, TWEAKR $r = 0,31$, $p = 0,04$, y CRY $r = 0,42$, $p = 0,00$.

Conclusiones: La expresión de genes del ritmo circadiano, metabolismo lipídico y perfil inflamatorio en el tejido adiposo se correlaciona con el riesgo de DM y control metabólico, destacando los genes CDKN2c (metabolismo lipídico) y CRY1 (ritmo circadiano) por su asociación con los niveles de HBA1c y DM2.