



P-001 - ESTUDIO SED1-EPI. VALIDACIÓN DE LOS RESULTADOS OBTENIDOS EN LA COHORTE DM1-ASTURIAS

A.V. García Gómez^{a,b}, E. Villa-Fernández^{a,b}, E. Delgado^{a,b,c,d}, F. Gómez-Peralta^e, E. Menéndez Torre^{a,c,d}, P. Pujante^{a,c} y C. Lambert^a

Resumen

Introducción: La diabetes mellitus tipo 1 (DM1) es una enfermedad autoinmune que destruye las células β pancreáticas, provocando deficiencia de insulina. Su desarrollo es un resultado de un conjunto de factores ambientales, inmunológicos, metabólicos y epigenéticos, con un enfoque en el análisis de la expresión de los miRNAs en los últimos años. El estudio SED1 se basa en analizar el perfil y manejo de pacientes españoles con DM1 para evaluar los factores que pueden influir en su control óptimo, y el subestudio SED1-EPI, que busca identificar cambios epigenéticos asociados a la presencia de DM1 y sus comorbilidades.

Objetivos: Nuestro objetivo es validar los resultados del estudio DM1-Asturias (PMID: 37244952) en la cohorte española SED1, concretamente analizaremos los cambios en los niveles de expresión de los miARNs y su relación con el control metabólico.

Material y métodos: Se recogió plasma de 76 personas con DM1, además de 39 controles procedentes de todo el territorio nacional. Se estudió la expresión diferencial de 7 miARNs previamente estudiados en la cohorte DM1-Asturias, mediante RT-qPCR y se analizó estadísticamente, junto con los datos demográficos de los voluntarios.

Resultados: Tras el análisis de la expresión diferencial de 7 miARNs circulantes en el plasma de los participantes, se encontraron diferencias estadísticamente significativas en la expresión del hsa-miR-200a-3p, observándose mayor expresión en los controles frente a las personas con DM1 ($p = 0,035$). Aunque no estadísticamente significativo, se observa una expresión diferencial en el hsa-miR-141, también sobreexpresado en controles ($p = 0,097$). Por otro lado, se estudiaron las correlaciones entre la expresión de los miARNs y los parámetros antropométricos y bioquímicos. El IMC se encuentra correlacionado positivamente con la expresión del hsa-miR-200b-3p y el hsa-miR-224-5p. La HbA_{1c} se encuentra también correlacionada positivamente con la expresión de hsa-miR-1-3p, hsa-miR-340-5p, hsa-miR-9-5p y del hsa-miR-200a-3p.

Conclusiones: Hemos validado, en una cohorte nacional, los resultados procedentes del análisis epigenético en la cohorte DM1-Asturias. Concretamente hemos constatado la correlación existente entre el miRNA hsa-miR-1-3p y los niveles de HbA_{1c}, sugiriendo su posible implicación en las distintas etapas del desarrollo de la diabetes y sus complicaciones. Por otro lado, hemos analizado la expresión de diferentes miRNAs de la familia miR-200, y su relación con el índice de masa corporal. Esta familia de miRNAs ha sido relacionada con la función de las células beta en la diabetes mellitus. Un mejor conocimiento del estado epigenético de las personas con DM1 puede ayudar a un mejor control de la enfermedad y un diagnóstico más precoz.