



167 - DESARROLLO DE UN MÉTODO NO INVASIVO PARA EL DIAGNÓSTICO Y PREDICCIÓN DE LA ENFERMEDAD CELIACA: ANÁLISIS DE LOS NIVELES DE LNC13 Y GENES INFLAMATORIOS ASOCIADOS EN SALIVA

M. Sebastián-de la Cruz¹, A. Olazagoitia-Garmendia¹, M. Fiallegas Cano², N. Fernández-Jiménez¹, M. Legarda³, C. Tutau³, I. Irastorza^{1,3}, J.R. Bilbao^{1,4,5}, A. Huerta² y A. Castellanos-Rubio^{1,4,5,6}

¹Universidad del País Vasco, UPV-EHU. ²Hospital de Galdakao-Usansolo. ³Hospital Universitarios de Cruces, Vizcaya. ⁴Biocruces Research Institute. ⁵CIBERDEM. ⁶Ikerbasque, Basque Foundation for Science.

Resumen

Introducción: El lncRNA lnc13, que alberga el SNP rs917997 asociado con la enfermedad celíaca (EC), es un elemento clave para la regulación de la expresión de varios genes inflamatorios. Lnc13 está disminuido en la mucosa intestinal de celiacos resultando en niveles más altos de los genes inflamatorios asociados a este lncRNA. Dado que ciertos lncRNAs son detectables en saliva, y han sido propuestos como potenciales biomarcadores, la cuantificación de los niveles del RNA no codificante lnc13 y de los genes inflamatorios asociados en saliva podría reflejar el estado del intestino, pudiendo ser utilizados como criterio diagnóstico no invasivo para la EC.

Métodos: Se seleccionaron 13 genes cuya expresión es detectable en biopsias intestinales y en saliva y que presentan correlación tanto entre tejidos y como con los niveles de lnc13; todos sugeridos como posibles marcadores susceptibles de ser implementados como diagnóstico no invasivo de la EC. Se valoraron estos genes en saliva y en biopsias intestinales de pacientes tanto pediátricos como adultos: 18 casos incidentes previo dieta sin gluten y 21 controles.

Resultados: Tres de los genes analizados (*STAT1*, *CXCL1* y *CXCL8*) presentan una expresión aumentada en los pacientes con EC en ambos tejidos. La expresión de estos genes combinada con la de lnc13 en saliva representa entre un 2 y un 11% de la variabilidad observada en el intestino, lo que permitiría diagnosticar correctamente entre un 44 y 73% de las muestras respectivamente. Adicionalmente, los valores de expresión *IL1B* son más altos en la saliva de los pacientes, presentando una capacidad diagnóstica del 60%.

Conclusiones: La expresión de lnc13, *STAT1*, *CXCL1*, *CXCL8* e *IL1B* en biopsias y/o saliva es diferente entre los pacientes con nuevo diagnóstico de enfermedad celíaca y los controles. Los modelos predictivos derivados de sus combinaciones serán evaluados a ciegas en muestras de saliva con el fin de definir su utilidad como criterio diagnóstico no invasivo.