

57 IDENTIFICACIÓN DE GENES CAUSANTES DE NEFROPATÍAS HEREDITARIAS COMO POTENCIALMENTE IMPLICADOS EN EL DAÑO RENAL ADQUIRIDO

SM. CARRIAZO JULIO¹, MD. SÁNCHEZ-NIÑO², MV. PÉREZ-GÓMEZ¹, ER. ALEGRE MONTANER¹, L.J. CASTAÑEDA-INFANTE¹, T. STOCK DA CUNHA¹, G. GONZÁLEZ MARTIN¹, E. GOMÁ-GARCÉS¹, J. CANO¹, A. ORTIZ ARDUÁN¹

¹NEFROLOGÍA. FUNDACIÓN JIMÉNEZ DÍAZ (MADRID), ²NEFROLOGÍA. INSTITUTO DE INVESTIGACIÓN SANITARIA FUNDACIÓN JIMÉNEZ DÍAZ (MADRID)

Introducción: Existe una estrecha relación entre fracaso renal agudo (FRA) y enfermedad renal crónica (ERC), pero los mecanismos moleculares están mal definidos. Se ha estimado una carga hereditaria alta en la ERC (30-75%), pero no se conoce bien la contribución de los más de 600 genes responsables de nefropatías hereditarias a la patogenia de las nefropatías adquiridas. Nuestra hipótesis es que los genes cuya mutación da lugar a nefropatías hereditarias podrían estar implicados en la fisiopatología del daño renal adquirido, incluso sin estar mutados.

Objetivo: Estudiar la expresión de 625 genes responsables de nefropatías hereditarias, durante el daño renal adquirido experimental y humano, a fin de definir un modelo experimental clínico-relevante para estudiar su función en estas nefropatías.

Materiales y métodos: Analizamos 625 genes responsables de nefropatías familiares humanas en el transcriptoma renal del FRA nefrotóxico murino, así como de la ERC murina por obstrucción ureteral unilateral. Los genes expresados diferencialmente tanto en el FRA como en la ERC experimental se buscaron en bases de datos de transcriptómicas humanas utilizando Nephroseq y se seleccionaron los asociados con el filtrado glomerular en bases de datos de nefropatías humanas.

Resultados: Entre los 28.361 genes estudiados en nuestro modelo murino de FRA, encontramos 615 de los 625 genes responsables de nefropatías familiares: 105 (17%) sobreexpresados y 155 (25%) infraexpresados de forma diferencial ($p < 0.05$). En la transcriptómica de ERC experimental (24.901 genes), encontramos 602 de los 625, de ellos, 186 (31%) estaba diferencialmente sobreexpresados y 207 (34%) infraexpresados. Estos porcentajes de expresión diferencial son 2-3 veces superiores a los de los genes no asociados a nefropatías familiares. De los genes diferencialmente expresados, 241 (93%) en FRA y 343 (87%) en la ERC se asociaban al filtrado glomerular en bases transcriptómicas humanas. Cabe destacar que un 68% de los genes diferencialmente expresados en el FRA se encontraban también afectados diferencialmente en la ERC de forma concordante, al igual que el 47% de los genes de la ERC (71 genes sobreexpresados y 92 infraexpresados).

Conclusión: Un alto porcentaje de genes cuyas mutaciones causan nefropatías familiares también parecen implicados en la patogenia de las nefropatías adquiridas, dado que se expresan diferencialmente tanto en las nefropatías experimentales, como en nefropatías humanas adquiridas humanas y a su gravedad. Esto abre la posibilidad de que polimorfismos de estos genes puedan modificar la evolución de las nefropatías adquiridas, así como al desarrollo de nuevas estrategias terapéuticas.

58 ESTUDIO CLÍNICO-GENÉTICO DEL SÍNDROME DE ALPORT EN UN AÑO DE FUNCIONAMIENTO DE LA UNIDAD MULTIDISCIPLINAR DE ENFERMEDADES RENALES HEREDITARIAS DE LA REGIÓN DE MURCIA (UMERH-RM)

I. GALÁN CARRILLO¹, C. GARCÍA ARNEO¹, L. GALBIS MARTÍNEZ², L. RODRÍGUEZ³, F. RAMOS¹, V. MARTÍNEZ⁴, S. ROCA MEROÑO⁵, JD. GONZÁLEZ RODRÍGUEZ⁶, E. GUILLÉN NAVARRO⁷

¹NEFROLOGÍA. HGU REINA SOFÍA (MURCIA), ²BIOQUÍMICA Y GENÉTICA CLÍNICA. HGU VIRGEN DE LA ARRIXACA (MURCIA), ³GENÉTICA MÉDICA. HGU VIRGEN DE LA ARRIXACA (MURCIA), ⁴NEFROLOGÍA. HGU VIRGEN DE LA ARRIXACA (MURCIA), ⁵NEFROLOGÍA. HGU SANTA LUCÍA (CARTAGENA), ⁶PEDIATRÍA. HGU REINA SOFÍA (MURCIA)

El trabajo corresponde a un grupo de trabajo o un estudio multicéntrico:

Unidad multidisciplinaria de Enf. Renales Hereditarias de la Región de Murcia

Introducción: el Síndrome de Alport (SA; ORPHA63) comprende un espectro fenotípico que va desde enfermedad renal progresiva con anomalías extrarrenales hasta hematuria aislada. Aproximadamente dos tercios tienen un patrón de herencia ligado a X, 20% es AD y el 15% es AR. Se asocia a varias variantes patogénicas en los genes COL4A3, COL4A4 o COL4A5. La secuenciación masiva (NGS) ha permitido facilitar su identificación molecular. Presentamos la experiencia en SA de la UMERH-RM en su primer año de actividad que incluye nefrólogos, nefropediatras, genetistas clínicos y moleculares.

Materiales y Métodos: estudio clínico-genético descriptivo de pacientes con sospecha de SA en la RM en un año (desde abril de 2019 a la actualidad). Los estudios moleculares se llevaron a cabo mediante un panel de NGS incluyendo los genes asociados y posterior confirmación por secuenciación Sanger.

Resultados: De los 58 pacientes estudiados con sospecha clínica de SA, 28 (48,3%) presentaron alguna variante en los genes prioritarios asociados: variante patogénica en 9, variante probablemente patogénica en 4 y variante de significado clínico incierto (VSCI) en 16 (4 de ellos finalmente caracterizados como SA por cosegregación familiar). Diez variantes no habían sido descritas previamente, de ellas 4 patogénicas y 2 probablemente patogénicas. Del total de pacientes caracterizados, 11 tenían una herencia AD, 3 ligada al X y 3 digénica. Todos los pacientes con alguna variante tenían microhematuria, un 88% también proteinuria, había 2 pacientes trasplantados (variantes patogénicas AD) y uno en hemodiálisis (variante patogénica ligada a X). El resto tenían un FGe medio en el momento del diagnóstico 79 ± 27 ml/min/1,73m². Tenían alteraciones auditivas un 76% y oftalmológicas un 12%. Cinco pacientes tenían una biopsia renal previa, 2 glomerulos normales, 4 proliferación mesangial con depósitos de IgA en 2 y de IgM en 2. Ninguno con ME.

Conclusiones: El abordaje multidisciplinar de las enfermedades renales hereditarias (ERH), incluyendo además de la NGS, la participación activa de nefrólogos y genetistas clínicos ha permitido un rendimiento aproximado del estudio molecular del 30% en los pacientes con sospecha de SA, con detección de variantes no descritas previamente, confirmación de un patrón AD como el más frecuente en la región y reclasificación de pacientes diagnosticados por biopsia renal previamente. Consideremos importante la participación activa de los nefrólogos en los equipos de medicina genómica para la caracterización de las ERH.

59 DIAGNÓSTICO TARDÍO DE SÍNDROME DE ALPORT

CG. GARCÍA RABANEDA¹, A. POLO MOYANO², AI. MORALES GARCÍA³, M. MARTÍNEZ ATIENZA⁴, AP. POYATOS ANDUJAR⁵, RJ. ESTEBAN DE LA ROSA⁶

¹ANÁLISIS CLÍNICOS. HOSPITAL JUAN RAMÓN JIMÉNEZ (HUELVA), ²NEFROLOGÍA. HOSPITAL UNIVERSITARIO VIRGEN DE LAS NIEVES (GRANADA), ³NEFROLOGÍA. HOSPITAL UNIVERSITARIO SAN CECILIO (GRANADA), ⁴ANÁLISIS CLÍNICOS. HOSPITAL UNIVERSITARIO VIRGEN DE LAS NIEVES (GRANADA), ⁵ANÁLISIS CLÍNICOS. HOSPITAL UNIVERSITARIO SAN CECILIO (GRANADA), ⁶NEFROLOGÍA. HOSPITAL UNIVERSITARIO VIRGEN DE LAS NIEVES (GRANADA)

El trabajo corresponde a un grupo de trabajo o un estudio multicéntrico:

GEEPAD Grupo de Estudio de la Enfermedad Poliquística Autosómica Dominante La medicina personalizada y de precisión nos permite obtener diagnósticos en aquellos pacientes que por los hallazgos clínicos y/o anatómo-patológicos podríamos sospechar de otras patologías. Presentamos el caso de dos hermanas de padres consanguíneos con enfermedad renal crónica (ERC) progresiva que precisaron hemodiálisis (HD) y trasplante renal (TR). Se les practicó biopsia renal (BR) con diagnósticos anatómo-patológico distintos. Al realizarse estudio genético se confirmó diagnóstico de Síndrome de Alport (SA). Mujer (1981). Diagnosticada de hipoacusia neurosensorial bilateral (HNS). A los 11 años se detecta proteinuria, HTA e IR con nefromegalia bilateral con pérdida diferenciación corticomedular. Se BR diagnosticando glomerulonefritis membrano-proliferativa tipo 1 (GNMP1). Presenta IR progresiva y en 1995 recibe TR de cadáver. Mujer (1987). A los 7 años acude a Nefrología Pediátrica por microhematuria, con función renal conservada y riñones normales. En 2002 debuta con síndrome nefrótico, realizándose BR que indica glomeruloesclerosis focal y segmentaria (GEFS). En 2004 comienza con deterioro de la función renal, debuta con HTA, iniciando finalmente HD en 2006. Posteriormente es diagnosticada de HNS. En 2007 recibe TR de donante cadáver. Se ofrece estudio genético a la 1ª hermana identificando en homocigosis (Hm) la variante c.345del (p.Pro116Leufs*37) en el exón 6 del gen COL4A3. Se realiza estudio a la 2ª hermana con idéntica variante. El SA es una enfermedad hereditaria que afecta a las membranas basales, por alteración del colágeno tipo IV por mutaciones en los genes COL4A3, COL4A4 y COL4A5. En microscopía óptica el patrón lesional tipo es de GEFS; en microscopía electrónica (ME) se puede identificar una membrana basal fina; pero con frecuencia no siempre está disponible. En nuestros casos, no se realizó ME. Sospechamos que casos diagnosticados de GEFS deberán ser reevaluados ya que podrían corresponder a SA. En nuestros casos el patrón de herencia es AR ya que la variante está en Hm que se explica por la consanguinidad de los progenitores, los cuales son portadores asintomáticos y no hay AF. En estas situaciones el estudio genético adquiere valor dando un diagnóstico de certeza.

■ Tabla 1.

	Mujer 1981			Mujer 1987					
Año	1992	1995	2020	1994	2002	2004	2005	2007	2020
CrS (mg/dL)	1.3		2.11	0.7		1.35	1.84		0.82
Proteinuria (g/L)	5		1.6		6				3.2
Trasplante		Donante cadáver						Donante cadáver	
Biopsia renal		Glomerulonefritis membrano-proliferativa tipo I (GNM)			glomeruloesclerosis focal y segmentaria (GEFS)				

60 ESTUDIO DE ANCESTRALIDAD EN PACIENTES AFECTOS DE PQRAD EN NUESTRA ÁREA SANITARIA

CA. GARCÍA RABANEDA¹, F. PEREA GARCÍA², AI. MORALES GARCÍA³, M. MARTÍNEZ ATIENZA⁴, ML. BELLIDO DÍAZ⁴, MA. GARCÍA GONZÁLEZ⁵, F. RUIZ-CABELLO OSUNA², RJ. ESTEBAN DE LA ROSA⁶

¹ANÁLISIS CLÍNICOS. HOSPITAL JUAN RAMÓN JIMÉNEZ (HUELVA), ²INMUNOLOGÍA. HOSPITAL UNIVERSITARIO VIRGEN DE LAS NIEVES (GRANADA), ³NEFROLOGÍA. HOSPITAL UNIVERSITARIO SAN CECILIO (GRANADA), ⁴ANÁLISIS CLÍNICOS. HOSPITAL UNIVERSITARIO VIRGEN DE LAS NIEVES (GRANADA), ⁵GENÉTICA. NEFROCHUS (SANTIAGO DE COMPOSTELA), ⁶NEFROLOGÍA. HOSPITAL UNIVERSITARIO VIRGEN DE LAS NIEVES (GRANADA)

El trabajo corresponde a un grupo de trabajo o un estudio multicéntrico:

GEEPAD Grupo de Estudio de la Enfermedad Poliquística Autosómica Dominante

Objetivo: Demostrar mediante el estudio de ancestralidad que las familias estudiadas en 2 áreas diferentes geográficamente localizadas y que comparten una misma variante genética en el gen PKD1 descritas en las localidades de Loja (c.10527_10528delGA, exon 35) y Alpujarra (c.7292T>A, exon 18) en la provincia de Granada, presentan un efecto fundador, que a su vez podría explicar la frecuencia de la enfermedad en estas dos localidades.

Material y métodos: Realizamos el estudio genético a 61 pacientes pertenecientes a 10 familias de Loja, y 26 individuos de 4 familias de la Alpujarra (sanos y afectos), mediante análisis de ligamiento. Utilizamos 6 marcadores de microsatélites (STRs, Short Tandem Repeats) que se encuentran próximos al gen PKD1. El proceso consiste en la realización de una PCR y posteriormente una electroforesis capilar realizada en un secuenciador. El análisis de fragmentos se llevo a cabo usando el software Genie Mapper. Resultados: Identificamos un haplotipo común en todos los miembros afectados de las familias aparentemente no relacionadas entre sí, de cada localidad. El haplotipo compartido por todos los miembros afectados de las familias de Loja es: CW2 156, AC2.5 105, D16S291 242, K8 122, D16S252 187, y D16S251 154. Todos ellos presentaron la misma variante genética en el gen PKD1 (c.10527_10528delGA, exon 35). En las familias de la Alpujarra hemos encontrado un haplotipo diferente pero compartido por los miembros afectados de las familias es: CW2 156, AC2.5 103, D16S291 242, K8 130, D16S252 193, y D16S251 154. A su vez, estos miembros compartían la misma variante genética en el gen PKD1 pero diferente a la de la observada en el área de Loja.

Conclusiones: Los hallazgos obtenidos del estudio de ancestralidad muestran que estas variantes genéticas presentes y compartidas por familias afectadas de PQRAD en 2 áreas geográficamente diferentes proceden de un ancestro común, uno en el área de Loja y otro del área de la Alpujarra, que podría explicar la elevada prevalencia de la enfermedad y su transmisión durante años en estas zonas del sur de España. TABLA

61 VARIACIONES DE LA GLICOSILACIÓN DE LA INMUNOGLOBULINA G (IGG) COMO PREDICTOR DE PEOR FUNCIÓN RENAL Y MORTALIDAD EN LA DIABETES MELLITUS TIPO 2 (DM2)

A. SIERRA-OCHOA¹, F. VUČKOVIĆ², S. PASCUAL¹, X. DURÁN³, E. RODRIGUEZ¹, L. SANS¹, MD. ARNAS¹, G. LAUC², J. PASCUAL¹, C. BARRIOS¹

¹NEFROLOGÍA. HOSPITAL DEL MAR (BARCELONA/ESPAÑA), ²GENOS GLYCOSCIENCE RESEARCH LABORATORY. UNIVERSITY OF ZAGREB, FACULTY OF PHARMACY AND BIOCHEMISTRY (ZAGREB/CROACIA), ³ASESORAMIENTO METODOLÓGICO EN INVESTIGACIÓN BIOMÉDICA (AMIB). INSTITUT HOSPITAL DEL MAR D'INVESTIGACIONS MÈDIQUES (BARCELONA/ESPAÑA)

Introducción: La inmunoglobulina G (IgG) es el anticuerpo más abundante en el cuerpo humano, involucrado en procesos infecciosos e inflamatorios. La variación en los residuos de azúcar de los glicanos; la galactosa, el ácido siálico, la fucosa y la adición de N-acetilglucosamina, influye en la función efectora de IgG, modulando su respuesta inmune como pro- inflamatoria o anti-inflamatoria. El estudio de estos perfiles ha demostrado su asociación con la función renal deteriorada en estadios precoces en población general.

Objetivo: Valorar la asociación de perfiles de glicosilación de la IgG con la función y la evolución renal y la mortalidad en poblaciones con DM2.

Métodos: 76 perfiles glicanos fueron analizados mediante cromatografía líquida de alto rendimiento en 650 pacientes, 61% H:39% M de 69,5(±9,3) años, del registro GenoDiabMar (pacientes con DM2>10 años evolución y distintos grados de afectación renal, del área de salud litoral-Mar-Barcelona) seguidos durante 4,7(±1,3) años. Agrupamos los glicanos según las características de sus azúcares (figura). Su asociación con los objetivos estudiados se ajustó por covariables (edad, sexo, IMC, tiempo de DM, y enfermedades cardiovasculares).

Usamos la prueba de Benjamini-Hochberg para control de falsos positivo.

Resultados: Ver figura. La ausencia de galactosa se asoció negativamente con el FGe y con mayor proteinuria y mortalidad. Una mayor proporción de glicanos siálicilados asoció mejor función renal y menor mortalidad. Durante el seguimiento hubo un 23% de mortalidad.

Conclusiones: Encontramos patrones de glicosilación de IgG, que reflejan un estado proinflamatorio al inicio del estudio, asociado prospectivamente con una disminución más rápida de FGe, peor albuminuria y mortalidad en una población DM2 con alto riesgo CV. El estudio de la glicómica permitiría detectar pacientes de mayor riesgo y ayudar a encontrar posibles dianas diagnósticas y terapéuticas.

Figura 1.

FGe en visita basal					FGe_Slope				
Glicano	Efecto	SE	p-val	p-adj	Glicano	Efecto	SE	p-val	p-adj
G00 total	-0,230	0,043	9,29 x 10 ⁻⁴	2,79 x 10 ⁻³	G00 total	-0,033	0,010	0,0038	0,0112
G1 total	0,130	0,047	0,0008	0,008	G1 total	0,029	0,011	0,0086	0,0258
G2 total	0,264	0,044	4,22 x 10 ⁻⁵	2,83 x 10 ⁻⁵	G2 total	0,032	0,010	0,0024	0,0238
S total	0,203	0,044	9,70 x 10 ⁻⁴	7,43 x 10 ⁻⁴	S total	0,024	0,010	0,0160	0,0320
F total	0,053	0,049	0,276	0,331	F total	0,016	0,011	0,1628	0,1954
B total	0,016	0,048	0,740	0,740	B total	0,001	0,011	0,9306	0,9306

Ratio Albumin/creatinina visita visita basal					Mortalidad				
Glicano	Efecto	SE	p-val	p-adj	Glicano	Efecto	SE	p-val	p-adj
G00 total	0,142	0,043	0,0008	0,002	G00 total	0,420	0,095	1,01 x 10 ⁻⁴	3,04 x 10 ⁻³
G1 total	0,186	0,047	6,1 x 10 ⁻⁵	0,0003	G1 total	0,305	0,104	0,0009	0,0005
G2 total	0,120	0,042	0,0038	0,007	G2 total	0,462	0,095	7,66 x 10 ⁻⁵	4,59 x 10 ⁻⁴
S total	0,066	0,044	0,1302	0,1563	S total	0,340	0,097	0,0004	0,0008
F total	0,087	0,049	0,0703	0,1055	F total	0,068	0,107	0,5217	0,5217
B total	0,043	0,048	0,3362	0,3362	B total	0,119	0,105	0,3229	0,3229

Glicanos agrupados por: Proporción de estructuras agliconolábiles (G0), monogliconolábiles (G1), digliconolábiles (G2), siáliciladas (S), fucosiladas (F), N-acetilglucosamina (B). Las tablas muestran el efecto en el modelo multivariado sobre el filtrado glomerular estimado FGe, el cambio del filtrado glomerular del tiempo (Slope), donde el efecto 1 simbolizaría que con la modificación de la pendiente en 1mL/min año del FGe, el perfil glicano se modifica en una desviación estándar. La **albuminuria** y la **mortalidad** en el seguimiento.