

INFORMACIÓN ARTÍCULO

Palabras clave

Preeclampsia;
 Metabólica;
 Biomarcadores

Correspondencia:

Claudia Colmenares-Mejía
 claudiacolmenares@fcv.org

Cómo citar: Colmenares-Mejía C, Bautista-Nino P, Quintero-Lesmes D, Riaño C, Serrano N. Perfil metabólico asociado a preeclampsia y su severidad en gestantes colombiana: un análisis de redes de coexpresión. *Iatreia* [Internet]. 2023;36(2 Supl):59-62.



Copyright: © 2023
 Universidad de Antioquia.

Perfil metabólico asociado a preeclampsia y su severidad en gestantes colombiana: un análisis de redes de coexpresión

Claudia Colmenares-Mejía^{1,2}, Paula Bautista-Nino¹, Doris Quintero-Lesmes¹, Carlos Riaño³, Norma Serrano¹

¹ Estudiante de doctorado en ciencias biomédicas, Universidad del Valle.

² Centro de Investigaciones, Fundación Cardiovascular de Colombia

³ Jefe de servicio de Ginecología y Obstetricia, Fundación Cardiovascular de Colombia

RESUMEN

Introducción: la preeclampsia afecta el bienestar materno y fetal (1). A pesar de ser un problema identificado hace décadas, su fisiopatología aún no se conoce por completo (2). La inclusión de la metabólica es relevante para comprender mejor la fisiopatología de la enfermedad (3).

Objetivo: establecer la huella metabólica asociada a la preeclampsia y su gravedad mediante un análisis de redes de coexpresión.

Metodología: estudio de casos y controles derivado del biobanco GENPE. Las muestras de gestantes caso (preeclampsia) y control (a término sin complicaciones) fueron seleccionadas aleatoriamente. El estudio metabólico se realizó en suero mediante RMN+ (Nightingale Health Ltd). Otros desenlaces fueron el momento de inicio y síndrome HELLP. Los metabolitos con datos perdidos fueron imputados y posteriormente estandarizados. Se construyó una red de coexpresión ponderada (4-5) utilizando un poder 20, R^2 0,7, minModuleSize 5 y se evaluó la correlación entre los módulos y desenlaces para identificar módulos significativos.

Hallazgos: se incluyeron 596 mujeres (controles $n = 357$ y casos $n = 239$). La edad fue 18,6 años (DE 2,8) y 20,7 años (DE 5,2) respectivamente. Siete módulos fueron identificados, pero solo el módulo rojo presentó una correlación inversa con preeclampsia (corr: -0,21, $p = 0,3 \times 10^{-7}$), síndrome de HELLP (corr: -0,12, $p = 0,004$) e inicio <34 sem (corr: -0,2, $p = 1 \times 10^{-6}$). Los metabolitos en el módulo rojo fueron XL-HDL-P, XL-HDL-L, XL-HDL-PL, XL-HDL-C, XL-HDL-CE, XL-HDL-FC.

Conclusiones: las moléculas extragrandes de HDL en diferentes lípidos presentaron un papel protector para los tres desenlaces evaluados. Este efecto es también observado en las enfermedades cardiovasculares en población general (6).

REFERENCIAS

1. Sibai B, Dekker G, Kupferminc M. Pre-eclampsia. *The Lancet* [Internet]. 2005;365(9461):785–799. [https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(05\)17987-2](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(05)17987-2)
2. Dekker GA, Sibai BM. Etiology and Pathogenesis of Preeclampsia. *Obst Anesth Dig* [Internet]. 2007;19(1):8. <https://doi.org/10.1097/00132582-199903000-000103>.

3. Qureshi W, Yeboah J. Metabolomics: The-Omics of Tomorrow. *Metabolomics* [Internet]. 2014;4(2):1000e130. <https://doi.org/10.4172/2153-0769.1000e130>
4. Langfelder P, Horvath S. WGCNA: an R package for weighted correlation network analysis. *BMC bioinformatics* [Internet]. 2008;9. <https://doi.org/10.1186/1471-2105-9-559>
5. Pei G, Chen L, Zhang W. WGCNA Application to Proteomic and Metabolomic Data Analysis. *Meth Enzy* [Internet]. 2017;585:135–158. <https://doi.org/10.1016/BS.MIE.2016.09.016>
6. Pei G, Chen L, Zhang W. WGCNA Application to Proteomic and Metabolomic Data Analysis. *Meth Enzy* [Internet]. 2017;585:135–158. <https://doi.org/10.1016/BS.MIE.2016.09.016>