

RESEARCH

El Fenómeno de Raynaud a través de la Biología de Sistemas: Un Estudio Integral

Jane E. Doe* and John R.S. Smith

*Correspondence:
jane.e.doe@cambridge.co.uk
ETSI Informática, Universidad de
Málaga, Málaga, España
Full list of author information is
available at the end of the article

Abstract

Keywords: sample; article; author

1 Introducción

El fenómeno de Raynaud (FR) es una condición que afecta a millones de personas en todo el mundo, caracterizada por episodios en los que los dedos se tornan pálidos, cianóticos y dolorosos ante la exposición al frío. A pesar de su frecuencia, sigue siendo un trastorno subdiagnosticado. Este fenómeno vasoespástico multifactorial se define por la constricción transitoria, recurrente y reversible de los vasos sanguíneos periféricos [1, 2]. Clínicamente, se reconoce por un patrón trifásico de decoloración digital: primero palidez por isquemia, luego cianosis por la falta de oxigenación, y finalmente eritema como resultado de la reperfusión. Se estima que afecta aproximadamente al 5% de la población general, con una marcada predisposición en mujeres, alcanzando una proporción de hasta 9:1 [2, 3, 4, 5].

Desde un punto de vista patofisiológico, el FR refleja un delicado desequilibrio entre los mecanismos de vasoconstricción y vasodilatación que regulan la microcirculación digital. En este proceso convergen alteraciones endoteliales, del músculo liso vascular y de la modulación simpática [6, 7]. A nivel celular, el punto de partida suele ser una disfunción endotelial que compromete la liberación de vasodilatadores esenciales como el óxido nítrico y la prostaciclina, al mismo tiempo que aumenta la producción de endotelina-1, un potente vasoconstrictor [8, 9, 10]. Este desequilibrio químico no se limita al endotelio: las células del músculo liso vascular responden con una hiperreactividad vasoconstrictora exagerada y una proliferación intimal progresiva [11, 12]. A ello se suma la participación del sistema nervioso simpático, que amplifica el fenómeno mediante la liberación sostenida de norepinefrina y neuropéptidos vasoconstrictores. En el nivel molecular, destaca la implicación de los receptores adrenérgicos α_2C , los cuales, en respuesta al frío, se movilizan desde el retículo endoplasmático hacia la membrana celular, provocando así el vasoespasmo característico del trastorno [11, 8, 13].

Durante los últimos años, los avances en genómica han permitido esclarecer parte de la base genética del fenómeno de Raynaud. Un estudio de asociación del genoma completo (GWAS) de gran escala, que analizó más de cinco mil casos de FR y cerca de medio millón de controles, identificó por primera vez tres regiones genómicas significativamente asociadas al trastorno ($p < 5 \times 10^{-8}$), entre las que destacan los genes *ADRA2A* e *IRX1* como loci de susceptibilidad primarios [14]. Investigaciones

posteriores ampliaron este panorama, identificando variantes adicionales en genes implicados en el control del tono vascular, como *NOS3* y *ACVR2A*, así como en genes del sistema inmunitario, incluidos *HLA* y *NOS1*, este último con polimorfismos que modulan su expresión en tejido cutáneo [15, 16, 17]. La heredabilidad estimada en 7.7% a partir de SNPs confirma la existencia de una contribución genética significativa a la patogénesis del FR [14].

La complejidad biológica y clínica de este fenómeno hace que su estudio requiera una aproximación integradora. En este sentido, la biología de sistemas ofrece un marco conceptual y metodológico ideal para analizar el FR desde múltiples niveles de organización, articulando las redes de interacción que los vinculan. Una herramienta fundamental en este enfoque es la *Human Phenotype Ontology* (HPO), que proporciona un lenguaje estandarizado para describir y vincular los fenotipos clínicos con sus bases genéticas mediante análisis computacionales reproducibles [18, 19, 20]. De forma complementaria, el análisis de redes de interacción proteína-proteína, a través de bases de datos como STRING, permite visualizar y modelar las relaciones funcionales entre los genes y las proteínas implicadas en el trastorno [21, 22]. Este tipo de aproximaciones integradoras resulta esencial para identificar módulos funcionales y vías de señalización alteradas, así como posibles dianas terapéuticas [21, 23, 24, 25].

En este contexto, el presente trabajo se propone integrar el conocimiento fenotípico estandarizado del HPO con el análisis de redes de interacción proteica, con el fin de esclarecer la arquitectura molecular subyacente al fenómeno de Raynaud. A través de este enfoque de biología de sistemas, se busca no solo confirmar la participación de genes ya conocidos, sino también descubrir nuevas rutas biológicas y módulos funcionales que contribuyan a comprender mejor la patogénesis de este complejo trastorno vasospástico, sentando así las bases para futuras investigaciones orientadas a su tratamiento [23, 24, 26].

2 Materiales y métodos

2.1 Materiales

2.1.1 Bases de datos biológicas

- **Human Phenotype Ontology (HPO):** Fuente principal para la obtención de genes asociados a fenotipos clínicos. HPO utiliza un vocabulario estandarizado que permite una vinculación sistemática y reproducible entre las características de una enfermedad y su base genética [20, 18].
- **Base de Datos STRING:** Se empleó para construir la red de interacciones. Esta es una base de datos integral que recopila y pondera interacciones proteína-proteína (PPI) a partir de múltiples fuentes de evidencia (experimental, computacional, etc.), asignando a cada una un puntaje de confianza [21].

2.1.2 Software y Paquetes de Análisis

Todos los análisis se realizaron en el entorno de programación **R** (v4.5.2 o superior), utilizando los siguientes paquetes:

- **httr (vx.x.x):** Para la comunicación con la API de HPO.
- **jsonlite (vx.x.x):** Para el procesamiento de los datos en formato JSON obtenidos de la API.

- **STRINGdb** (vx.x.x): Para consultar la base de datos STRING y construir la red de PPI [27].
- **igraph** (vx.x.x): Herramienta central para la modelación, visualización y cálculo de propiedades topológicas de la red [28].
- **clusterProfiler** (vx.x.x): Paquete de Bioconductor para la ejecución de análisis de enriquecimiento funcional [29].

2.1.3 Algoritmos y Enfoques Estadísticos

- **Algoritmo de Detección de Comunidades de Louvain:** Es un método heurístico utilizado para identificar la estructura modular en redes complejas. El algoritmo optimiza iterativamente una métrica de modularidad (Q), que cuantifica la densidad de las conexiones dentro de las comunidades en comparación con las conexiones entre ellas. La modularidad se define como:

$$Q = \frac{1}{2m} \sum_{i,j} \left[A_{ij} - \frac{k_i k_j}{2m} \right] \delta(c_i, c_j) \quad (1)$$

Donde:

- A_{ij} es un elemento de la matriz de adyacencia, que vale 1 si los nodos i y j están conectados y 0 en caso contrario.
- k_i y k_j son los grados (número de conexiones) de los nodos i y j .
- m es el número total de aristas en la red.
- $\frac{k_i k_j}{2m}$ representa la probabilidad esperada de que exista una arista entre i y j en una red aleatoria con la misma distribución de grados.
- c_i y c_j son las comunidades a las que pertenecen los nodos i y j .
- $\delta(c_i, c_j)$ es la función delta de Kronecker, que vale 1 si los nodos están en la misma comunidad ($c_i = c_j$) y 0 en caso contrario.

El algoritmo busca la partición de la red que maximiza el valor de Q , revelando subgrupos de nodos densamente conectados que se postula que comparten funciones biológicas.

- **Análisis de Sobrerepresentación (ORA):** Es un enfoque estadístico para determinar si un conjunto de genes de interés está significativamente enriquecido en funciones o vías biológicas predefinidas. El método se basa en la prueba hipergeométrica para calcular el p-valor, que es la probabilidad de observar una superposición igual o mayor a la encontrada por puro azar. La fórmula es:

$$P(X \geq k) = \sum_{i=k}^{\min(n, K)} \frac{\binom{K}{i} \binom{N-K}{n-i}}{\binom{N}{n}} \quad (2)$$

Donde:

- N es el número total de genes en el genoma de fondo (background).
- K es el número total de genes asociados al término funcional en estudio dentro del fondo.
- n es el número de genes en el conjunto de interés (ej. genes sobreexpresados).

- k es el número de genes en el conjunto de interés que también están asociados al término funcional.

Un p-valor bajo sugiere que la sobrerepresentación observada no es casual, sino biológicamente significativa.

- **Corrección de Benjamini-Hochberg (BH):** Al realizar miles de pruebas estadísticas simultáneamente (una por cada término funcional), la probabilidad de obtener falsos positivos (errores de tipo I) se incrementa. El método de Benjamini-Hochberg controla la Tasa de Falso Descubrimiento (FDR), que es la proporción esperada de descubrimientos incorrectos. El procedimiento ordena los p-valores de menor a mayor ($p_{(1)} \leq p_{(2)} \leq \dots \leq p_{(m)}$) y encuentra el mayor k tal que:

$$p_{(k)} \leq \frac{k}{m} \alpha \quad (3)$$

Donde:

- $p_{(k)}$ es el k -ésimo p-valor más pequeño de la lista ordenada.
- m es el número total de pruebas realizadas (el número total de términos GO evaluados).
- α es el nivel de FDR que se desea controlar (comúnmente 0.05).

Todas las hipótesis nulas correspondientes a los p-valores $p_{(1)}, \dots, p_{(k)}$ se rechazan, considerándose significativas. Este ajuste es menos conservador que la corrección de Bonferroni y es ampliamente utilizado en genómica [30].

2.2 Métodos

2.2.1 Adquisición de Datos y Construcción de la Red

El conjunto inicial de genes se obtuvo mediante una consulta a la API de la **Human Phenotype Ontology (HPO)** utilizando el término "Raynaud phenomenon" (ID: **HP:0030881**). La lista de símbolos de genes resultante se utilizó como entrada para construir una red de interacción proteína-proteína (PPI) para *Homo sapiens* a partir de la base de datos **STRING**. Se aplicó un filtro de alta confianza, reteniendo únicamente las interacciones con un **puntaje combinado superior a 0.800**. La red final se representó como un grafo no dirigido.

2.2.2 Análisis Estructural y de Comunidades

Las propiedades topológicas de la red fueron analizadas con el paquete **igraph**. Se calcularon métricas globales (número de nodos y aristas, densidad) y locales (grado promedio, centralidad de cercanía). Posteriormente, se aplicó el **algoritmo de Louvain** para particionar la red en módulos funcionales basándose en su estructura de conectividad.

2.2.3 Análisis de Enriquecimiento Funcional

Cada módulo identificado en el paso anterior fue sometido a un **Análisis de Sobrerepresentación (ORA)** utilizando el paquete **clusterProfiler**. Se evaluó el enriquecimiento de términos de la ontología de **Proceso Biológico (BP)** de Gene Ontology (GO). Los p-valores resultantes se ajustaron mediante el método de **Benjamini-Hochberg**, y se consideraron como estadísticamente significativos aquellos términos con un **p-valor ajustado inferior a 0.05**.

3 Resultados

4 Discusión

5 Conclusiones

Abreviaciones

Indicar lista de abreviaciones mostrando cada acrónimo a que corresponde

Disponibilidad de datos y materiales

Debéis indicar aquí un enlace a vuestro repositorio de github.

Contribución de los autores

Usando las iniciales que habéis definido al comienzo del documento, debéis indicar la contribución al proyecto en el estilo: J.E : Encargado del análisis de coexpresión con R, escritura de resultados; J.R.S : modelado de red con python y automatizado del código, escritura de métodos; ... OJO: que sea realista con los registros que hay en vuestros repositorios de github.

Author details

ETSI Informática, Universidad de Málaga, Málaga, España.

References

1. Nawaz, I., et al.: Raynaud's phenomenon: Reviewing the pathophysiology and treatment options. *Cureus* **14**, 21000 (2022). doi:10.7759/cureus.21000
2. Herrick, A.L.: The pathogenesis, diagnosis and treatment of raynaud phenomenon. *Nature Reviews Rheumatology* **8**, 469–479 (2012). doi:10.1038/nrrheum.2012.96
3. Musa, R., et al.: Raynaud Disease. *StatPearls Publishing*, ??? (2023)
4. Garner, R., et al.: Prevalence of raynaud's phenomenon in the general population: a systematic review and meta-analysis. *Rheumatology* **54**, 648–655 (2015). doi:10.1093/rheumatology/keu380
5. Ingegnoli, F., et al.: Raynaud's phenomenon: state of the art and future perspectives. *Autoimmunity Reviews* **21**, 103032 (2022). doi:10.1016/j.autrev.2021.103032
6. Herrick, A.L.: Pathogenesis of raynaud's phenomenon. *Rheumatology* **44**, 587–596 (2005). doi:10.1093/rheumatology/keh552
7. Flavahan, N.A.: A vascular mechanistic approach to understanding raynaud phenomenon. *Nature Reviews Rheumatology* **11**, 146–158 (2015). doi:10.1038/nrrheum.2014.220
8. Flavahan, N.A.: Regulation of vascular reactivity in scleroderma: new insights into raynaud's phenomenon. *Rheumatic Disease Clinics of North America* **34**, 81 (2008). doi:10.1016/j.rdc.2007.12.005
9. Blann, A.D., Illingworth, K., Jayson, M.I.: Mechanisms of endothelial cell damage in systemic sclerosis and raynaud's phenomenon. *The Journal of Rheumatology* **20**, 1325–1330 (1993)
10. Freedman, R.R., Grgis, A., Mayes, A.: Endothelial and neural control of digital blood flow in primary raynaud's disease. *Clinical Autonomic Research* **9**, 179–183 (1999). doi:10.1007/BF02281611
11. Fardoun, M.M., et al.: Raynaud's phenomenon: A brief review of the underlying mechanisms. *Frontiers in Pharmacology* **7**, 438 (2016). doi:10.3389/fphar.2016.00438
12. Cooke, J.P., et al.: Endothelial dysfunction in raynaud's phenomenon and scleroderma. *Current Rheumatology Reports* **6**, 151–158 (2004). doi:10.1007/s11926-004-0053-0
13. Chotani, M.A., Flavahan, N.A.: Cold-induced translocation of α_2C -adrenoceptors to the cell surface in vascular smooth muscle: new insights into raynaud's phenomenon. *The Journal of Clinical Investigation* **106**, 289–298 (2000). doi:10.1172/JCI9291
14. Hartmann, S., et al.: Adra2a and irx1 are putative risk genes for raynaud's phenomenon. *Nature Communications* **14**, 6498 (2023). doi:10.1038/s41467-023-41876-5
15. de Almeida Tervi, C., et al.: Genetic and functional analysis of raynaud's syndrome implicates loci in vasculature and immunity. *Cell Genomics* **4**, 100635 (2024). doi:10.1016/j.xgen.2024.100635
16. Smolina, N., et al.: Association of raynaud's phenomenon with a polymorphism in the nos1 gene. *Molecular Biology Reports* **45**, 1003–1008 (2018). doi:10.1007/s11033-018-4249-2
17. Hughes, M., Herrick, A.: Raynaud's phenomenon: current concepts and future directions. *European Journal of Rheumatology* **4**, 74–81 (2017). doi:10.5152/eurjrheum.2017.17045
18. Köhler, S., et al.: The human phenotype ontology in 2021. *Nucleic Acids Research* **49**, 1207–1217 (2021). doi:10.1093/nar/gkaa1043
19. Robinson, P.N., et al.: The human phenotype ontology: a tool for annotating and analyzing human hereditary disease. *American Journal of Human Genetics* **83**, 610–615 (2008). doi:10.1016/j.ajhg.2008.09.017
20. Groza, T., et al.: The human phenotype ontology: unifying genomic diagnostics and disease biology. *Nature Reviews Genetics* **24**, 467–484 (2023). doi:10.1038/s41576-023-00640-3
21. Szklarczyk, D., et al.: String database in 2025: protein networks with directionality and experimental evidence. *Nucleic Acids Research* **53**, 730–740 (2025). doi:10.1093/nar/gkae1177
22. Orchard, S., et al.: The mintact project—mintact as a common curation platform for 11 molecular interaction databases. *Nucleic Acids Research* **42**, 358–363 (2014). doi:10.1093/nar/gkt1115
23. Naylor, S.: Unraveling human complexity and disease with systems biology and personalized medicine. *Personalized Medicine* **7**, 275–289 (2010). doi:10.2217/pme.10.16
24. Fischer, D.S., et al.: Adapting systems biology to address the complexity of human disease. *Nature Reviews Genetics* **26**, 178–196 (2025). doi:10.1038/s41576-025-00821-6
25. Ideker, T., Krogan, N.J.: Differential network biology. *Molecular Systems Biology* **8**, 565 (2011). doi:10.1038/msb.2011.99

26. Barabási, A.-L., Gulbahce, N., Loscalzo, J.: Network medicine: a network-based approach to human disease. *Nature Reviews Genetics* **12**, 56–68 (2011). doi:10.1038/nrg2918
27. Szklarczyk, D., Gable, A.L., Lyon, D., Junge, A., Wyder, S., Huerta-Cepas, J., Simonovic, M., Doncheva, N.T., Morris, J.H., Bork, P., Jensen, L.J., von Mering, C.: String v11: protein-protein association networks with increased coverage, supporting functional discovery in genome-wide experimental datasets. *Nucleic Acids Research* **47**, 607–612 (2019). doi:10.1093/nar/gky1131. Referencia para el paquete de R STRINGdb y la versión de la base de datos utilizada.
28. Csardi, G., Nepusz, T.: The igraph software package for complex network research. *InterJournal, Complex Systems*, 1695 (2006). Referencia para el paquete de R igraph, utilizado para el análisis de redes.
29. Wu, T., Hu, E., Xu, S., Chen, M., Guo, P., Dai, Z., Feng, T., Zhou, L., Tang, W., Zhan, L., Fu, X., Liu, S., Bo, X., Yu, G.: clusterprofiler 4.0: A universal enrichment tool for interpreting omics data. *The Innovation* **2**, 100141 (2021). doi:10.1016/j.xinn.2021.100141. Referencia para el paquete de R clusterProfiler, utilizado para el análisis de enriquecimiento funcional.
30. Benjamini, Y., Hochberg, Y.: Controlling the false discovery rate: A practical and powerful approach to multiple testing. *Journal of the Royal Statistical Society. Series B (Methodological)* **57**(1), 289–300 (1995). Referencia para el método de corrección de Benjamini-Hochberg (FDR).