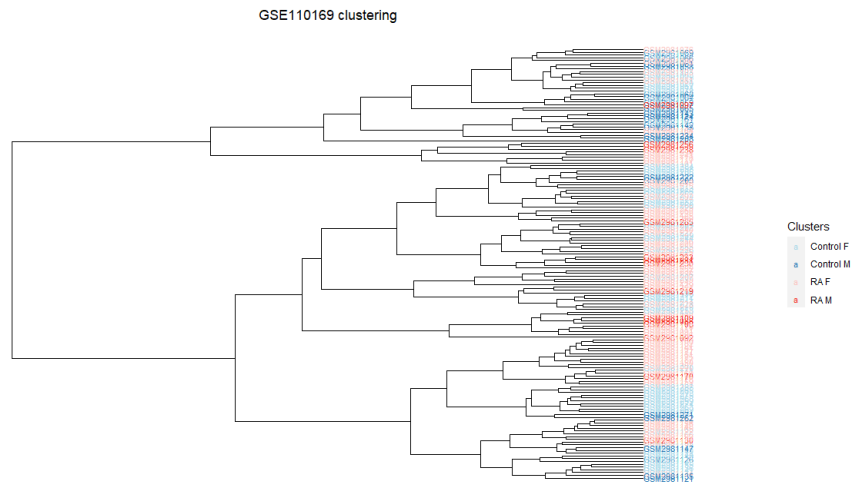
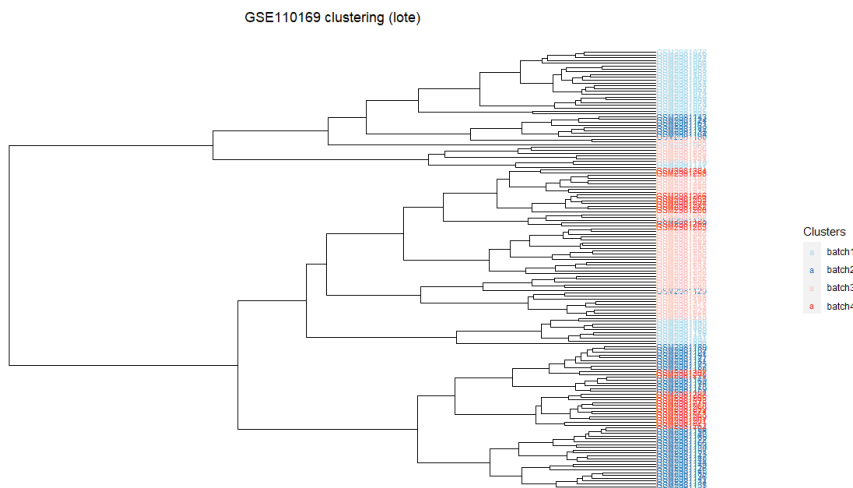


## 8. ANEXOS

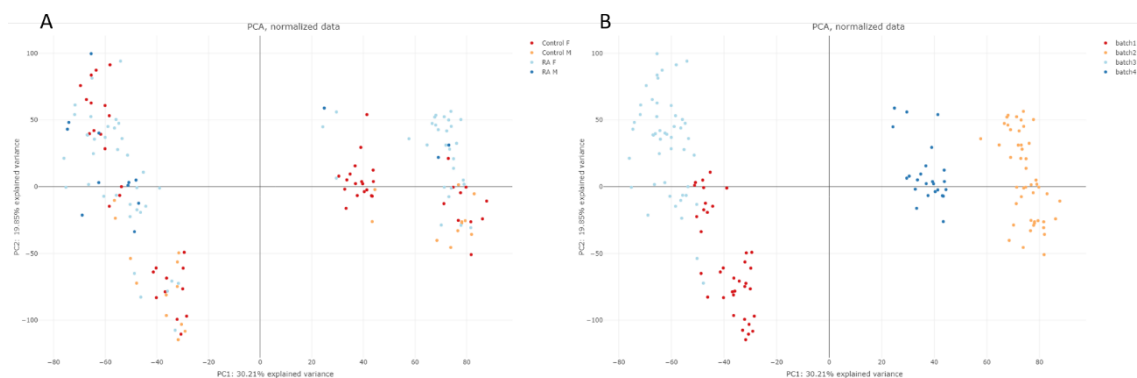
### Anexo A: Figuras



**Figura A.1 | Clustering jerárquico del estudio GSE110169.** Coloreado en función de los grupos experimentales: mujer control (Control F), hombre control (Control M), mujer con artritis reumatoide (RA F) y hombre con artritis reumatoide (RA M).

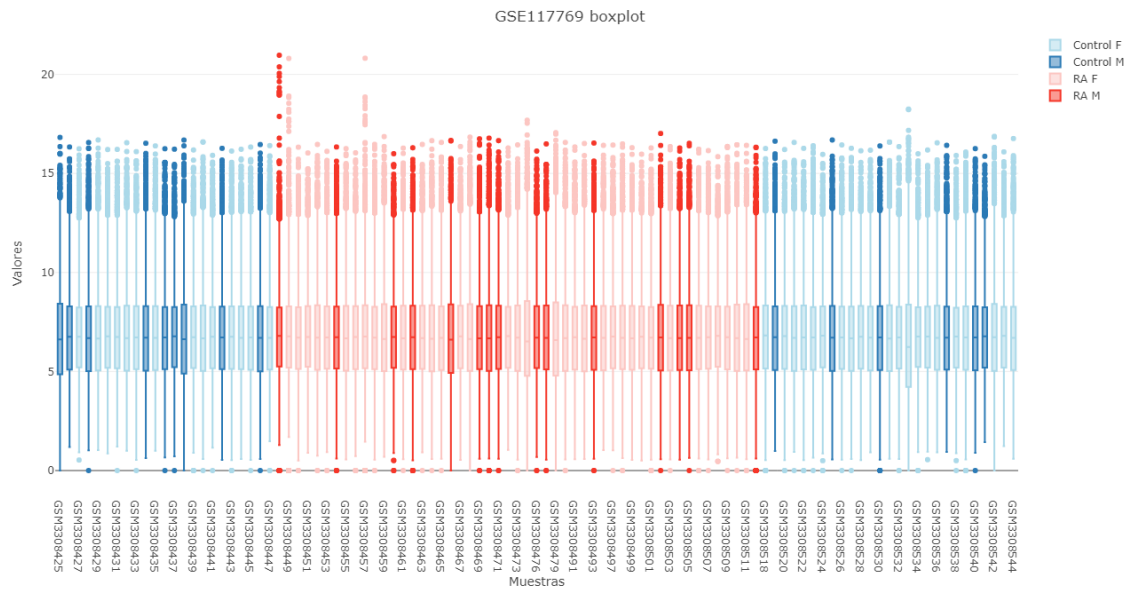


**Figura A.2 | Clustering jerárquico del estudio GSE110169.** Coloreado en función de los lotes (*batch*).

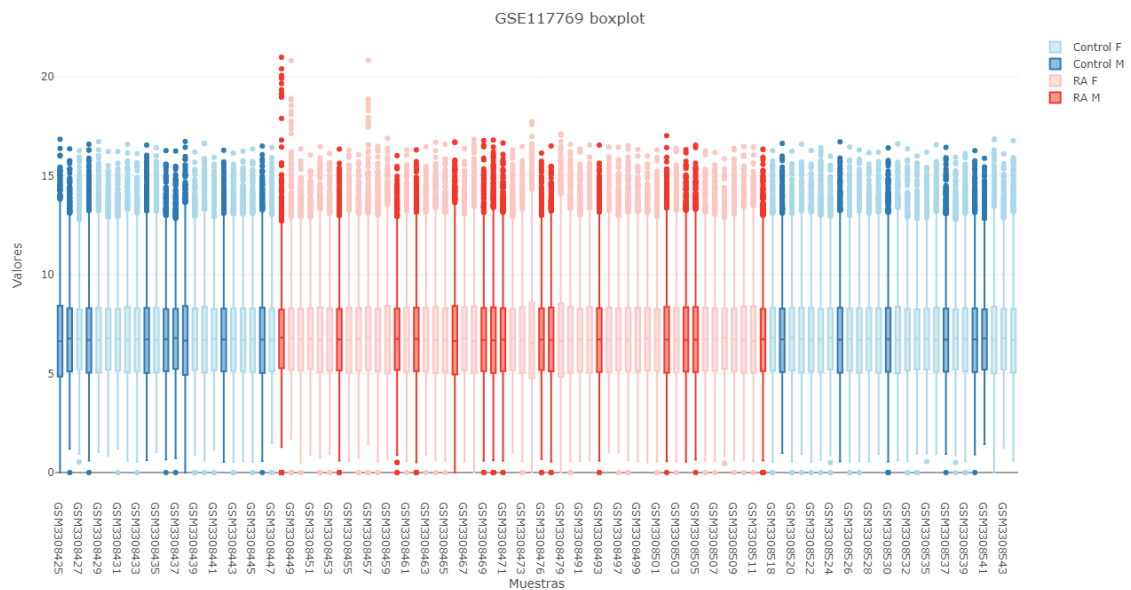


**Figura A.3 | Análisis de componentes principales (PCAs) del estudio GSE110169.** Se muestran las componentes principales (PC) 1 y 2. A: coloreado en función de los grupos experimentales: mujeres control (Control F), hombres control (Control M), mujeres con artritis reumatoide (RA F) y hombres con artritis reumatoide (RA M). B: en función del lote.

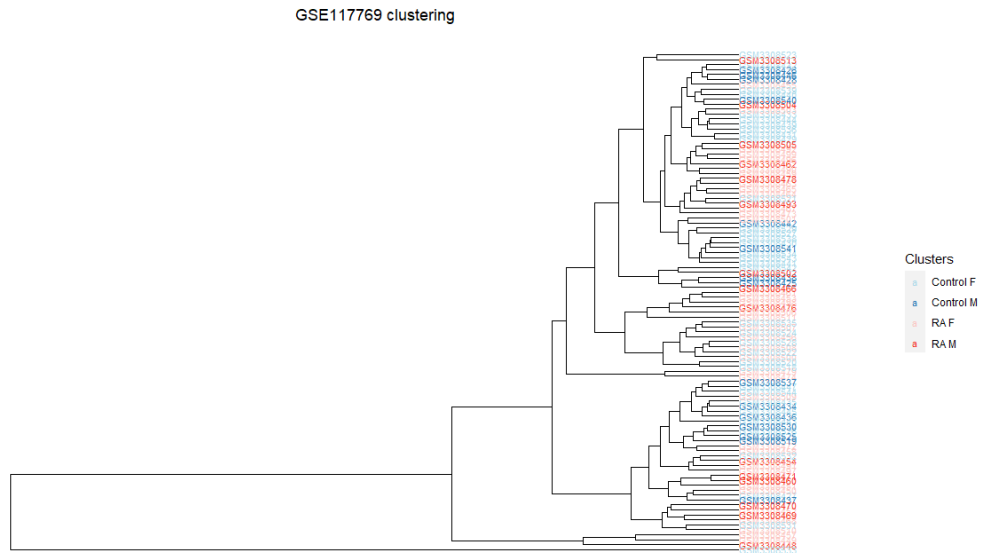
## 8. ANEXOS



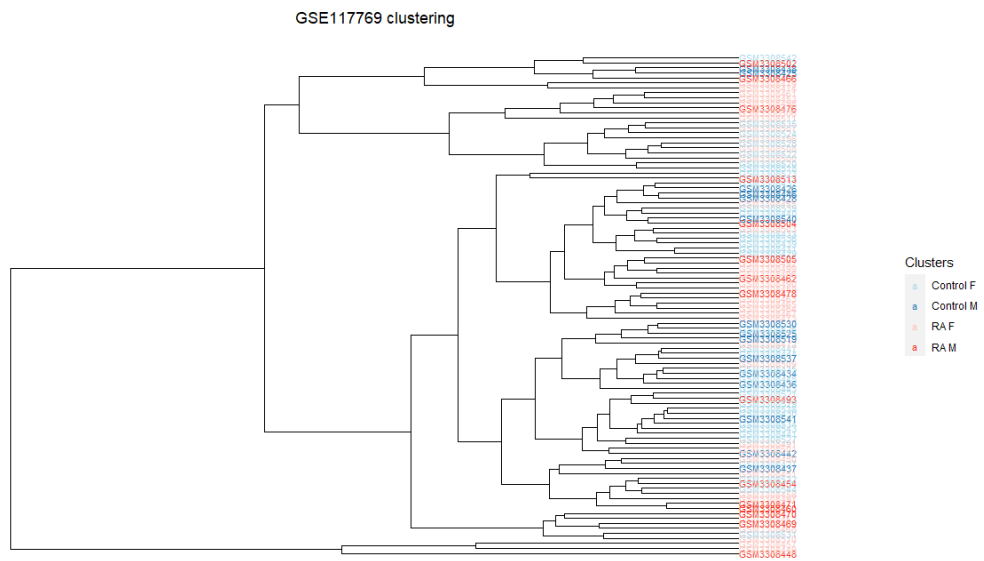
**Figura A.4 | Diagrama de cajas del estudio GSE117769 previo a la eliminación de la muestra GSM3308533.** Representa los valores de expresión (eje Y) de cada muestra (eje X). Coloreado en función de los grupos experimentales: mujeres control (Control F), hombres control (Control M), mujeres AR (RA F) y hombres AR (RA M).



**Figura A.5 | Diagrama de cajas del estudio GSE117769 tras la eliminación de la muestra GSM3308533.** Representa los valores de expresión (eje Y) de cada muestra (eje X). Coloreado en función de los grupos experimentales: mujeres control (Control F), hombres control (Control M), mujeres con artritis reumatoide (RA F) y hombres con artritis reumatoide (RA M).

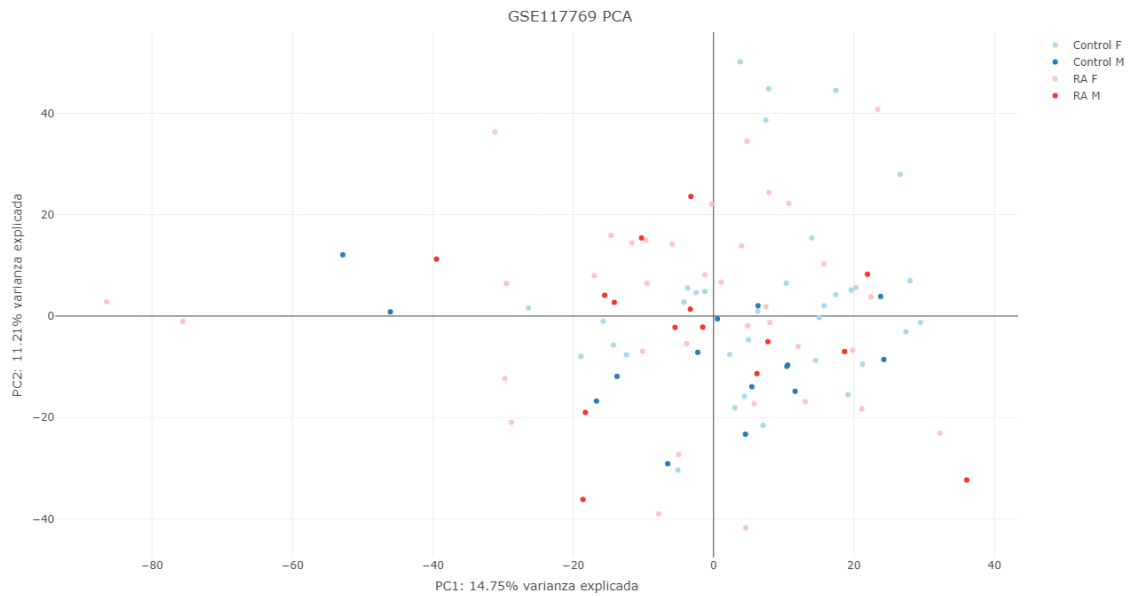


**Figura A.6 | Clustering jerárquico del estudio GSE117169 antes de eliminar la muestra GSM8330533.** Coloreado en función de los grupos experimentales: mujer control (Control F), hombre control (Control M), mujer con artritis reumatoide (RA F) y hombre con artritis reumatoide (RA M).

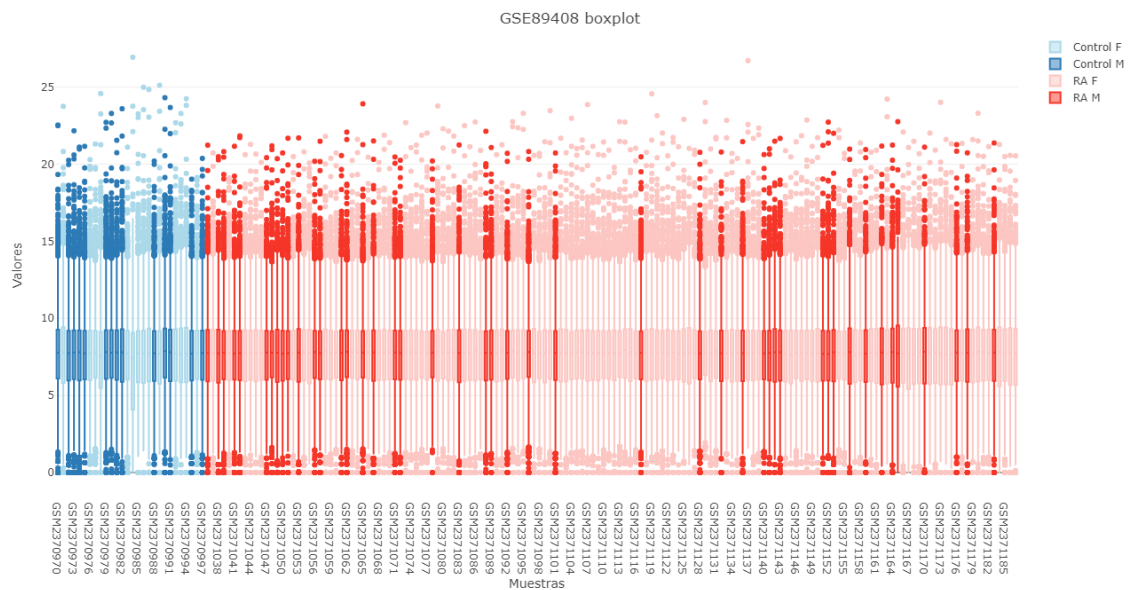


**Figura A.7 | Clustering jerárquico del estudio GSE117769 tras eliminar la muestra GSM3308533.** Coloreado en función de los grupos experimentales: mujer control (Control F), hombre control (Control M), mujer con artritis reumatoide (RA F) y hombre con artritis reumatoide (RA M).

## 8. ANEXOS

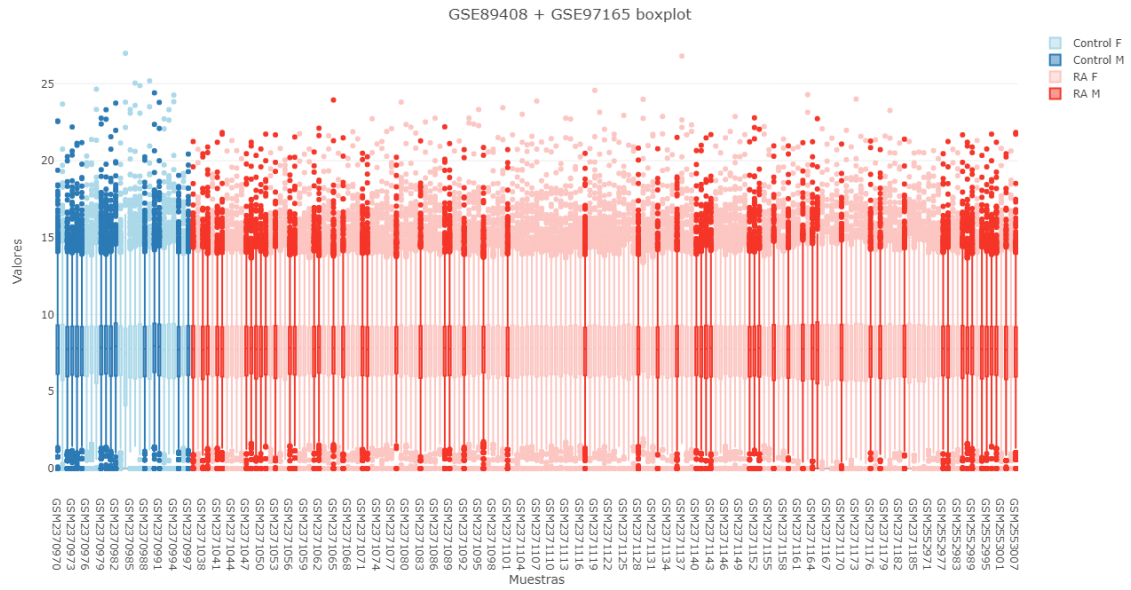


**Figura A.8 | Análisis de componentes principales (PCA) del estudio GSE117169 tras eliminar la muestra GSM3308533.** Se muestran las componentes principales (PC) 1 y 2. Las muestras se han coloreado en función de los grupos experimentales: mujeres control (Control F), hombres control (Control M), mujeres con artritis reumatoide (RA F) y hombres con artritis reumatoide (RA M).

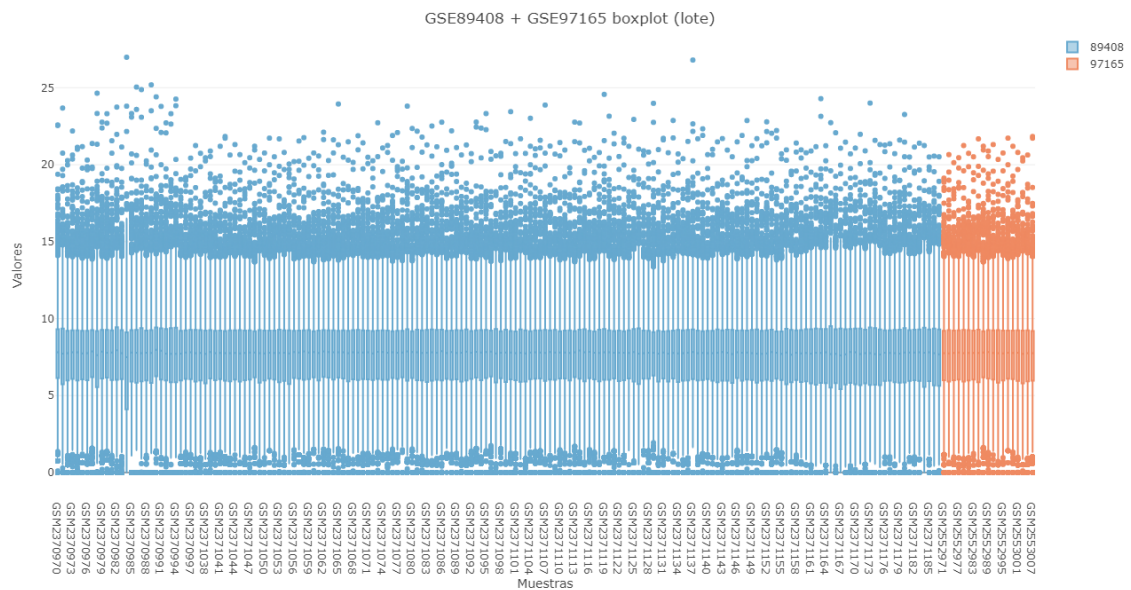


**Figura A.9 | Diagrama de cajas del estudio GSE89408.** Representa los valores de expresión (eje Y) de cada muestra (eje X). Coloreado en función de los grupos experimentales: mujeres control (Control F), hombres control (Control M), mujeres con artritis reumatoide (RA F) y hombres con artritis reumatoide (RA M).

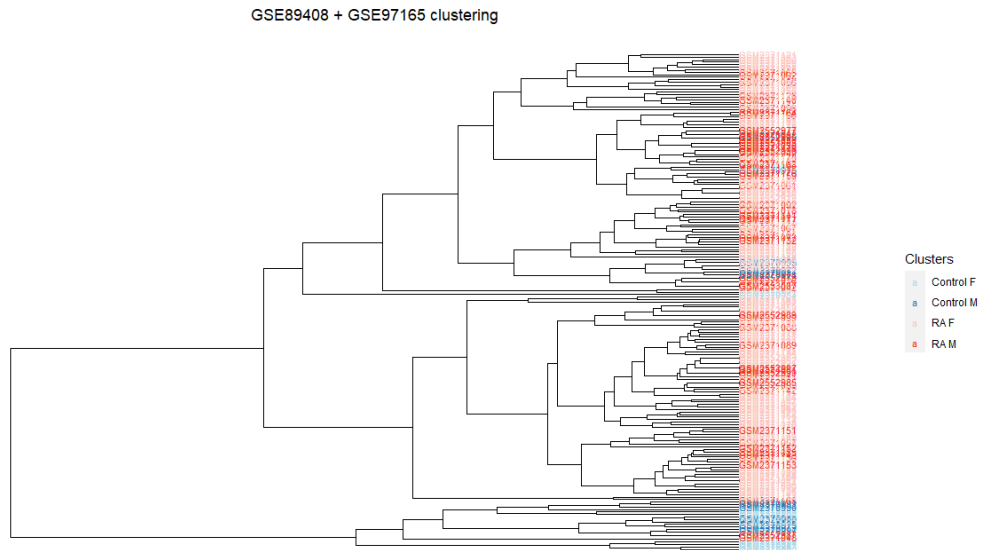
## 8. ANEXOS



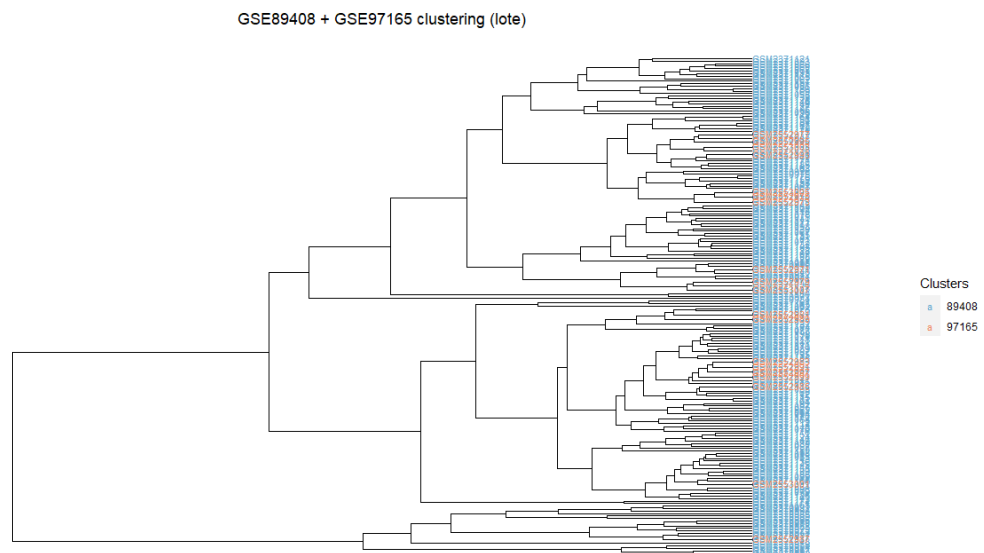
**Figura A.10 | Diagrama de cajas conjunto de los estudios GSE89408 y GSE97165.** Representa los valores de expresión (eje Y) de cada muestra (eje X). Coloreado en función de los grupos experimentales: mujeres control (Control F), hombres control (Control M), mujeres con artritis reumatoide (RA F) y hombres con artritis reumatoide (RA M).



**Figura A.11 | Diagrama de cajas conjunto de los estudios GSE89408 y GSE97165.** Representa los valores de expresión (eje Y) de cada muestra (eje X). Coloreado en función de los dataset.

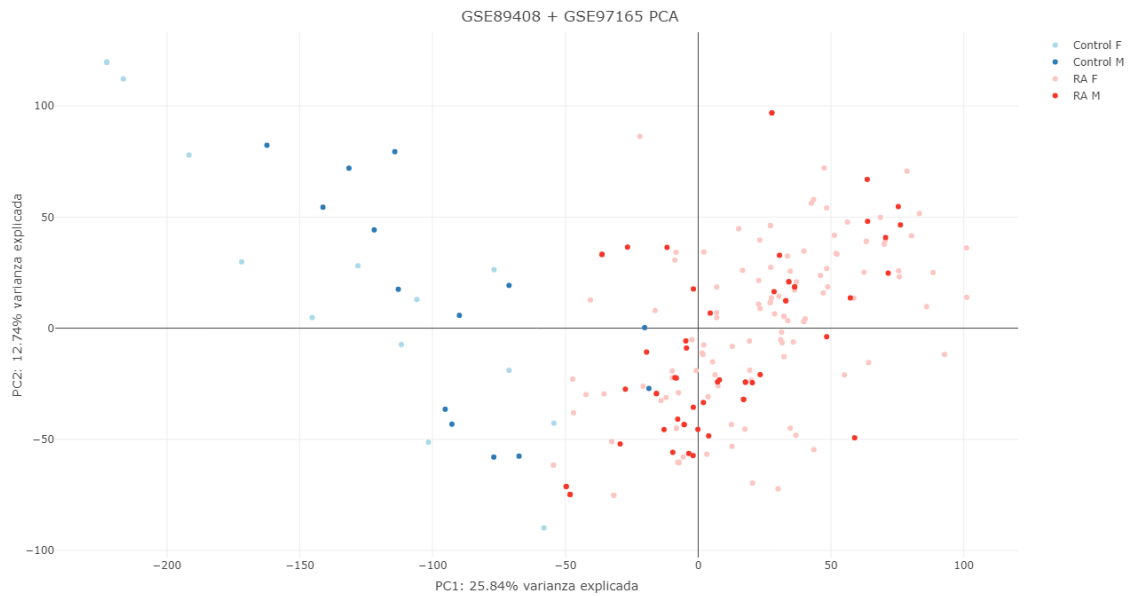


**Figura A.12 | Clustering jerárquico de los datasets GSE89408 y GSE97165.** Coloreado en función de los grupos experimentales: mujer control (Control F), hombre control (Control M), mujer con artritis reumatoide (RA F) y hombre con artritis reumatoide (RA M).

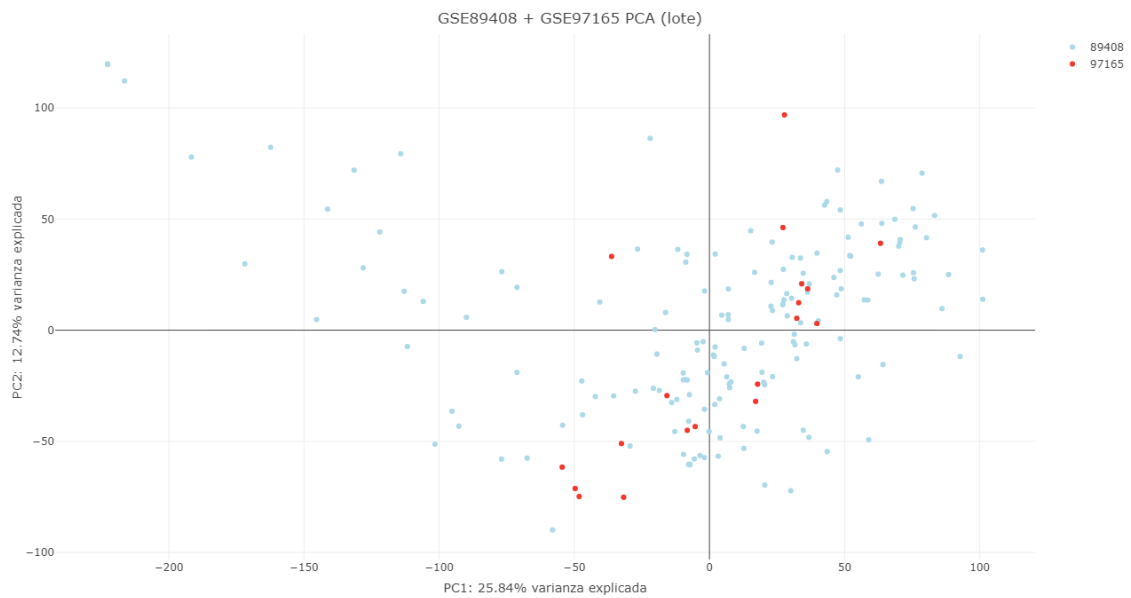


**Figura A.13 | Clustering jerárquico de los datasets GSE89408 y GSE97165.** Coloreado en función de los datasets.

## 8. ANEXOS



**Figura A.14 | Análisis de componentes principales (PCA) de los datasets GSE89408 y GSE97165.** Se muestran las componentes principales (PC) 1 y 2. Las muestras se han coloreado en función de los grupos experimentales: mujeres control (Control F), hombres control (Control M), mujeres con artritis reumatoide (RA F) y hombres con artritis reumatoide (RA M).



**Figura A.15 | Análisis de componentes principales (PCA) de los datasets GSE89408 y GSE97165.** Se muestran las componentes principales (PC) 1 y 2. Las muestras se han coloreado en función de los datasets.

## 8. ANEXOS

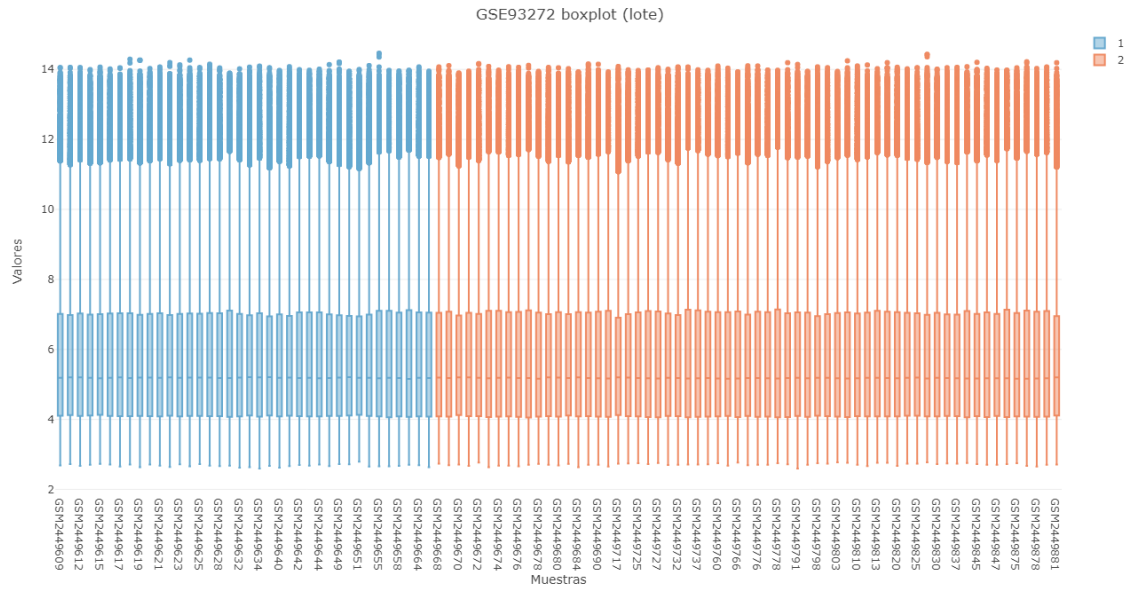


Figura A.16 | Diagrama de cajas del estudio GSE93272. Representa los valores de expresión (eje Y) de cada muestra (eje X). Coloreado en función de los lotes.

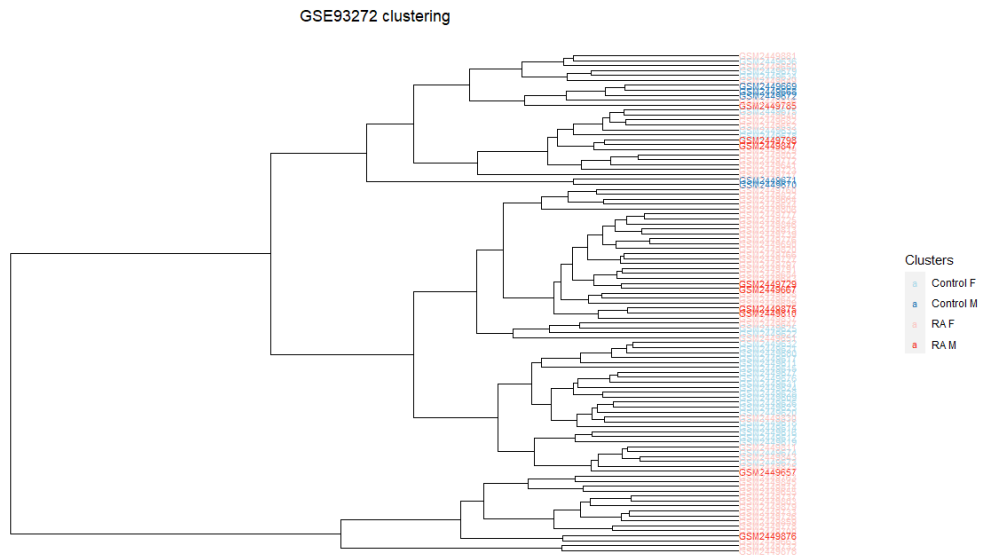


Figura A.17 | *Clustering* jerárquico del estudio GSE93272 en base a la distancia de correlación. Coloreado en función de los grupos experimentales: mujer control (Control F), hombre control (Control M), mujer con artritis reumatoide (RA F) y hombre con artritis reumatoide (RA M).



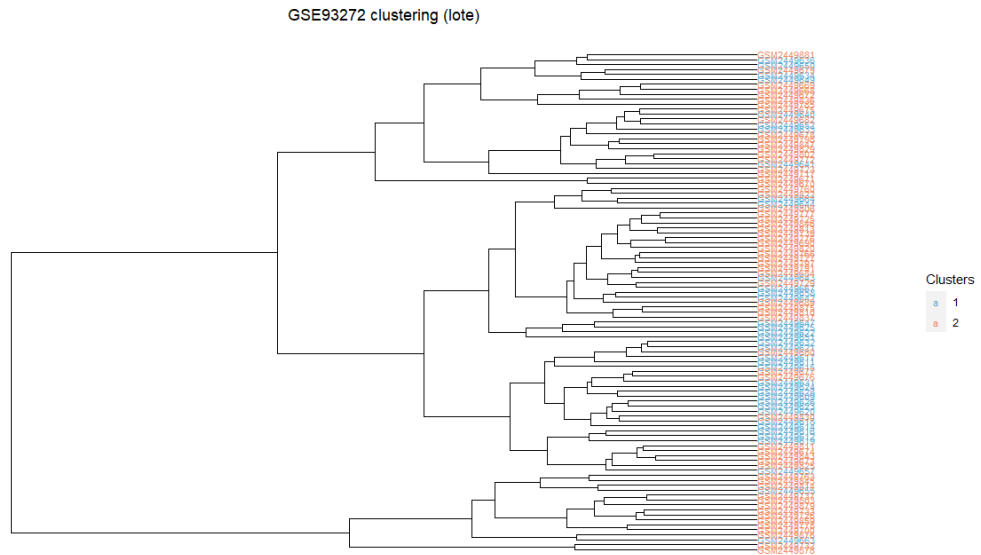


Figura A.18 | *Clustering* jerárquico del estudio GSE93272 en base a la distancia de correlación. Coloreado en función de los lotes.

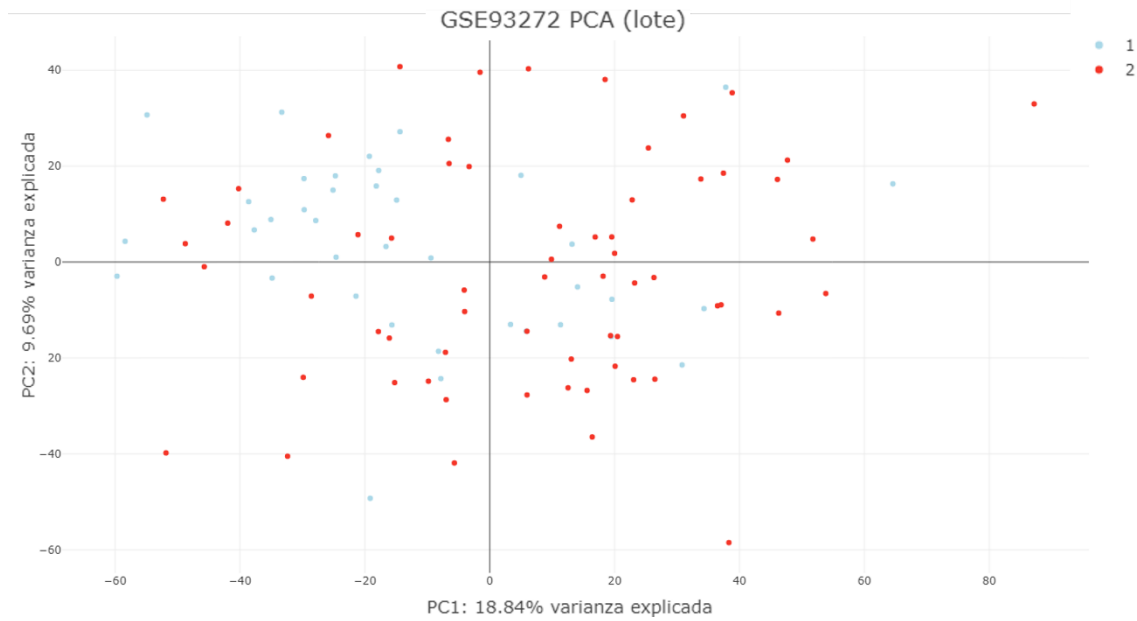
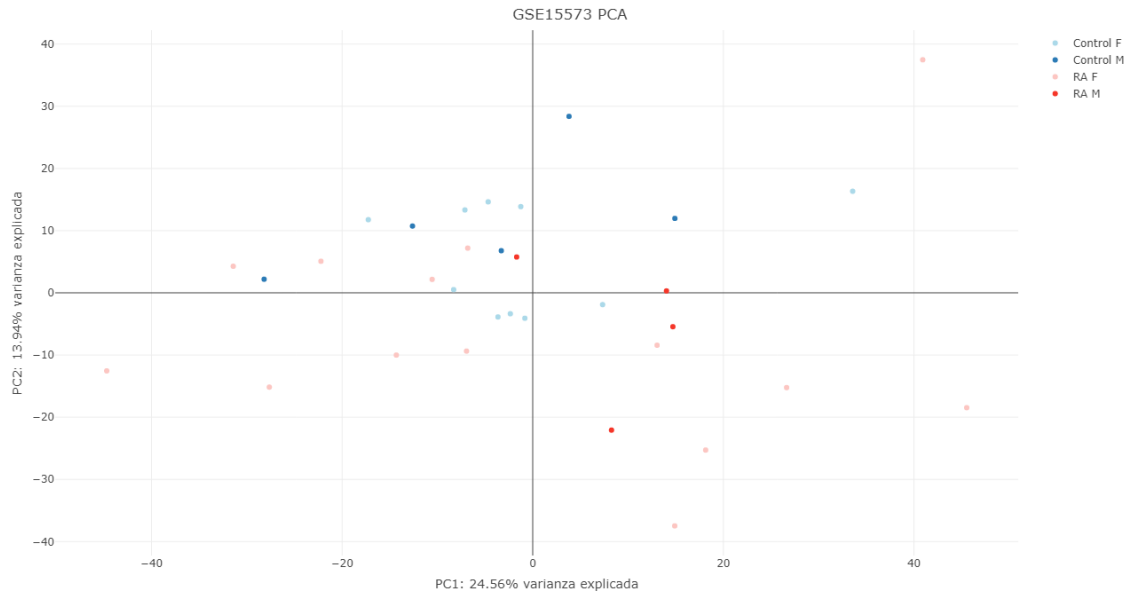
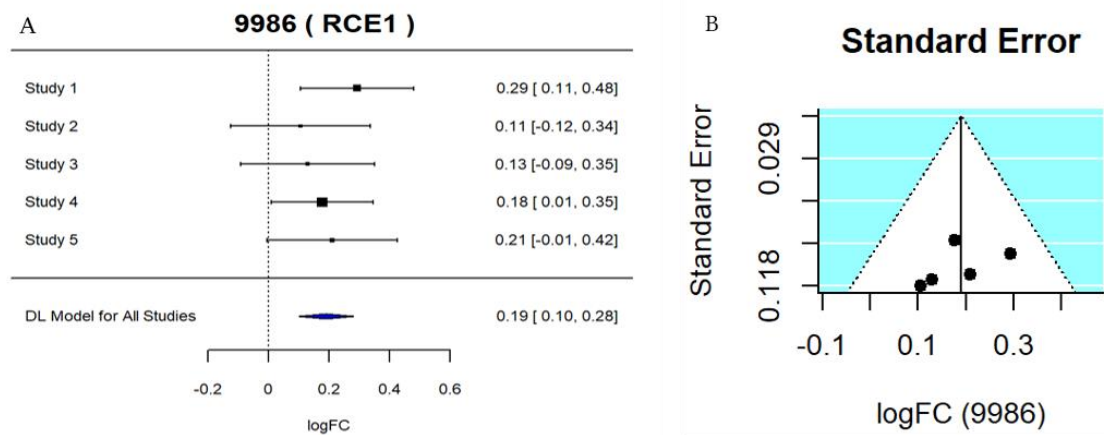


Figura A.19 | Análisis de componentes principales (PCA) de las muestras del GSE93272. Se muestran las componentes principales (PC) 1 y 2. Las muestras se han coloreado en función de los lotes (1 y 2).

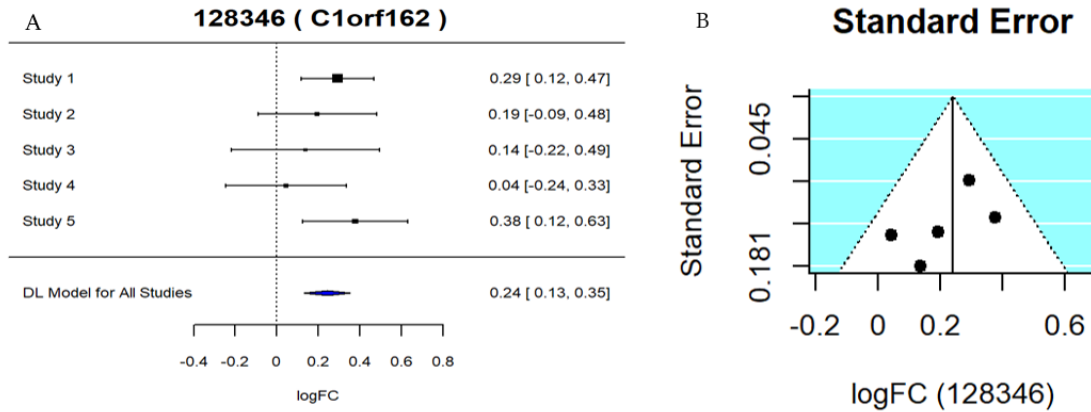
## 8. ANEXOS



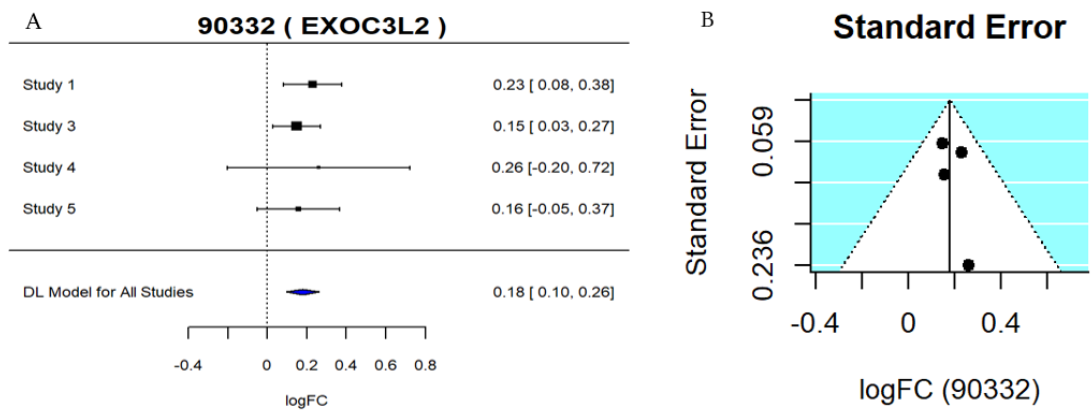
**Figura A.20 | Análisis de componentes principales (PCA) del estudio GSE15573.** Se muestran las componentes principales (PC) 1 y 2. Las muestras se han coloreado en función de los grupos experimentales: mujeres control (Control F), hombres control (Control M), mujeres con artritis reumatoide (RA F) y hombres con artritis reumatoide (RA M).



**Figura A.21 | Gen RCE1: A: Gráfico de bosque.** Se muestra el tamaño del efecto de cada estudio (parte superior) y la estimación global (diamante azul), junto con su intervalo de confianza. La línea de puntos marca la línea de efecto nulo. **B: Gráfico de embudo.** Muestra la dispersión de las estimaciones de los estudios individuales representando el error estándar en una escala invertida frente al logaritmo de la magnitud de cambio. *Abreviaturas: DL, DerSimonian-Laird; logFC, logaritmo de la magnitud de cambio.*

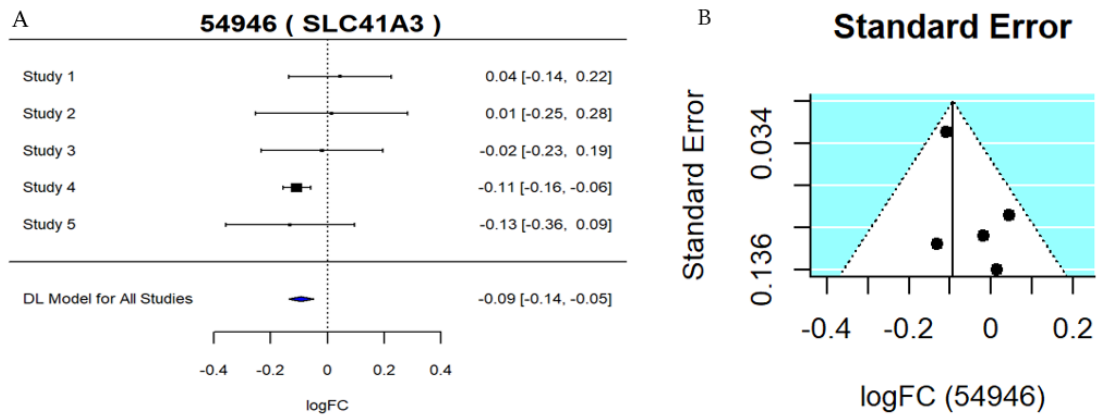


**Figura A.22 | Gen C1orf162: A: Gráfico de bosque.** Se muestra el tamaño del efecto de cada estudio (parte superior) y la estimación global (diamante azul), junto con su intervalo de confianza. La línea de puntos marca la línea de efecto nulo. **B: Gráfico de embudo.** Muestra la dispersión de las estimaciones de los estudios individuales representando el error estándar en una escala invertida frente al logaritmo de la magnitud de cambio. *Abreviaturas: DL, DerSimonian-Laird; logFC, logaritmo de la magnitud de cambio.*

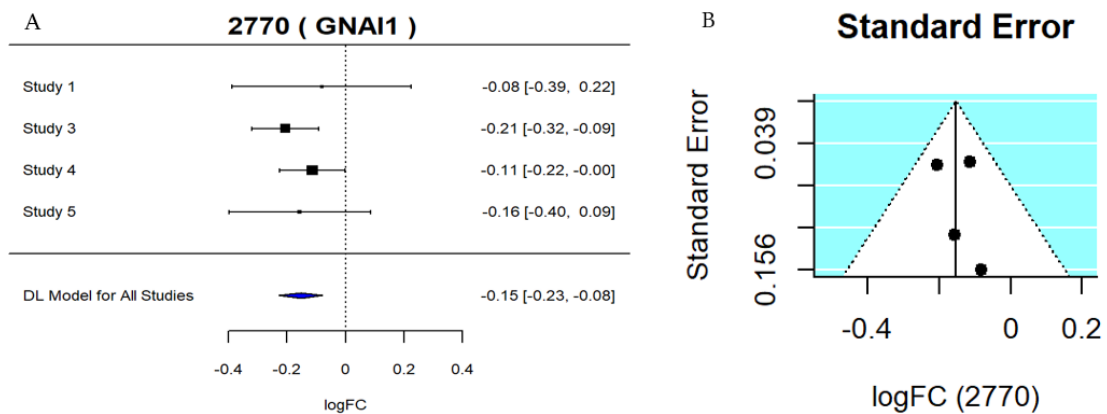


**Figura A.23 | Gen EXOC3L2: A: Gráfico de bosque.** Se muestra el tamaño del efecto de cada estudio (parte superior) y la estimación global (diamante azul), junto con su intervalo de confianza. La línea de puntos marca la línea de efecto nulo. **B: Gráfico de embudo.** Muestra la dispersión de las estimaciones de los estudios individuales representando el error estándar en una escala invertida frente al logaritmo de la magnitud de cambio. *Abreviaturas: DL, DerSimonian-Laird; logFC, logaritmo de la magnitud de cambio.*

## 8. ANEXOS



**Figura A.24 | Gen SLC41A3: A: Gráfico de bosque.** Se muestra el tamaño del efecto de cada estudio (parte superior) y la estimación global (diamante azul), junto con su intervalo de confianza. La línea de puntos marca la línea de efecto nulo. **B: Gráfico de embudo.** Muestra la dispersión de las estimaciones de los estudios individuales representando el error estándar en una escala invertida frente al logaritmo de la magnitud de cambio. *Abreviaturas: DL, DerSimonian-Laird; logFC, logaritmo de la magnitud de cambio.*



**Figura A.25 | Gen GNAI1: A: Gráfico de bosque.** Se muestra el tamaño del efecto de cada estudio (parte superior) y la estimación global (diamante azul), junto con su intervalo de confianza. La línea de puntos marca la línea de efecto nulo. **B: Gráfico de embudo.** Muestra la dispersión de las estimaciones de los estudios individuales representando el error estándar en una escala invertida frente al logaritmo de la magnitud de cambio. *Abreviaturas: DL, DerSimonian-Laird; logFC, logaritmo de la magnitud de cambio.*

## Anexo B: Tablas

Tabla B.1 | Software empleado y sus versiones.

Software y paquetes	Versión
R	4.0.3
AnnotationDbi	1.52.0
Biobase	2.50.0
biomaRt	2.46.3
ComplexHeatmap	2.6.2
dplyr	1.0.6
edgeR	3.32.1
GEOquery	2.58.0
ggdendro	0.1.22
ggplot2	3.3.3
GO.db	3.12.1
hgu133plus2.db	3.2.3
hgu219.db	3.2.3
illuminaHumanv2.db	1.26.0
kableExtra	1.3.4
KEGG.db	3.2.4
knitr	1.33
limma	3.46.0
mdgsa	1.22.0
metafor	3.0-2
methods	4.0.3
org.Hs.eg.db	3.12.0
plotly	4.9.3
reshape2	1.4.4
rrvgo	1.2.0
scales	1.1.1
stats	4.0.3
tidyverse	1.3.1
UpSetR	1.4.0
utils	4.0.3

Tabla B.2 | Normalizaciones aplicadas a cada *dataset*.

Dataset	Normalización
GSE117769	Trimmed Mean of M-values (TMM)
GSE93272	Frozen robust multiarray análisis (fRMA)
GSE17755	Global ratio median
GSE15573	Quantile normalisation with Beadstudio
GSE110169	Robust Multi-Array Average (RMA)
GSE97165, GSE89408	Trimmed Mean of M-values (TMM)

## 8. ANEXOS

**Tabla B.3 | Selección de términos GO de procesos biológicos significativos en el enriquecimiento del metaanálisis.**  
Se muestra el identificador GO (GO ID), nombre del término GO, los logaritmos de los odds ratio (LOR) y el P-valor ajustado por el método Benjamini-Yekutieli.

GO ID	Nombre	LOR	P-valor ajustado
GO:0043385	mycotoxin metabolic process	1.062	.015
GO:0046222	aflatoxin metabolic process	1.062	.015
GO:1901376	organic heteropentacyclic compound metabolic process	1.062	.015
GO:0006120	mitochondrial electron transport, NADH to ubiquinone	0.504	.024
GO:0042775	mitochondrial ATP synthesis coupled electron transport	0.495	<.001
GO:0042773	ATP synthesis coupled electron transport	0.493	<.001
GO:0006081	cellular aldehyde metabolic process	0.482	.014
GO:0042267	natural killer cell mediated cytotoxicity	0.454	.020
GO:0002228	natural killer cell mediated immunity	0.433	.027
GO:0010257	NADH dehydrogenase complex assembly	0.432	.035
GO:0030514	negative regulation of BMP signaling pathway	-0.500	.011
GO:0002181	cytoplasmic translation	-0.523	<.001
GO:0006614	SRP-dependent cotranslational protein targeting to membrane	-0.525	<.001
GO:0000184	nuclear-transcribed mRNA catabolic process, nonsense-mediated decay	-0.526	<.001
GO:0045668	negative regulation of osteoblast differentiation	-0.546	.019
GO:0006376	mRNA splice site selection	-0.616	.041
GO:0070166	enamel mineralization	-0.813	.035
GO:0072202	cell differentiation involved in metanephros development	-0.813	.002
GO:0030728	ovulation	-0.849	.015
GO:0009086	methionine biosynthetic process	-1.052	.007