

Conexión cardio?renal: análisis proteómico DIA?PASEF en estenosis aórtica y enfermedad renal crónica

Laura Mouriño Álvarez(1), Inés Perales Sánchez(1), Ángela Peralbo Molina(2), Teresa Tejerina(3), Luis Fernando López Almodóvar(4), Luis Rodríguez Padial(5), Eduardo Chicano Gálvez(2) y Mª Eugenia González Barderas(1) de (1)Fisiopatología Vascular. Hospital Nacional de Parapléjicos, Toledo - España, (2)Unidad de Espectrometría de Masas e Imagen Molecular (IMSMI). Instituto Maimónides de Investigación Biomédica de Córdoba, Córdoba - España, (3)Farmacología, Facultad de Medicina. Universidad Complutense Madrid, Madrid - España, (4)Cirugía Cardíaca. Hospital Universitario de Toledo, Toledo - España y (5)Cardiología. Hospital Universitario de Toledo, Toledo - España

Introducción: La estenosis aórtica (EA) y la enfermedad renal crónica (ERC) son patologías progresivas asociadas a una alta morbilidad y mortalidad. La ERC acelera la progresión de la EA y cuando ambas coexisten empeora significativamente el pronóstico clínico. Por lo tanto, establecer un perfil molecular precoz que caracterice a los pacientes con ERC podría servir como punto de partida para predecir la aparición subclínica y monitorizar la progresión tanto de la EA como de la ERC.

Métodos: Se realizó un estudio de proteómica diferencial de plasma utilizando la tecnología DIA-PASEF, que utiliza la separación por movilidad iónica (TIMS) para mejorar la sensibilidad en experimentos proteómicos. Se analizaron muestras de plasma de dos grupos de estudio diferentes: i) pacientes con EA sin ERC y ii) pacientes con EA y ERC. Los datos se procesaron mediante el programa informático Spectronaut® (Biognosys) y las proteínas identificadas se analizaron con Metascape, una herramienta online para la anotación funcional que permite analizar e interpretar los resultados proteómicos de forma más exhaustiva. Tras el análisis bioinformático, se seleccionaron las proteínas candidatas para su verificación mediante inmunodetección en una cohorte independiente.

Resultados: El estudio de proteómica diferencial nos permitió identificar un total de 321 proteínas en plasma crudo, de las cuales 16 mostraron diferencias de expresión entre pacientes con EA y pacientes con EA y ERC. Tras el análisis funcional, se verificaron 2 candidatos relacionados con la respuesta inflamatoria en una cohorte independiente, destacando su potencial como biomarcadores de ERC en pacientes con EA.

Conclusiones: Estos hallazgos revelan la existencia de diferentes perfiles proteómicos en pacientes con EA, con y sin ERC, señalando a la inflamación como un proceso clave en esta comorbilidad.
Nuestros resultados sientan las bases para enfoques de medicina personalizada que consideren no solo el diagnóstico de la EA sino también la presencia concomitante de ERC, con el propósito de lograr un manejo más eficaz de los pacientes.