

APROXIMACION PROTEOMICA AL SINDROME DE APNEAS-HIPOPNEAS DEL SUEÑO

**J.L. Gómez-Chaparro Moreno^{1,4}, M. Muñoz Calero², B. Jurado-Gómez³,
J. Ruiz Laguna¹, D. Bonilla Valverde¹, A. Serna Sanz⁴, L. Muñoz Cabrera³,
A. Cosano Povedano³, J. López Barea¹**

¹Departamento de Bioquímica y Biología Molecular. Universidad de Córdoba,

Distrito Sanitario Córdoba (Servicio Andaluz de Salud),

²S. Bioquímica Clínica. H.U. La Paz, Madrid,

³S. Neumología. H.U. Reina Sofía, Córdoba,

⁴Specialist Support Proteomics, Applied Biosystems. Madrid

Introducción: El síndrome de apneas-hipopneas del sueño (SAHS) se caracteriza por frecuentes episodios de obstrucción de la vía aérea superior con episodios de hipoxemia-reoxigenación que pudieran conllevar modificaciones en las proteínas séricas.

Objetivo: Determinar si la expresión de las proteínas séricas en pacientes con SAHS difiere significativamente del grupo control.

Pacientes y método: Estudio prospectivo con muestreo consecutivo; incluyendo 36 pacientes (40 ±6.1 años, 30 hombres y 6 mujeres, IMC 31 ±5.9) de la Unidad de Trastornos Respiratorios del Sueño (HU. Reina Sofía, Córdoba). Se valoraron: historia clínica, examen físico, estudio analítico y radiológico, saturación periférica de oxígeno y polisomnografía diagnóstica de noche completa. Se consideró el diagnóstico de SAHS a los sujetos con un índice de apneas-hipopneas (IAH) ≥10 en la polisomnografía incluyendo en el grupo control aquellos con IAH <5. En función del IAH, los pacientes fueron clasificados como SAHS leve (10 ≤ IAH <15), moderado (15 ≤ IAH <30), y grave (30 ≤ IAH). Previo consentimiento informado, se extrajo sangre con tubos Vacutainer® SST, almacenando las muestras séricas a -86 °C. Por triplicado se realizaron geles 2D PAGE (18cm, pH 3-10) de los 4 grupos clínicos (leve, moderado, grave y control) seguida de una aproximación proteómica cuantitativa con iTRAQ™ de 4 canales. La 2-DE resolvió unas 1400 manchas, encontrándose diferencias significativas en la expresión de 37 de ellas entre los 4 grupos clínicos, habiéndose logrado por iTRAQ™ la identificación y cuantificación relativa de 121 proteínas, 29 de ellas con significación estadística.

Conclusiones: La 2-DE revela diferencias significativas de expresión proteica sérica en los pacientes con SAHS. Por iTRAQ™ se han identificado proteínas varias séricas que pueden ayudar en el diagnóstico, la valoración de la gravedad y el conocimiento de la fisiopatología del SAHS.

Estudio financiado por la Fundación Respira.