



## 17454 - NIVELES DE ADAM10 EN LCR EN PACIENTES CON ENFERMEDAD DE ALZHEIMER

Agüero Rabes, P.<sup>1</sup>; Cremades Jimeno, L.<sup>2</sup>; Cárdaba Olombrada, B.<sup>2</sup>; Sainz Artiga, M.J.<sup>1</sup>; Téllez Pérez, R.<sup>2</sup>; Pérez Pérez, J.<sup>3</sup>; Gómez Tortosa, E.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Servicio de Neurología. Fundación Jiménez Díaz-Ute, <sup>2</sup>Servicio de Inmunología. Fundación Jiménez Díaz-Ute, <sup>3</sup>Servicio de Neurogenética. Secugen SL.

### Resumen

**Objetivos:** La proteína ADAM10 es la principal alfa-secretasa que interviene en la vía no-amiloidogénica de la EA. Es posible que una disminución de su actividad, asociada al envejecimiento o a variantes específicas del gen ADAM10, contribuya al desarrollo de la enfermedad.

**Material y métodos:** Analizamos los niveles de proteína ADAM10 en LCR de pacientes con EA confirmada con biomarcadores: n = 27, todos con historia familiar de demencia, edad de inicio entre 54 y 73, 9 pacientes con inicio antes de los 65. Comparamos con los niveles en LCR de 14 controles (7 casos con DFT y 7 sin deterioro cognitivo). El análisis se realizó mediante un kit comercial de ELISA específico para LCR (MyBioSource, San Diego, CA). Se secuenció el gen ADAM10 en casos con niveles por debajo de la media.

**Resultados:** Los niveles de ADAM10 fueron bastante homogéneos en toda la muestra, sin diferencias significativas entre el grupo EA (media ± DE: 2,11 ± 0,29 ng/ml) y controles (2,15 ± 0,13). Tampoco se encontraron diferencias entre casos EA de inicio presenil (2,31 ± 0,18) y de inicio senil (2,01 ± 0,29). Solo en 3 casos con EA de inicio senil se detectaron unos niveles en rango bajo (1,16; 1,64 y 1,72 ng/ml). La secuenciación del gen ADAM10 en estos casos se encuentra en curso.

**Conclusión:** La homogeneidad de niveles de ADAM10 entre pacientes con EA y controles sugiere que la deficiencia de esta alfa-secretasa no tiene un papel fisiopatológico relevante en el desarrollo de la enfermedad. En los 3 casos con disminución de los niveles es preciso valorar la presencia de alguna variante genética que explique esos resultados.