



20322 - EL PROTEOMA DE LAS VESÍCULAS EXTRACELULARES DERIVADAS DEL SISTEMA INMUNE COMO BIOMARCADOR DE EVOLUCIÓN RELACIONADA CON LA INFECCIÓN TRAS HEMORRAGIA INTRACEREBRAL

Gutiérrez Fernández, M.¹; Laso García, F.²; Alonso López, E.²; Casado Fernández, L.³; Gallego Ruiz, R.²; Pozo Novoa, J.²; Otero Ortega, L.²; Bravo, S.⁴; López Molina, M.²; Juárez Martín, B.³; Barderas, R.⁵; Díez Tejedor, E.³; Fuentes, B.³; Alonso de Leciñana, M.³

¹Laboratorio de Neurociencias. Hospital Universitario La Paz; ²Área de Neurociencias. Instituto para la Investigación Sanitaria del Hospital la Paz; ³Servicio de Neurología. Hospital Universitario La Paz; ⁴Área de Neurociencias. Instituto de Investigación Sanitaria de Santiago de Compostela; ⁵Unidad de Proteómica Funcional de Enfermedades Crónicas. Instituto de Salud Carlos III.

Resumen

Objetivos: Identificar biomarcadores de mecanismos implicados en la evolución clínica relacionada con la infección en pacientes con hemorragia intracerebral (HIC), para facilitar la búsqueda de dianas terapéuticas.

Material y métodos: Estudio prospectivo observacional en pacientes con HIC. Se extraen vesículas extracelulares (VE) en sangre a los 7 días tras la HIC y se clasifican según su origen celular mediante inmunoprecipitación: anti-CD3 (células-T), anti-CD14 (monocitos) y anti-CD20 (células-B). El contenido proteico de las VE de las distintas estirpes se analiza por espectrometría de masas según el desarrollo o no de infección durante el ingreso y la buena o mala evolución a los 6 meses. Se seleccionan las proteínas con *fold change* 2 y *p* 0,05.

Resultados: Se incluyeron 44 pacientes: 17 infectados [14 mala evolución, 3 buena evolución]. Se identificaron 109 proteínas diferencialmente expresadas en pacientes infectados. Aquellos con mala evolución mostraron: 1) En VE derivadas de células-T: más abundancia de PSME1, MTREX y H2B1C, relacionadas con respuesta inmune y daño en DNA, y menos de FBLN1 y DYL2 relacionadas con coagulación y apoptosis; 2) En VE derivadas de monocitos: más abundancia de DPP3, relacionada con proteólisis, y menos de PCSK9, HCD2, y CMC1, relacionadas con procesos metabólicos; 3) En VE derivadas de células-B: más abundancia de SDHA, relacionada con la cadena respiratoria, y menos de COHA1, relacionada con matriz de adhesión celular.

Conclusión: El proteoma de las VE derivadas del sistema inmunitario puede ser biomarcador de procesos implicados en los mecanismos patogénicos que pueden empeorar la evolución de los pacientes con HIC e infección.