



## 20965 - PROTEOMA SÉRICO EN EL SÍNDROME DE GUILLAIN-BARRÉ UTILIZANDO UNA PLATAFORMA BASADA EN APTÁMEROS

Collet Vidiella, R.<sup>1</sup>; Martín Aguilar, L.<sup>1</sup>; Lleixà Rodríguez, C.<sup>1</sup>; Caballero Ávila, M.<sup>1</sup>; Tejada Illa, C.<sup>1</sup>; Pascual Goñi, E.<sup>1</sup>; Llarch Cegarra, P.<sup>1</sup>; Llucià Carol, L.<sup>1</sup>; Vesperinas Castro, A.<sup>1</sup>; Carbayo Viejo, A.<sup>1</sup>; Gallardo Vigo, E.<sup>1</sup>; Llansó Caldentey, L.<sup>1</sup>; Sedano Tous, M.<sup>2</sup>; Casasnovas, C.<sup>3</sup>; Gutiérrez Gutiérrez, G.<sup>4</sup>; Pardo Fernández, J.<sup>5</sup>; Fernández Cadenas, I.<sup>1</sup>; Querol Gutiérrez, L.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Servicio de Neurología. Hospital de la Santa Creu i Sant Pau; <sup>2</sup>Servicio de Neurología. Hospital Universitario Marqués de Valdecilla; <sup>3</sup>Servicio de Neurología. Hospital Universitari de Bellvitge; <sup>4</sup>Servicio de Neurología. Hospital Universitario Infanta Sofía; <sup>5</sup>Servicio de Neurología. Hospital Clínico Universitario de Santiago de Compostela.

### Resumen

**Objetivos:** Se carece de datos proteómicos séricos a gran escala en pacientes con síndrome de Guillain-Barré (SGB). Nuestro objetivo es analizar las diferencias en el proteoma de pacientes con SGB al inicio y durante el seguimiento para identificar vías asociadas a la enfermedad y biomarcadores individuales que podrían ayudar a identificar nuevas dianas farmacológicas.

**Material y métodos:** Se seleccionaron 20 pacientes con SGB de diferentes centros españoles y de los que se disponía de datos clínicos y muestras de suero al inicio y tras un año de seguimiento, y se compararon con 15 controles sanos (CS). Se utilizó una plataforma proteómica multiplex de aptámeros (Somalogic) para la detección sensible de 6.939 proteínas séricas. Se hizo un análisis de enriquecimiento con la expresión proteica para estudiar vías moleculares de "Reactome" asociadas a la enfermedad.

**Resultados:** Se encontraron un total de 19 proteínas diferencialmente expresadas de forma significativa en la fase aguda de SGB comparado con la fase de remisión, y un total de 177 proteínas entre fase aguda comparado con CS. Se identificaron 121 vías con un enriquecimiento diferencial comparando fase aguda con remisión, estando las vías relacionadas con la activación de linfocitos B, el ciclo celular y la desubiquitinación enriquecidas en la fase aguda, mientras que en remisión predominaban vías de remodelación de la matriz extracelular y de desarrollo axonal. Comparando con CS, no se encontró ninguna vía enriquecida de forma significativa.

**Conclusión:** El primer análisis proteómico plasmático a gran escala en pacientes con SGB muestra múltiples proteínas y vías biológicas relacionadas con el SGB.