



6000-2. PERFIL PROTEÓMICO DE LA VÁLVULA AÓRTICA NORMAL

Finn Akerström, Fernando de la Cuesta, Félix Gil-Dones, Laura Mouriño Álvarez, Luis Rodríguez Padial y María G. Barderas del Servicio de Cardiología del Hospital Virgen de la Salud, Toledo, Laboratorio de Fisiopatología Vascul ar, Hospital Nacional de Parapléjicos, Toledo y Laboratorio de Fisiopatología Vascul ar.

Resumen

Introducción y objetivos: El estudio proteómico constituye un nuevo y atractivo enfoque en el estudio de la patogénesis de las valvulopatías, como la estenosis aórtica, con el objetivo de identificar potenciales biomarcadores diagnósticos y pronósticos y dianas terapéuticas. No obstante, es necesario conocer el proteoma de la válvula aórtica humana sana dado que representa un proteoma de referencia para estudios futuros de patologías valvulares. El objetivo de este estudio fue caracterizar el proteoma de la válvula aórtica humana normal.

Métodos: Se utilizaron válvulas aórticas macroscópicamente normales de 4 pacientes sometidos a reemplazo valvular por insuficiencia aórtica secundaria a dilatación de la raíz aórtica. El proteoma de las muestras fue analizado con dos técnicas complementarias de espectrometría de masas: electroforesis bidimensional (2DE)-matrix-assisted laser desorption ionization time of flight (MALDI-TOF/TOF) y polyacrylamide gel electrophoresis-liquid chromatography mass spectrometry (PAGE-LC-MS/MS). La integridad tisular fue confirmada a nivel microscópico mediante análisis histológico.

Resultados: Empleando ambas técnicas, fueron identificadas 242 proteínas en total, que se clasificaron en 14 grupos según su función principal (fig.): inflamación y respuesta inmune (48; 20%), estructura (37; 15%), transportadores (26; 11%), adhesión celular (14; 6%), actividad oxireductasa (14; 6%), inhibidores de proteinasas y proteasas (12; 5%), contractilidad (11; 5%), chaperonas (11; 5%), coagulación y hemostasia (11; 4%), metabolismo de glucosa (9; 4%), metabolismo y transporte lipídico (6; 2%), transducción de señales celulares (6; 2%), angiogénesis (5; 2%) y otros (32; 13%). Las proteínas también fueron agrupadas según el compartimento celular: extracelular y secretado (130; 53%), citosol (72; 30%), orgánulo (21; 9%), núcleo (15; 6%) y membrana plasmática (5; 2%).

Conclusiones: El estudio representa el primer análisis proteómico de la válvula aórtica humana normal. Los resultados constituyen las bases para estudios futuros en las distintas valvulopatías aórticas.