

Journal of

Investigational Allergology and Clinical Immunology

ISSN 1018-9068

Volume 31, Supplement 2, 2021



Official Organ of Spanish Society
of Allergology and Clinical Immunology

www.jiaci.org



PONENCIAS Y COMUNICACIONES

XXXIII CONGRESO DE LA SOCIEDAD ESPAÑOLA
DE ALERGOLOGÍA E INMUNOLOGÍA CLÍNICA

Zaragoza, 20-23 de Octubre de 2021



seaic

Identificación de biomarcadores asociados con asma alérgico grave

Delgado Dolset MI¹, Carrillo Díaz T², Cabrera Santana A², Barber Hernández D¹, Villaseñor Solís A¹, Escribese Alonso MM¹

¹ Instituto de Medicina Molecular Aplicada (IMMA), Departamento de Ciencias Médicas Básicas, Facultad de Medicina, Universidad San Pablo CEU, Madrid

² Hospital Universitario de Gran Canaria Doctor Negrín, Las Palmas De Gran Canaria, Las Palmas

Objetivos/Introducción

El asma alérgica es una enfermedad multifactorial asociada frecuentemente a la sensibilización a ácaros. Habitualmente, el tratamiento con corticosteroides inhalados es la primera opción, además de la inmunoterapia, para los pacientes leves. El tratamiento con biológicos como omalizumab se reserva para los pacientes con asma grave no controlado; sin embargo, existe un grupo de estos pacientes graves que no responden a ningún tratamiento. En este proyecto se pretende encontrar biomarcadores (que pueden servir como posibles dianas terapéuticas) para predecir si un paciente no responderá al tratamiento.

Material y métodos

Se reclutaron 87 pacientes con asma alérgico en Gran Canaria, y se estratificaron en 4 grupos de acuerdo con

su tratamiento: controlados con corticoides (ICS), con inmunoterapia (IT), con omalizumab (BIO), y pacientes no controlados (NC). De estos pacientes se obtuvieron muestras de suero que se analizaron por medio de cromatografía de líquidos acoplada a espectrometría de masas (LC-MS) para determinar su perfil metabolómico. Los datos clínicos (50 variables) y metabolómicos se utilizaron para generar un modelo de aprendizaje automático que permitiera clasificar a los pacientes.

Resultados

El perfil metabolómico de los pacientes NC permitió agruparlos, con independencia del tratamiento recibido, y separarlos de los pacientes ICS. Al comparar los NC con los ICS, se encontraron 270 señales metabólicas significativamente distintas, de las que se pudieron identificar 33 compuestos únicos. Estos metabolitos, aumentados en los pacientes NC, pertenecen a rutas de inflamación tales como la ruta del ácido araquidónico o la ruta de las fosfolipasas A2 (PLA2).

El modelo de aprendizaje automático creado con los datos metabolómicos y clínicos incluía 39 variables que clasifican a los pacientes NC e ICS en el grupo correcto con una precisión del 87,5%.

Conclusión

Los pacientes no controlados presentan un perfil metabolómico distinto a los pacientes leves, con un incremento de metabolitos relacionados con la inflamación.