



Neurology perspectives



20237 - HUELLA DE EXPRESIÓN GENÉTICA SANGUÍNEA DE GENES INFLAMATORIOS Y REDOX DE LA APNEA OBSTRUCTIVA DEL SUEÑO EN PACIENTES CON ENFERMEDAD DE ALZHEIMER

Romero El Khayat, L.¹; Dakterzada, F.¹; Huerto, R.²; Carnes, A.²; Mínguez, O.³; Pujol, M.⁴; Targa, A.⁵; Barbé, F.⁶; Milanesi, E.⁷; Dobre, M.⁷; Manda, G.⁷; Cuadrado, A.⁸; Piñol Ripoll, G.²

¹Unitat de Trastorns Cognitius. Hospital Universitari Santa Maria de Lleida. Institut de Recerca Biomèdica de Lleida (IRBLleida); ²Unitat de Trastorns Cognitius. Hospital Universitari Santa Maria de Lleida; ³Unitat del Son. Hospital Universitari Santa Maria de Lleida; ⁴Servicio de Neurología. Hospital Santa María; ⁵Institut de Recerca Biomèdica de Lleida (IRBLleida). Hospital Universitari Arnau de Vilanova de Lleida; ⁶Servicio de Neumología. Hospital Universitari Arnau de Vilanova de Lleida; ⁷"Victor Babes" National Institute of Pathology; ⁸Servicio de Neurociencias. Hospital Universitario La Paz.

Resumen

Objetivos: La apnea obstructiva del sueño (AOS) es el trastorno del sueño más frecuente en pacientes con enfermedad de Alzheimer (EA). La hipoxia intermitente causada por AOS puede participar en la patogénesis de la EA incrementando el daño oxidativo y la inflamación. Nuestro objetivo fue identificar genes inflamatorios y redox con expresión diferencial en sangre de pacientes con EA y AOS grave versus aquellos con AOS no grave.

Material y métodos: Incluimos 40 pacientes con EA diagnosticados mediante manifestaciones clínicas y niveles de biomarcadores en líquido cefalorraquídeo. La AOS grave o no grave (índice de apnea-hipoapnea mayor o igual a 30 eventos/hora e inferior a 30 eventos/hora, respectivamente) se diagnosticó con polisomnografía nocturna (PSG). Los niveles de expresión de 136 genes inflamatorios y 84 genes relacionados con el metabolismo redox fueron evaluados en sangre mediante transcriptómica dirigida.

Resultados: Tres genes inflamatorios y seis genes redox estaban regulados positivamente en la sangre de pacientes con EA y AOS grave. Tres de ellos correlacionaron con los parámetros de la PSG. No se encontró ninguna asociación entre los genes desregulados y los niveles de biomarcadores de EA. Un análisis de enriquecimiento de vías mostró un gran enriquecimiento de la vía de sinapsis serotoninérgica en los pacientes con EA y AOS grave.

Conclusión: Encontramos una regulación positiva de nueve genes involucrados en la inflamación mediada por NF-κB y el metabolismo redox en la sangre de pacientes con EA leve y AOS grave. Por tanto, AOS puede empeorar la inflamación y el daño oxidativo ya presentes en los pacientes con EA.