

A continuación, se detallan las presentaciones de Grifols en [la Conferencia Internacional sobre Enfermedades de Alzheimer y Parkinson AD/PD™ 2026](#) :

Título: Chronos: Una máquina del tiempo molecular para descifrar las trayectorias de las enfermedades del SNC a gran escala

Fecha de presentación: 19 de marzo 13:50 – 21 de marzo 19:00

Ponente: Scott Lohr

Resumen: Chronos transforma las donaciones rutinarias de plasma en una visión longitudinal a escala poblacional de las enfermedades humanas. La plataforma tiene el potencial de ampliarse de inmediato a la enfermedad de Alzheimer, las demencias relacionadas y las afecciones metabólicas e inflamatorias.

Título: Chronos PD: Seguimiento preciso de los cambios moleculares a lo largo del tiempo en las fases preclínicas y clínicas de la enfermedad de Parkinson

Fecha de presentación: 21 de marzo 18:00 – 18:15

Ponente: Benoit Lehallier, Ph.D.

Resumen: Chronos PD demuestra que los cambios moleculares en la enfermedad de Parkinson aparecen entre 12 y 15 años antes del diagnóstico, mucho antes de que se detecte clínicamente. Al integrar muestras biológicas de plasma de seguimiento longitudinal con datos del mundo real, Chronos reconstruye trayectorias moleculares continuas de la enfermedad, en lugar de comparaciones estáticas entre casos y controles. La plataforma tiene el potencial de utilizarse como motor fundamental para la detección precoz, la estratificación del riesgo y la intervención preventiva, en lugar de limitarse a la caracterización de la enfermedad en fases avanzadas.

Título: Optimización del descubrimiento proteómico en el envejecimiento y la enfermedad de Parkinson mediante la selección de plataformas: datos de Chronos

Fecha de presentación: 17 de marzo 07:30 – 19 de marzo 12:50

Ponente: Ying Wang

Resumen: Las plataformas de proteómica de afinidad son complementarias para el descubrimiento de biomarcadores en comparación con las plataformas de proteómica individuales. El uso conjunto de SomaScan y Olink maximiza tanto el alcance del descubrimiento como la resolución biológica.

Título: Identificación y validación de ratios de proteínas plasmáticas en fase preclínica asociados al desarrollo de la enfermedad de Parkinson

Fecha de presentación: 17 de marzo 07:30 – 19 de marzo 12:50

Ponente: Yuelong Guo, Ph.D.

Resumen: El descubrimiento de nuevos índices de proteínas plasmáticas previos al diagnóstico asociados a la enfermedad de Parkinson ha demostrado su relevancia en una cohorte independiente con fenotipado exhaustivo. La solidez de estos índices en distintas cohortes sugiere que reflejan mecanismos biológicos fundamentales. Estos hallazgos ponen de relieve la utilidad de los índices proteómicos como biomarcadores accesibles para la enfermedad de Parkinson, sentando las bases para una exploración más profunda de la biología de la enfermedad.

Título: Los medicamentos influyen en los perfiles proteómicos plasmáticos tras el diagnóstico de la enfermedad de Parkinson

Fecha de presentación: 21 de marzo 18:30-18:45

Ponente: Balint File, Ph.D.

Resumen: Los medicamentos influyen de manera significativa en los perfiles proteómicos plasmáticos tras la aparición de la EP, lo que podría distorsionar las señales específicas de la enfermedad. Los resultados obtenidos tras la aparición de la enfermedad reflejan tanto la influencia de la medicación como la progresión de la enfermedad, lo que subraya la necesidad de realizar

ajustes minuciosos en los análisis proteómicos y de llevar a cabo estudios centrados en las fases previas al diagnóstico.

Título: Análisis del impacto de las comorbilidades en el descubrimiento de biomarcadores proteómicos de la enfermedad de Parkinson: conclusiones del estudio piloto Chronos PD

Fecha de presentación: 17 de marzo 07:30 – 19 de marzo 12:50

Ponente: Ying Wang

Resumen: La mayoría de los biomarcadores de riesgo de la EP identificados en Chronos no se ven muy afectados por comorbilidades no relacionadas. La hiperlipidemia se reveló como una excepción notable, en consonancia con la bibliografía que relaciona la biología lipídica con la EP. Aclarar si esto refleja mecanismos comunes o factores de confusión será un paso importante para perfeccionar la priorización de los biomarcadores de la EP.

Título: Análisis comparativo de las firmas proteómicas de la enfermedad de Parkinson antes y después del diagnóstico mediante la difusión de redes de interactomas

Fecha de presentación: 17 de marzo 07:30 – 19 de marzo 12:50

Ponente: Tibor Nanasi, MD, Ph.D.

Resumen: Los cambios moleculares en la fase temprana de la EP forman una topología de red diferenciada, distinta de las señales propias de la fase avanzada de la enfermedad. Esto respalda el modelo de progresión de la enfermedad «del núcleo al halo», según el cual las alteraciones iniciales se propagan hasta dar lugar a cambios sistémicos más amplios.

Título: Causalidad proteica entre el plasma y el LCR en la enfermedad de Parkinson y conclusiones sobre las ventanas de intervención temprana a partir del estudio Chronos-PD

Fecha de presentación: 19 de marzo 13:50 – 21 de marzo 19:00

Ponente: Yann Le Guen, Ph.D.

Resumen: La aleatorización mendeliana relaciona las proteínas plasmáticas con los mecanismos causales de la enfermedad, y no solo con la correlación. Los datos de Chronos-PD sugieren que los niveles de GPNMB aumentan años antes del diagnóstico, lo que permite definir posibles ventanas terapéuticas.

Título: Los patrones de datos del mundo real en los endotipos moleculares de la enfermedad de Parkinson revelan diferencias en las comorbilidades y el tratamiento de la enfermedad

Fecha de presentación: 17 de marzo 07:30 – 19 de marzo 12:50

Ponente: Rad Suchecki, Ph.D.

Resumen: Chronos identifica distintos endotipos moleculares de la enfermedad de Parkinson que difieren sistemáticamente en cuanto a la carga de comorbilidad y el uso de medicamentos. Estos endotipos combinan la proteómica longitudinal con datos clínicos del mundo real, revelando una heterogeneidad con base biológica que no se aprecia únicamente a partir de los historiales médicos. Uno de los endotipos moleculares muestra patrones compatibles con una progresión más rápida de la enfermedad y una mayor intensidad del tratamiento, lo que sugiere la existencia de subtipos clínicamente significativos.

Título: Aprovechamiento de datos del mundo real para crear una cohorte de EP con controles emparejados

Fecha de presentación: 17 de marzo 07:30 – 19 de marzo 12:50

Ponente: Idit Kosti, Ph.D.

Resumen: El aprovechamiento de los datos del mundo real (RWD), junto con la revisión de expertos, contribuye a la creación de cohortes de pacientes con Parkinson de alta calidad. La inclusión de controles emparejados permite realizar estudios comparativos sólidos, lo que impulsa la investigación sobre la progresión y los resultados de la enfermedad de Parkinson.

Título: ¿Son los donantes de plasma con EP representativos de la población estadounidense con EP? Un análisis de comorbilidades en el mundo real de la cohorte Chronos-PD

Fecha de presentación: 17 de marzo, 07:30 – 19 de marzo, 12:50

Ponente: Nhi Hin, Ph.D.

Resumen: La cohorte del estudio Chronos-PD refleja los patrones y la evolución temporal de las comorbilidades de la población estadounidense, a pesar de proceder de donantes de plasma. Esto respalda la idea de que las recogidas de plasma en el mundo real pueden dar lugar a cohortes de enfermedades con validez externa.

Título: El impacto del diseño del estudio en la identificación de biomarcadores proteómicos plasmáticos de enfermedades relacionadas con la edad en Chronos

Fecha de presentación: 17 de marzo, 07:30 – 19 de marzo, 12:50

Ponente: Chunmiao Feng, Ph.D.

Resumen: En las muestras de Chronos se detectan señales biológicas claras, y el estudio demuestra que es posible identificar posibles biomarcadores asociados a la edad y a la enfermedad de Parkinson mediante un diseño transversal y longitudinal adecuado.

Título: Mayor capacidad de detección de señales moleculares de la enfermedad de Parkinson en Chronos mediante modelos estadísticos de múltiples etapas a lo largo de la progresión de la enfermedad

Fecha de presentación: 17 de marzo, 07:30 – 19 de marzo, 12:50

Ponente: Chunmiao Feng, Ph.D.

Resumen: Los modelos estadísticos de múltiples pasos demostraron una mayor potencia y resolución para detectar señales asociadas a la enfermedad, incluida la progresión lineal y no lineal, así como posibles biomarcadores de riesgo.