



# Neurocirugía



<https://www.revistaneurocirugia.com>

## O-073 - ESTUDIO DE MRNAS EN LÍQUIDO CEFALORRAQUÍDEO EN PACIENTES CON HEMORRAGIA SUBARACNOIDEA ANEURISMÁTICA Y SU ASOCIACIÓN CON EL DESARROLLO DE VASOESPASMO SINTOMÁTICO

J. Hoyos Castro, L. Pedrosa Eguílaz, A. Mosteiro Cadaval, A. Ferrés Pijoan, T. Topczewski, L. Gómez López, L. Reyes Figueroa, L. Llull Estrany, S. Amaro Delgado, R. Torné Torné y J. Enseñat Nora

Hospital Clínic de Barcelona, Barcelona, España.

### Resumen

**Introducción:** Estudios recientes relacionan la intensidad del daño cerebral inicial (DCI) en la hemorragia subaracnoidea (HSA) con biomarcadores en líquido cefalorraquídeo (LCR). Entre estos biomarcadores destacan los mi-RNAs, que consisten en cadenas cortas de RNA monocatenario que tienen capacidad regulatoria de la expresión génica. A pesar de tener un papel en el DCI, la expresión de miRNAs y su relación con el vasoespasmo sintomático (VS) e isquemia cerebral diferida (ICD) ha sido pobremente estudiado.

**Objetivos:** Determinar la asociación de patrones específicos de miRNAs en el LCR en la fase inicial del sangrado y el desarrollo de vs. y ICD en una cohorte prospectiva de pacientes con HSA.

**Métodos:** En una serie de HSAs unicéntrica se registra de forma prospectiva variables clínicas, radiológicas y pronósticas. Las muestras de LCR se obtuvieron a los tres días de los pacientes con drenaje. La extracción de miRNA y el posterior procesado se realizó mediante tecnología Nanostring. Los patrones obtenidos de miRNAs se compararon con las variables dependientes (VS y ICD). Para el análisis estadístico y los gráficos (*heatmaps*) se ha utilizado el software libre R v.4.1 utilizado pruebas t con corrección por comparaciones múltiples para obtener los resultados; FDR (*False Discovery rate*);  $p < 0,05$ .

**Resultados:** Se obtuvieron muestras en 58 pacientes consecutivos. Determinamos tres grupos de estudio: grupo análisis ( $n = 40$ ), grupo validación ( $n = 18$ ) y grupo controles sanos ( $n = 10$ ). Se identificaron un total de 17 miRNAs previamente descritos en HSAs que validaban nuestra cohorte. Los miR-3179, miR-488-3p y miR-3615 presentaron una expresión significativamente alterada en aquellos pacientes que presentaron VS.

**Conclusiones:** En pacientes con HSA, la detección de miRNAs específicos muestra una relación con el desarrollo de VS. Estos hallazgos permiten el estudio de la activación mediante miRNAs de nuevas vías metabólicas en el desarrollo del VS.