



22695 - PREDICCIÓN DE LA PROGRESIÓN EN LA ESCLEROSIS MÚLTIPLE MEDIANTE BIOMARCADORES DE RESONANCIA MAGNÉTICA, RETINIANOS Y SÉRICOS A TRAVÉS DE APRENDIZAJE AUTOMÁTICO SUPERVISADO

Calvi, A.¹; Tozlu, C.²; Martínez Heras, E.¹; Vivo, F.¹; Solana, E.¹; López Soley, E.¹; Alba Arbalat, S.¹; Sepúlveda, M.¹; Martínez Hernández, E.¹; Blanco, Y.¹; Prados Carrasco, F.³; Villoslada Díaz, P.⁴; Gauthier, S.⁵; Llufríu Duran, S.¹

¹Servicio de Neuroinmunología Clínica. Hospital Clínic i Provincial de Barcelona; ²Department of Radiology. Weill Cornell Medicine; ³e-Health Centre. Universitat Oberta de Catalunya; ⁴Servicio de Neurología. Hospital del Mar; ⁵Department of Neurology. Weill Cornell Medicine.

Resumen

Objetivos: Elaborar un algoritmo pronóstico para identificar a pacientes con esclerosis múltiple (EM) que vayan a presentar progresión independiente de brotes (PIRA), utilizando aprendizaje automático supervisado aplicado a resonancia magnética (RM) cerebral, tomografía de coherencia óptica (OCT) y biomarcadores séricos.

Material y métodos: Se analizaron datos de 131 pacientes (72% mujeres, mediana de edad: 41,5 años, EDSS basal: 1,5; duración de la enfermedad: 6,8 años y fenotipo remitente-recurrente en el 90%), basales y a los 24 meses. La presencia de PIRA se determinó a lo largo de 9,2 años de seguimiento. Las RM basales cuantificaron el volumen cortical y sustancia gris profunda. También se analizaron nuevas lesiones, cambio porcentual de volumen cerebral (PBVC) y lesiones de expansión lenta (SELs). Se analizó el grosor basal de la capa de células ganglionares/plexiforme interna (GCIPL) y la capa de fibras nerviosas retinianas (pRNFL), y los niveles séricos de proteína ácida fibrilar glial (GFAP) y cadena ligera de neurofilamentos (NfL). Se aplicó regresión logística y pruebas de permutación.

Resultados: La mayor precisión en la clasificación de PIRA se observó con el modelo que integró RM-OCT-suero (AUC: $0,77 \pm 0,13$) y el modelo de RM que incluía SELs, PBVC y nuevas lesiones (AUC: $0,79 \pm 0,10$), superior a los modelos de RM-OCT o RM basal ($p < 0,001$). El PBVC, la GFAP sérica y las SELs fueron los predictores más influyentes de PIRA.

Conclusión: Los modelos que integran marcadores de RM relacionados con inflamación crónica activa, y los de RM-OCT-suero, ofrecen una discriminación de la progresión superior a los modelos basados en marcadores de RM basal.