



22940 - MICRORNAS Y DISCAPACIDAD EN ESCLEROSIS MÚLTIPLE

Casanova Peño, L.¹; Pérez de Villar Carmona, G.²; Domínguez Mozo, M.²; García García, M.²; Monreal Laguillo, E.³; Costa-Frossard França, L.³; Sainz de la Maza, S.³; Sainz Amo, R.³; López de Silanes de Miguel, C.¹; de Torres, L.¹; Abellán Ayuso, S.¹; Aladro Benito, Y.⁴; Díaz Díaz, J.⁴; López Ruiz, P.⁵; Villar Guimerans, L.⁶; Arroyo González, R.⁵; Álvarez Lafuente, R.²

¹Servicio de Neurología. Hospital de Torrejón; ²Laboratorio de Investigación de Esclerosis Múltiple. Hospital Clínico San Carlos; ³Servicio de Neurología. Hospital Ramón y Cajal; ⁴Servicio de Neurología. Hospital Universitario de Getafe; ⁵Servicio de Neurología. Hospital Quirón Madrid; ⁶Servicio de Inmunología. Hospital Ramón y Cajal.

Resumen

Objetivos: Estudiar la asociación de 8 microRNA preseleccionados (miR-9.5p, miR-29b.3p, miR-34a.5p, miR-126.3p, miR-138.5p, miR-146a.5p, miR-200c.3p y miR-223.3p) con la discapacidad clínica en pacientes con esclerosis múltiple (EM).

Material y métodos: Estudio transversal. Sujetos con diagnóstico de EM según criterios de McDonald 2017, de cualquier fenotipo, según Lublin 201, y síndrome radiológico aislado (RIS) según Okuda 2009. La discapacidad se cuantificó mediante la Escala Expandida del Estado de Discapacidad (EDSS). El sexo, la edad en el momento del estudio, el tiempo de evolución de la EM y el fenotipo clínico se establecieron como covariables en el modelo de regresión multivariante. Se consideró significación estadística un valor de $p < 0,05$.

Resultados: 93 pacientes: 62 mujeres; 68 EM remitente-recurrente (EMRR); 8 EM secundaria-progresiva (EMSP); 6 EM primaria-progresiva (EMPP); 6 síndrome clínico aislado (CIS) y 5 RIS. En el análisis univariante, miR-9.5p se correlacionaba con EDSS ($b = 0,28$; $p = 0,04$); miR-29b.3p, miR-34a.5p, miR-126.3p y miR-146a.5p con el fenotipo de EM: niveles de miR-29b.3p, miR-34a.5p y miR-146a.5p más altos en CIS ($p = 0,001$, $p = 0,041$ y $p = 0,026$, respectivamente); y miR-126.3p más elevado en EMRR ($p < 0,001$). Tras el ajuste multivariante, tres microARNs se asociaban con la EDSS: miR-9.5p ($b = 0,37$; $p = 0,048$); miR-126.3p ($b = -1,14$; $p = 0,009$); y miR-146a.5p ($b = 0,4$; $p = 0,026$).

Conclusión: MiR-9.5p, miR-126.3p y miR-146a.5p parecen ser los microRNA más relevantes, ya que mantuvieron la asociación tras ajuste multivariante, por lo que se recomienda un estudio más profundo sobre ellos y sus mecanismos de acción.