

20537. DIETA MEDITERRÁNEA PREVIA AL ICTUS ISQUÉMICO Y POTENCIALES MEDIADORES IMPLICADOS EN EL BUEN PRONÓSTICO

Castañón Apilánez, M.¹; García-Cabo Fernández, C.¹; Martín Martín, C.²; González Delgado, M.¹; Calleja Puerta, S.¹; Benavente Fernández, L.¹; Larrosa Campo, D.¹; Rico Santos, M.¹; López-Cancio Martínez, E.¹

¹Servicio de Neurología. Hospital Universitario Central de Asturias;

²Grupo de Inmunología Traslacional. Instituto de Investigación Sanitaria del Principado de Asturias.

Objetivos: La dieta mediterránea (DMed) tiene efectos neuroprotectores y neurorreparadores que podrían conllevar una mejor recuperación tras un ictus. Quisimos evaluar la relación entre la DMed previa y el pronóstico tras un ictus isquémico y los posibles mediadores implicados.

Material y métodos: Incluimos 70 pacientes con ictus isquémico por oclusión de circulación anterior tratados con trombectomía mecánica. Se evaluó la adherencia a la DMed mediante la escala MEDAS-14, un cuestionario de frecuencia de consumo de alimentos y un recordatorio de 24 horas para estimar los macro y micronutrientes. Se determinaron biomarcadores circulantes: resistencia insulínica (RI) (índice HOMA), adipocinas (resistina, adiponectina, leptina), metabolitos de la vía de la colina (TMAO, betaína, colina) y células progenitoras endoteliales (CPEs) en sangre periférica. Las variables pronósticas evaluadas fueron: mejoría neurológica precoz (MNP), volumen final del infarto y pronóstico funcional a 3 meses.

Resultados: La adherencia a la DMed y el consumo de aceite de oliva se correlacionaron con menor prevalencia de diabetes, ictus aterotrombóticos y menor glucemia basal, HOMA y TMAO. El consumo de ácidos grasos monoinsaturados y oleico se correlacionó con niveles inferiores de resistina y el de aceite de oliva, con mayor movilización de CPEs. Aquellos con MNP y buen pronóstico movilizaron más CPEs y tenían niveles inferiores de HOMA y de resistina. La buena adherencia a la DMed se comportó como un factor independiente asociado a MNP y buen pronóstico funcional.

Conclusión: La DMed se relaciona con buen pronóstico tras un ictus isquémico, que estaría mediado, entre otros, por una menor RI, una mayor movilización de CPEs y niveles inferiores de resistina.

21560. MIARNs CIRCULANTES COMO POTENCIALES BIOMARCADORES DE CRECIMIENTO DEL HEMATOMA EN HEMORRAGIA INTRACEREBRAL: ESTUDIO DE CRIBADO

Lucas Parra, M.¹; Gubern Mérida, C.¹; Vera Cáceres, C.²; Puigoriol Illamola, D.¹; Carballo Perich, L.¹; Terceño Izaga, M.²; Bashir Vitorro, S.²; Xuclà Ferrarons, T.²; Vera Monge, V.²; Murillo Hernández, A.²; Álvarez-Cienfuegos Rodríguez, J.²; Serena Leal, J.²; Silva Blas, Y.²

¹Grupo de Investigación en Patología Cerebrovascular. Unidad de Ictus. Servicio de Neurología. Institut d'Investigació Biomèdica de Girona Dr. Josep Trueta; ²Grupo de Investigación en Patología Cerebrovascular. Unidad de Ictus. Servicio de Neurología. Hospital Universitari Dr. Josep Trueta de Girona.

Objetivos: El crecimiento del hematoma (CH) es la causa principal de deterioro neurológico precoz y mal pronóstico en pacientes con hemorragia intracerebral espontánea no traumática (HIC). Poder predecir si un paciente presentará o no CH sería de gran utilidad en la práctica clínica. Nuestro objetivo ha sido evaluar los microARN (miARN) circulantes como biomarcadores predictivos del CH.

Material y métodos: Se aisló el ARN circulante de muestras de plasma citrato de 20 pacientes con HIC obtenidas al ingreso (13 sin CH y 7 con CH tras la HIC). Se analizaron 754 miARN (TaqMan™-OpenArray™) y su expresión relativa se determinó mediante el método de la normalización global y mediante la normalización con los miARN endógenos más estables, seleccionados en base al Summarized Stability Score (SSS). Los miARNs con un cambio de expresión (*fold-change*) $\pm 1,5$ y un valor

de $p < 0,1$ fueron seleccionados como candidatos a biomarcadores. **Resultados:** Nuestra cohorte, pareada por edad, sexo, NIHSS basal, extensión intraventricular e hipertensión arterial, presentó volúmenes de hematoma basal más elevados en pacientes con CH ($p = 0,046$). Los miARN 425-5p y 484 fueron los más estables y se utilizaron como miARN endógenos para la normalización de los datos. Identificamos un perfil de miARN circulantes diferencialmente expresados entre los pacientes con y sin CH. Concretamente, se detectaron 12 miARN con mayor expresión y 3 miARN con menor expresión en el plasma de pacientes con CH.

Conclusión: Este estudio ha identificado 2 miARN endógenos adecuados para la normalización de resultados y 15 miARN circulantes como potenciales biomarcadores predictivos de CH en pacientes con HIC.

20322. EL PROTEOMA DE LAS VESÍCULAS EXTRACELULARES DERIVADAS DEL SISTEMA INMUNE COMO BIOMARCADOR DE EVOLUCIÓN RELACIONADA CON LA INFECCIÓN TRAS HEMORRAGIA INTRACEREBRAL

Gutiérrez Fernández, M.¹; Laso García, F.²; Alonso López, E.²; Casado Fernández, L.³; Gallego Ruiz, R.²; Pozo Novoa, J.²; Otero Ortega, L.²; Bravo, S.⁴; López Molina, M.²; Juárez Martín, B.³; Barderas, R.⁵; Díez Tejedor, E.³; Fuentes, B.³; Alonso de Leciñana, M.³

¹Laboratorio de Neurociencias. Hospital Universitario La Paz; ²Área de Neurociencias. Instituto para la Investigación Sanitaria del Hospital la Paz; ³Servicio de Neurología. Hospital Universitario La Paz; ⁴Área de Neurociencias. Instituto de Investigación Sanitaria de Santiago de Compostela; ⁵Unidad de Proteómica Funcional de Enfermedades Crónicas. Instituto de Salud Carlos III.

Objetivos: Identificar biomarcadores de mecanismos implicados en la evolución clínica relacionada con la infección en pacientes con hemorragia intracerebral (HIC), para facilitar la búsqueda de dianas terapéuticas.

Material y métodos: Estudio prospectivo observacional en pacientes con HIC. Se extraen vesículas extracelulares (VE) en sangre a los 7 días tras la HIC y se clasifican según su origen celular mediante inmunoprecipitación: anti-CD3 (células-T), anti-CD14 (monocitos) y anti-CD20 (células-B). El contenido proteico de las VE de las distintas estirpes se analiza por espectrometría de masas según el desarrollo o no de infección durante el ingreso y la buena o mala evolución a los 6 meses. Se seleccionan las proteínas con *fold change* < 2 y $p < 0,05$.

Resultados: Se incluyeron 44 pacientes: 17 infectados [14 mala evolución, 3 buena evolución]. Se identificaron 109 proteínas diferencialmente expresadas en pacientes infectados. Aquellos con mala evolución mostraron: 1) En VE derivadas de células-T: más abundancia de PSME1, MTREX y H2B1C, relacionadas con respuesta inmune y daño en DNA, y menos de FBLN1 y DYL2 relacionadas con coagulación y apoptosis; 2) En VE derivadas de monocitos: más abundancia de DPP3, relacionada con proteólisis, y menos de PCSK9, HCD2, y CMC1, relacionadas con procesos metabólicos; 3) En VE derivadas de células-B: más abundancia de SDHA, relacionada con la cadena respiratoria, y menos de COHA1, relacionada con matriz de adhesión celular.

Conclusión: El proteoma de las VE derivadas del sistema inmunitario puede ser biomarcador de procesos implicados en los mecanismos patogénicos que pueden empeorar la evolución de los pacientes con HIC e infección.

20283. CITOQUINAS INFLAMATORIAS Y FACTORES DE CRECIMIENTO CIRCULANTES EN LA HEMORRAGIA INTRACEREBRAL

Díaz Castela, M.¹; Martín Martín, C.²; Vargas Mendoza, A.¹; López Peleteiro, A.¹; Suárez Huelga, C.¹; Lanero Santos, M.¹; Benavente Fernández, L.¹; González Delgado, M.¹; Larrosa Campo, D.¹; García-Cabo Fernández, C.¹; Rico Santos, M.¹; Castañón Apilánez, M.¹; Calleja Puerta, S.¹; López-Cancio Martínez, E.¹