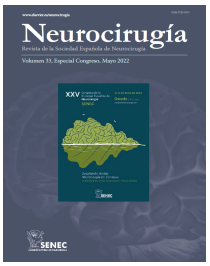
Neurocirugia. 2022;33(Espec Congr):111

Neurocirugía

https://www.revistaneurocirugia.com



O-043 - BIOMARCADORES DE METILACIÓN DEL ADN ASOCIADOS A EPILEPSIA FARMACORRESISTENTE

P. González Tarno[1], P. Sánchez Jiménez[1], M. Elizalde-Horcada[1], A. Sanz-García[1], I. Granero-Cremades[1], M. de Toledo[1], P. Pulido Rivas[1], N. Frade Porto[1], M. Navas García[1], A. Gago[1], L. Alonso-Guirado[1], C. Alonso Cerezo[1], D. Nava Cedeño[1], F. Abad-Santos[2], C.V. Torres Díaz[1] y M.C. Ovejero-Benito[1]

[1]Hospital Universitario de La Princesa, Madrid, España. [2]Hospital Carlos III, Madrid, España.

Resumen

Introducción y objetivos: La epilepsia es una enfermedad neurológica incapacitante que afecta aproximadamente al 2% de la población. Se considera que hasta el 30% de estos pacientes pueden ser farmacorresistentes (DRE). Aquí radica la importancia de comprender los mecanismos que subyacen a la DRE. Los cambios epigenéticos se han propuesto como un factor relevante en el desarrollo de la misma.

Métodos: Para analizar los principales marcadores epigenéticos de la DRE se llevó a cabo un amplio estudio que incluía diferentes regiones del cerebro implicados en la producción de epilepsia farmacorresistente así como muestras de sangre periférica. Se realizó un estudio para analizar y visualizar los arrays de metilación de Illumina, que incluía corteza, hipocampo, amígdala y sangre periférica de 20 pacientes con DRE sometidos a resección neuroquirúrgica de la zona epileptógena. Como control, se analizaron muestras de tejido cerebral *postmortem* y ultracongelado de donantes sanos.

Resultados: Se encontraron 32, 59, 3.210 y 6 (sondas metilación diferencial) DMP asociadas con la epilepsia en hipocampo, amígdala, corteza temporal y sangre periférica, respectivamente. Estos DMPs albergaban 19, 28, 1.574 y 7 genes respectivamente, que desempeñan diferentes funciones como la señalización neurotrófica o del calcio. No se encontraron biomarcadores predictores de DRE en la sangre periférica.

Conclusiones: En conclusión, el presente estudio informa de cambios en la metilación del ADN en todo el genoma en diferentes regiones del cerebro de pacientes con DRE. Estos cambios podrían allanar el camino para nuevos estudios que permitan desentrañar las bases de la DRE.

1130-1473/© 2022 Sociedad Española de Neurocirugía. Publicado por Elsevier España, S.L.U. Todos los derechos reservados.