



4003-2. MIRNAS SÉRICOS EN INFARTO AGUDO DE MIOCARDIO: UN NUEVO BIOMARCADOR APLICADO EN UNA COHORTE DE PACIENTES JÓVENES

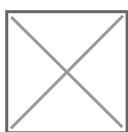
Luis Miguel Rincón Díaz¹, Alejandra Carbonell San Román¹, Macarena Rodríguez², Eduardo Casas Rojo¹, Marcelo Sanmartín Fernández¹, Manuel Jiménez Mena¹, María Laura García Bermejo² y José Luis Zamorano Gómez¹ del ¹Hospital Universitario Ramón y Cajal, Madrid, Madrid y ²Instituto Ramón y Cajal de Investigación Sanitaria, Madrid.

Resumen

Introducción y objetivos: Los factores de riesgo cardiovascular (FRCV) clásicos, a excepción de la diabetes (DM) tienen una baja capacidad para predecir riesgo individual de infarto agudo de miocardio (IAM) en población joven. Los microRNAs (miRNAs) son pequeños fragmentos no codificantes de RNA que controlan la expresión de genes, son órgano o tejido-específicos y controlan importantes procesos patológicos. El objetivo fue detectar patrones de sobre/infraexpresión de miRNAs séricos en muestras de pacientes jóvenes no DM hospitalizados por IAM en comparación con individuos no afectados con un perfil de riesgo similar, dirigido a identificar miRNAs predictivos que potencialmente puedan controlar procesos pivotaes en el establecimiento de un IAM.

Métodos: Se incluyó prospectivamente a su ingreso a 81 pacientes no DM con IAM durante un periodo de 18 meses. Se recogieron variables clínicas, angiográficas y biohumorales. Se extrajo sangre para análisis de biomarcadores, almacenándose en Biobanco. Se realizó un TC coronario antes del alta. Se obtuvieron muestras de controles sanos de la colección de donantes del Biobanco. El estudio fue aprobado por el CEIC del HRyC.

Resultados: La edad media en el grupo IAM fue $47,8 \pm 5,9$ años, 85% varones. Entre los FRCV: tabaquismo (65%), historia familiar de IAM precoz 29%, dislipemia (33%) e IAM previo (7%). El 69% presentaron SCACEST frente a 31% de SCASEST. Se realizó cateterismo en todos los casos con ICP en 85,7% y CABG en 2,4%. No fueron analizables 6 muestras por hemólisis. Se cuantificó la expresión en suero de 762 miRNAs por arrays qRT-PCR. Los controles sin IAM fueron macheados por edad, sexo y tabaquismo. Encontramos 14 miRNAs con un patrón de expresión distinto en los pacientes con IAM en comparación con los controles (fig.). El calcio Score en TC coronario fue de 262 ± 574 (excluyendo la lesión culpable y el *stent*) y el número de placas > 30% por TC fue de $5,5 \pm 4,9$. miR-215p, miR-106-5p, miR-148b y miR-30b mostraron correlación estadísticamente significativa con la extensión y gravedad de la enfermedad coronaria evaluada mediante TC.



HeatMap: predicción de funcionalidad y potencial significado biológico basado en los targets de los miRNAs seleccionados.

Conclusiones: hemos identificado varios miRNAs circulantes en suero con capacidad potencial como biomarcadores en pacientes jóvenes con IAM. El papel que puedan jugar en la regulación génica como parte de los mecanismos fisiopatológicos subyacentes al IAM pueden discriminar la presencia de una arteriopatía coronaria más extensa y agresiva.