



# Neurology perspectives



## 19327 - Estudio de ARN largo no codificante en linfoma primario del sistema nervioso central

Ibáñez Juliá, M.<sup>1</sup>; Hernández Verdín, I.<sup>2</sup>; Barillot, N.<sup>2</sup>; Mokhtari, K.<sup>3</sup>; Hoang-Xuan, K.<sup>4</sup>; Alentorn Palau, A.<sup>4</sup>

<sup>1</sup>Servicio de Neurología. Clínicas Biomédicas Ascires; <sup>2</sup>Servicio de Neurociencias. Institut du Cerveau-Paris Brain Institute-ICM, Inserm, Sorbonne Université, CNRS; <sup>3</sup>Servicio de Anatomía Patológica. Hôpital Pitié-Salpêtrière, APHP; <sup>4</sup>Servicio de Neurología. Hôpital Pitié-Salpêtrière, APHP.

### Resumen

**Objetivos:** El linfoma primario del sistema nervioso central (LPSNC) es un tumor poco frecuente y de mal pronóstico. Los ARN no codificantes largos (lncRNA) representan una secuencia de RNA de más de 200 pares de bases, que podrían actuar como reguladores epigenéticos. La función de los lncRNA en el LPSNC aún se desconoce. El objetivo de este trabajo es comparar el perfil de expresión del lncRNA en una cohorte de largos y cortos supervivientes de LPSNC para identificar potenciales perfiles relacionados con el pronóstico de la enfermedad.

**Material y métodos:** Se comparó una cohorte de 11 pacientes con LPSNC con una supervivencia larga (> 3 años) con otra cohorte de 9 pacientes con una supervivencia corta (< 9 meses). Se secuenciaron los lncRNA mediante técnicas de secuenciación masiva. Se realizó un pseudoalineamiento utilizando Kallisto y, posteriormente, se utilizó Bioconductor para hacer los análisis de expresión diferencial (DESEQ2) y de enriquecimiento diferencial (GSEA, rGREAT). Los resultados fueron validados mediante PCR.

**Resultados:** De un total de 27.692 lncRNA, 14.820 estaban diferencialmente expresados entre las 2 cohortes. De estos, en 17 la expresión diferencial fue estadísticamente significativa ( $p < 2$ ). El análisis funcional reveló diferencias en las vías de la síntesis de folatos, de degradación del ARN, de la glicólisis, de señalización de linfocitos T CD4, así como de la vía PI3K.

**Conclusión:** Existen diferencias en la expresión de los lncRNA entre los largos y cortos supervivientes de LPSNC. Estos lncRNA diferencialmente expresados podrían tener un papel importante en la patogenia y pronóstico del LPSNC.