

13:30h. - How does deep brain stimulation IMPROVE & IMPAIR cognitive symptoms in Parkinson's disease?

Dra. Cristina Nombela Otero. Investigadora postdoctoral del Servicio de Neurocirugía. Instituto de Investigación Sanitaria del Hospital Clínico San Carlos (IdISSC).

Background: Pharmacoresistant Parkinson's disease (PD) patients may opt for deep brain stimulation (DBS) of the motor segment of the subthalamic nucleus (motor-STN). However, 50% of patients present high incidence of side effects (motor and cognitive) due to stimulation of adjacent structures (non-motor-STN subsegment and adjacent ones). Our hypothesis was that the stimulation of non-motor-STN during DBS may contribute to increase cognitive impairments in PD patients under DBS.

Material and methods: 10 PD patients, underwent DBS surgery. Full neuropsychological evaluation was run before the surgery and 2 years after the surgery. Based on structural magnetic resonance imaging we segmented the motor-STN and non-motor-STN. Then, we drew the volume of activated tissue (VTA) generated through the DBS electrodes for each patient. Finally, we calculated the co-localization between the VTA with motor-STN and non-motor-STN and the extra-target stimulation.

Results: The analysis indicated that the higher the overlap between the right non-motor-STN, the largest the impairment in abstract reasoning (WAIS-Similarities, $p < .005$ and $p < .05$) and inhibition capacity (Stroop test, $p < .05$ and $p < .004$).

Conclusions: Our results confirm that the stimulation of non-motor-STN contributes to cognitive impairments related to abstraction and attentional inhibition. However, the stimulation of adjacent right_motor-STN areas improved linguistic and perceptual tasks.

Bibliografía:

- Gruszka A, Hampshire A, Barker RA, Owen AM (2017) Normal aging and Parkinson's disease are associated with the functional decline of distinct frontal-striatal circuits. *Cortex*. 93:178-192. doi: 10.1016/j.cortex.2017.05.020.
- Avencillas-Chasin JM, Rascón-Ramírez F, Barcia JA (2016) Tractographical model of the cortico-basal ganglia and corticothalamic connections: Improving Our Understanding of Deep Brain Stimulation. *Clin Anat* 29:481-92. doi: 10.1002/ca.22689
- Breen DP, Nombela C, Vuono R, Jones PS, Fisher K, Burn DJ, Brooks DJ, Reddy AB, Rowe JB, Barker RA (2016) Hypothalamic volume loss is associated with reduced melatonin output in Parkinson's disease. *Mov Disord*. 31(7):1062-6. doi: 10.1002/mds.26592.

14:00h.- Presentación del laboratorio de Microbiota

Dra. María Dulcenombre Gómez Garre. Investigadora FIBHCSC del Laboratorio de Biología Vascul. Instituto de Investigación Sanitaria del Hospital Clínico San Carlos (IdISSC).

En los últimos años ha habido un tremendo cambio en el conocimiento de los procesos fisiopatológicos con el descubrimiento de la implicación de la microbiota en enfermedades como la obesidad, el cáncer o las enfermedades cardiovasculares. Pero aún queda mucho camino por recorrer. Frente a los 25.000-30.000 genes humanos, se ha estimado que los microorganismos que forman nuestra microbiota intestinal poseen en conjunto más de 3 millones de genes, de los cuales apenas tenemos información.

Actualmente nuestro conocimiento acerca de la composición y funciones de la microbiota está creciendo de manera exponencial y esto se ha debido en gran parte al desarrollo de las denominadas tecnologías de secuenciación masiva, que han facilitado el análisis de los perfiles genéticos y metabólicos de la comunidad microbiana sin necesidad de cultivar los microorganismos. Sin embargo, la aplicación de esta técnica en la práctica clínica, todavía se enfrenta a algunos obstáculos. Por un lado, la rápida generación de enormes cantidades de datos de secuencias representa un enorme desafío para la integración de todos ellos y por otra, actualmente, carecemos de estándares para el control de calidad de los datos de las secuencias. Por ello, recientemente en nuestra institución se ha creado el Laboratorio de Microbiota con el fin de investigar la biodiversidad y la abundancia de las especies de microorganismos de nuestro organismo para identificar rutas metabólicas y proteínas bacterianas con funcionalidades o actividades enzimáticas específicas, con el convencimiento de que, en un futuro no muy lejano, el conocimiento de nuestra microbiota nos ayudará a crear otra dimensión de la medicina personalizada, llevando a mejores diagnósticos, pronósticos y terapéutica de los pacientes.

Bibliografía:

- Sender R, Fuchs S, Milo R. Revised estimates for the number of human and bacteria cells in the body. *PLoS Biol*. 2016 Aug 19;14(8):e1002533
- Jandhyala SM, Talukdar R, Subramanyam C, Vuyyuru H, Sasikala M, Nageshwar Reddy D. Role of the normal gut microbiota. *World J Gastroenterol*. 2015;21(29):8787-803
- Calder PC, Bosco N, Bourdet-Sicard R, Capuron L, Delzenne N, Doré J, Franceschi C, Lehtinen MJ, Recker T, Salvioli S, Visioli F. Health relevance of the modification of low grade inflammation in ageing (inflammageing) and the role of nutrition. *Ageing Res Rev*. 2017 Sep 9. pii: S1568-1637(17)30003-X [Epub ahead of print]
- Cenit MC, Sanz Y, Codoñer-Franch P. Influence of gut microbiota on neuropsychiatric disorders. *World J Gastroenterol*. 2017;23(30):5486-5498