

Nuevas pruebas vinculan la flora intestinal con la esclerosis múltiple

Una investigación, en la que ha participado la Universidad de Córdoba, ha descrito cómo la posible alteración en la flora intestinal se relaciona directamente con el desarrollo de la esclerosis múltiple recurrente-remite. Para ello, han utilizado dos biomarcadores indicadores de cambios en la microbiota, que han servido para trazar el proceso en el que la alteración en la barrera intestinal desencadena el proceso inflamatorio que afectará al sistema nervioso y provocará el daño neurológico.

SINC

25/4/2017 11:20 CEST



La esclerosis múltiple afecta a millones de personas en el mundo: / Compfight cc

Hasta que la ciencia encuentre una respuesta definitiva al porqué del desarrollo de la esclerosis múltiple, cualquier pista que ayude a entender este trastorno del sistema nervioso central seguirá impactando positivamente en la comunidad científica. Ese ha sido el caso del último trabajo publicado en la revista *Neurotherapeutics* por investigadores de la

Universidad de Córdoba, dirigido por el profesor Isaac Túnez

El estudio ha logrado describir cómo la posible alteración en la flora intestinal se relaciona directamente con el desarrollo de la esclerosis múltiple recurrente-remitente. El equipo ha utilizado dos biomarcadores indicadores de cambios en la microbiota.

"Estos biomarcadores han servido para trazar el proceso en el que la alteración en la barrera intestinal desencadena el proceso inflamatorio que alterará la barrera hematoencefálica y terminará afectando al sistema nervioso y provocando el daño neurológico", señalan los autores.

Es la primera que se describe con gran detalle los biomarcadores elegidos, tanto en un modelo animal como en pacientes

No hay diferencias de sexo a la hora de desarrollar la patología

Estudios previos ya habían vindulado la flora intestinal con la patología nerviosa, pero es la primera que se describe con ese nivel de detalle el comportamiento de los biomarcadores elegidos: los lipopolisacáridos de membrana bacteriana (LPS), asociado a alteraciones de la flora intestinal, y las proteínas LBP, tanto en modelo animal como en pacientes.

De hecho, una de las innovaciones del trabajo realizado por el equipo de la UCO –en el que también ha intervenido personal del Hospital Universitario Reina Sofía de Córdoba y del Instituto Maimónides de Investigación Biomédica–, es haber logrado validar el modelo experimental habitual para el estudio de los procesos moleculares relacionados con la esclerosis múltiple, en el que se utiliza como organismo de ensayo la rata Dark Agouti, y confirmar que en él no se producen diferencias de sexo a la hora de desarrollar la patología., comenta Túnez.

Para el investigador, "este trabajo no ha hecho más que abrir una nueva puerta por la que seguir profundizando en el conocimiento de la patología y, sobre todo, en los modelos experimentales que permiten ensayar posibles

tratamientos que mejoren la vida de los millones de personas que padecen la enfermedad en el mundo".

Referencia bibliográfica:

Escribano, BM; Medina-Fernandez, FJ; Aguilar-Luque, M; Aguera, E; Feijoo, M; Garcia-Maceira, FI; Lillo, R; Vieyra-Reyes, P; Giraldo, AI; Luque, E; Drucker-Colin, R; Tunez, I. "Lipopolysaccharide Binding Protein and Oxidative Stress in a Multiple Sclerosis Model". *Neurotherapeutics*. Volumen 14, febrero 2017, pages 199 – 211.

Copyright: **Creative Commons**

TAGS

DAÑO NEUROLÓGICO | ESCLEROSIS MÚLTIPLE | FLORA INTESTINAL |
SISTEMA NERVIOSO | MICROBIOTA |

Creative Commons 4.0

You can copy, distribute and transform the contents of SINC. [Read the conditions of our license](#)