

Nuevas herramientas moleculares para diagnosticar esclerosis múltiple en sus fases iniciales

- Científicos del Centro de Regulación Genómica (CRG) y del Vall d'Hebron Institut de Recerca (VHIR) descubren un nuevo método para el diagnóstico precoz de la enfermedad.
- El hallazgo, que se basa en la medición de una combinación de proteínas, permite predecir de forma precisa si el paciente desarrollará la enfermedad o no.

La esclerosis múltiple es una enfermedad neurodegenerativa y crónica en la que el propio sistema inmunitario actúa contra la mielina, una sustancia que recubre las neuronas y facilita la transmisión de los impulsos nerviosos. Esta enfermedad es la segunda causa de discapacidad neurológica en personas de entre 20 y 40 años después de los accidentes de tráfico y se calcula que afecta a unos 2 millones de personas en el mundo, de las cuales 47.000 en España.

Aunque todavía no existe un tratamiento que permita curar la esclerosis múltiple, diagnosticarla de forma precoz puede ser clave para tratarla y modificar la evolución retrasando su progresión. Científicos de la Unidad de Proteómica del Centro de Regulación Genómica (CRG) y la Universidad Pompeu Fabra liderados por el Dr. Eduard Sabidó, junto con el investigador Manuel Comabella del Centro de Esclerosis Múltiple de Cataluña (Cemcat), Unidad de Neuroinmunología Clínica del Vall d'Hebron Institut de Recerca (VHIR) acaban de publicar un estudio en la revista *Molecular and Cellular Proteomics* en el que proponen un nuevo método para el diagnóstico en las fases iniciales de la esclerosis múltiple basado en la detección y medición de la abundancia de un conjunto de proteínas en el líquido cerebroespinal.

En la mayoría de pacientes, el primer signo de la enfermedad es un episodio de desórdenes neurológicos llamado síndrome clínicamente aislado. De todos modos, no todos los pacientes con este síndrome acaban desarrollando la enfermedad. El trabajo de los investigadores del CRG y el VHIR se centra en estos casos y permite discriminar y predecir cuáles de estos pacientes desarrollarán esclerosis múltiple y cuáles no. "*Ser capaces de conocer si existe un riesgo elevado de desarrollar la enfermedad permitirá tratar a estos pacientes de forma precoz y, por tanto, retrasar la progresión de la enfermedad y la incapacidad de los pacientes,*" explica el Dr. Comabella, investigador en el Cemcat, Unidad de Neuroinmunología Clínica del VHIR.

El papel de la espectrometría de masas

La esclerosis múltiple es una enfermedad de difícil diagnóstico. Actualmente, después de la exploración neurológica de un especialista, se puede recurrir a varias pruebas como un análisis de líquido cefalorraquídeo o una resonancia magnética cerebral. Sin embargo, estas pruebas no siempre son concluyentes.

En este trabajo los científicos han utilizado la espectrometría de masas para detectar un conjunto de proteínas de interés en el líquido cefalorraquídeo de un número elevado de pacientes. Después de analizar cada una de las muestras de este estudio, los investigadores han identificado cuáles son las proteínas que pueden predecir el riesgo de desarrollar esclerosis múltiple. Con estos datos también han desarrollado un modelo estadístico que, según la abundancia de estas proteínas en el líquido cefalorraquídeo, permite asignar a cada paciente la probabilidad de padecer la enfermedad.

"El uso de tecnología avanzada en proteómica es cada vez más relevante en la investigación clínica y, concretamente, en diagnóstico. Éste es un claro ejemplo de la importancia de la colaboración entre investigadores clínicos y básicos para avanzar en el conocimiento y también en la mejora de la vida de las personas", concluye la Dra. Eva Borràs de la Unidad de Proteómica del CRG y la UPF, y una de las autoras principales del estudio.

Trabajo de referencia:

Eva Borràs, Ester Cantó, Meena Choi, Luisa Maria Villar, José Carlos Álvarez-Cermeño, Cristina Chiva, Xavier Montalban, Olga Vitek, Manuel Comabella, and Eduard Sabidó. "Protein-based classifier to predict conversion from Clinically Isolated Syndrome to Multiple Sclerosis" *Molecular & Cellular Proteomics*. 2016 <http://dx.doi.org/10.1074/mcp.M115.053256>

Financiación: Este trabajo ha contado con el apoyo del Ministerio de Economía y Competitividad, la Red Española de Esclerosis Múltiple, la Generalidad de Cataluña y la Unión Europea a través del Fondo Europeo de Desarrollo Regional (FEDER).

Imágenes disponibles:

<https://www.dropbox.com/sh/2idxvnfv0i5m0hk/AACI2tJR-6dFw2F6rPytsMcUa?dl=0>

Pie de página: La Dra. Eva Borràs de la Unidad de Proteómica del CRG y la UPF introduciendo unas muestras de líquido cefalorraquídeo en el espectrómetro de masas.

Para más información y entrevistas:

- **Centro de Regulación Genómica (CRG)** - Oficina de Prensa - Laia Cendrós
eCorreo: laia.cendros@crg.eu - Tel. +34 93 316 0237 - Móvil +34 607611798
- **Vall Hebron Institut de Recerca (VHIR)** – Dept. Comunicació - Ana Belén Callado
eCorreo: anabelen.callado@vhir.org - Tel. +34 93 489 3000 - Móvil +34 636 235 332