

PROYECTO MICROBIOMA HUMANO

## Desvelan cómo afectan las bacterias vaginales al riesgo de parto prematuro

Tres nuevas investigaciones revelan cómo influyen los microorganismos de nuestro cuerpo en el embarazo, la enfermedad inflamatoria intestinal y la prediabetes. Se ha comprobado cómo una docena de grupos bacterianos están sobrerrepresentados en las mujeres que dan a luz prematuramente.

Verónica Fuentes

29/5/2019 19:00 CEST



El parto prematuro es la principal causa de muerte en niños menores de 5 años en el mundo. /

[Pixabay](#)

El **Proyecto Microbioma Humano** (HMP, por sus siglas en inglés) comenzó en 2008 con el objetivo de identificar el genoma de todos los microorganismos que residen en el cuerpo humano, es decir, su microbioma. La segunda fase, conocida como Proyecto Microbioma Humano Integrador (iHMP), se lanzó en 2014 para aclarar su papel en la salud de las personas.

Esta semana, las revistas *Nature* y *Nature Medicine* han hecho públicos tres estudios que analizan cómo afecta el mibrobioma al parto prematuro, la

enfermedad inflamatoria intestinal y la prediabetes. Los autores pretenden caracterizar estas afecciones, prever el pronóstico de los pacientes y optimizar el tratamiento.

La primera de las investigaciones, liderada desde la Universidad Virginia Commonwealth (EE UU), revela cómo afecta el microbioma vaginal al embarazo. En concreto, al riesgo de parto prematuro, cuya incidencia supera el 10 % en todo el mundo.

---

Las mujeres que dieron a luz prematuramente tenían niveles más bajos de *Lactobacillus crispatus* que las que tuvieron embarazos a término

Según la Organización Mundial de la Salud ([OMS](#)), 15 millones de bebés nacen demasiado pronto cada año, es decir, antes de las 37 semanas de gestación. Además, el parto prematuro es la [principal causa de muerte](#) en niños menores de cinco años en el mundo.

El nuevo artículo publicado en *Nature Medicine* subraya la influencia en 1.527 mujeres embarazadas de las alteraciones del microbioma vaginal en el riesgo de prematuridad, particularmente en mujeres de ascendencia africana.

El trabajo identifica una docena de taxones o grupos bacterianos que estaban sobrerrepresentados en las mujeres que dieron a luz prematuramente. “Varios ya han sido relacionados en otros estudios, mientras que la mayoría son pioneros”, indica a Sinc Gregory Buck, investigador principal.

Por ejemplo, los resultados mostraron que las mujeres que dieron a luz prematuramente tenían niveles más bajos de *Lactobacillus crispatus* que las que tuvieron embarazos a término.

“Aunque nuestros resultados deben ser replicados, este hallazgo puede conducir a una prueba de detección que evalúe el riesgo de parto prematuro en las primeras etapas del embarazo, cuando es posible la intervención

clínica”, explica a Sinc Jennifer M. Fettweis, también autora principal del trabajo.

“En el futuro, es posible que tengamos en cuenta el microbioma vaginal para identificar a las mujeres embarazadas que puedan responder bien a una intervención o suplemento en particular”, añade Fettweis.



Lactobacillus crispatus se encuentra en la vagina de las mujeres sanas. / Microbewiki

Hasta ahora, la literatura científica no ha sido concluyente, por lo que los autores reclaman más investigación. “Todavía hay mucho que aprender sobre estas complicaciones y sobre cómo se podrían desarrollar tratamientos que eviten el nacimiento prematuro”, afirma Jerry Strauss, otro de los autores.

## Microbioma y tratamientos

El segundo de los artículos, publicado en *Nature*, ha estudiado la interacción entre la actividad del huésped y la microbiana en la **prediabetes**, una afección que puede conducir a la diabetes tipo 2, pero que a menudo no se diagnostica.

Los investigadores de la Escuela de Medicina de la Universidad de Stanford (EE UU), analizaron 106 individuos sanos y prediabéticos durante cuatro años, examinando los cambios moleculares, genéticos y microbianos.

---

Con el estudio del microbioma los autores quieren caracterizar las diferentes afecciones, prever el pronóstico de los pacientes y optimizar su tratamiento

Con ello, los expertos descubrieron patrones que definen el desarrollo temprano de la enfermedad, lo que en algunos casos facilitaría la detección temprana de la diabetes tipo 2, que en 2030 podría afectar a 522 millones de personas en el mundo.

En el último de los trabajos –publicado también en *Nature*– el equipo liderado por Curtis Huttenhower, del Instituto Broad del MIT y Harvard (EE UU), estudió 132 individuos sanos y con **patología inflamatoria intestinal** en la descripción más completa hasta la fecha de la actividad microbiana y del huésped en este trastorno.

Los resultados muestran alteraciones en la composición del microbioma y variaciones en la expresión génica en las personas afectadas y podrían proporcionar información sobre la aparición y progresión de la patología.

“El hallazgo muestra nuevas interacciones huésped-microbioma durante la enfermedad”, declara a Sinc Huttenhower. “A corto plazo, estos datos pueden ser valiosos para predecir los brotes, permitiendo un tratamiento más proactivo. Y, a largo plazo, esta comprensión puede conducir a mejores tratamientos y, por lo tanto, a un mejor control de la patología”, concluye.

#### Referencias bibliográficas:

Curtis Huttenhower et al.: Multi-omics of the gut microbial ecosystem in inflammatory bowel diseases. DOI 10.1038/s41586-019-1237-9  
<https://www.nature.com/articles/s41586-019-1237-9>

Michael Snyder et al.: Longitudinal multi-omics of host–microbe dynamics in prediabetes. DOI 10.1038/s41586-019-1236-x  
<https://www.nature.com/articles/s41586-019-1236-x>

Gregory Buck et al.: The vaginal microbiome and preterm birth. DOI 10.1038/s41591-019-0450-2  
<https://www.nature.com/articles/s41591-019-0450-2>

Derechos: **Creative Commons**

TAGS

MICROBIOMA |

Creative Commons 4.0

Puedes copiar, difundir y transformar los contenidos de SINC. [Lee las condiciones de nuestra licencia](#)