

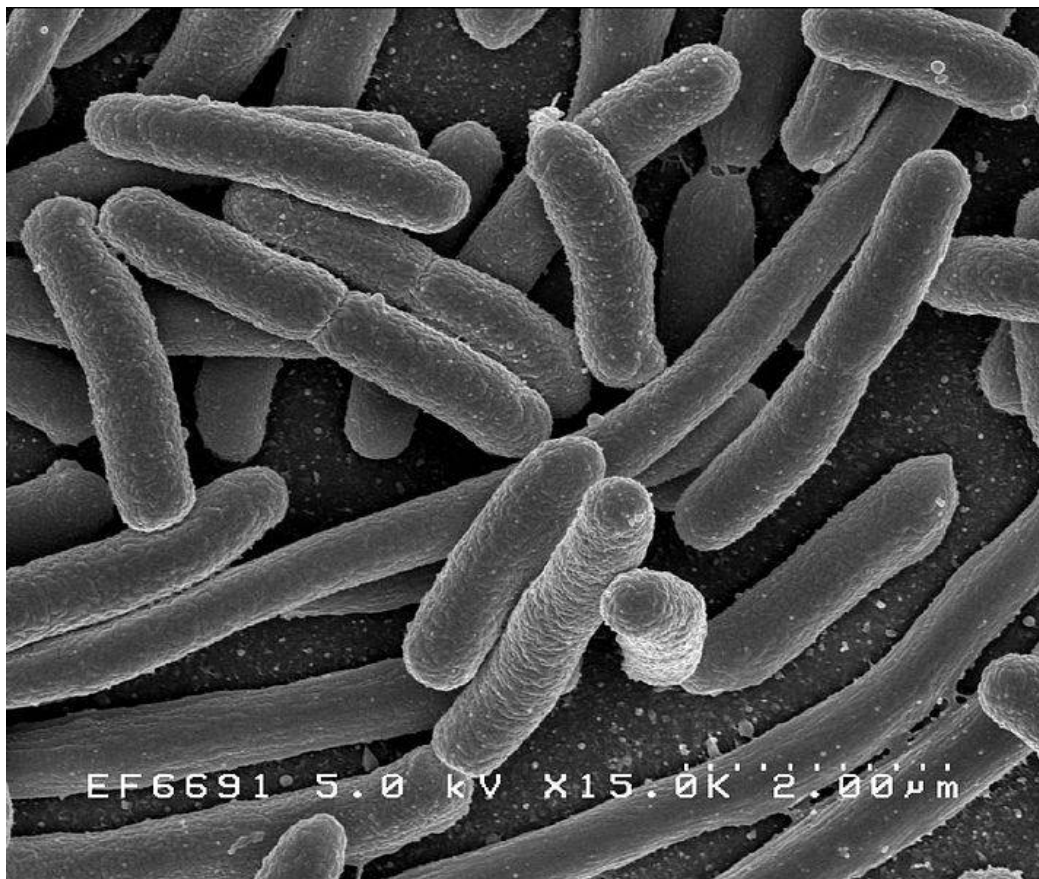
EL VALOR DE LA MICROBIOTA

Las bacterias intestinales sirven para clasificar el efecto de diferentes enfermedades

Un grupo de científicos españoles pertenecientes a diversas universidades y centros de investigación han demostrado que es posible cuantificar y clasificar el efecto que diferentes enfermedades tienen en la actividad de las bacterias intestinales. Los resultados se publican en las revistas *Scientific Reports* e *ISME Journal*, del grupo *Nature*.

UV

30/3/2015 15:15 CEST



Escherichia Coli, una de las muchas bacterias presentes en el intestino. / NIAID / [Wikipedia](#)

Dos estudios coliderados por investigadores de la Universidad de Valencia y la Fundación para el Fomento de la Investigación Sanitaria y Biomédica de la Comunidad Valenciana (Fisabio) demuestran, por primera vez, que

diferentes fisiopatologías –lupus, diarrea infecciosa y obesidad– pueden segregarse en función de la composición de las especies químicas que componen el tracto gastrointestinal.

Esta diferenciación no se aprecia cuando se analizan las poblaciones microbianas, tal y como se venía haciendo hasta la fecha. Los trabajos, publicados en las revistas *Scientific Reports* e *ISME Journal*, del grupo *Nature*, sostienen que es posible cuantificar y clasificar el efecto que diferentes enfermedades tienen en la actividad de las bacterias intestinales.

La flora intestinal humana, conocida como microbiota, puede considerarse como un órgano adicional del cuerpo. Está formada por millones de bacterias que interactúan entre sí y con el organismo y que, en consecuencia, afectan a su funcionamiento y salud. Se sabe que múltiples trastornos intestinales como la enfermedad de Crohn y colitis ulcerosa, y patologías como obesidad, cáncer y enfermedades autoinmunes, pueden causar cambios en la composición de las bacterias intestinales.

La flora intestinal humana, conocida como microbiota, puede considerarse como un órgano adicional del cuerpo

Sin embargo, tales cambios se han encontrado también al examinar individuos sanos con diferente edad, localización geográfica, dietas o tratamientos con antibióticos. Por lo tanto, hasta hoy no se había esclarecido claramente qué enfermedades producen o no las mismas o diferentes alteraciones en la microbiota alterada y si en función de esto es posible clasificar diferentes enfermedades.

Además, tampoco se sabía si en presencia de múltiples enfermedades o fisiopatologías, alguna de ellas domina a la hora de inducir cambios gastrointestinales. “Definir tales cambios es importante ya que de estos puede depender no solo la progresión de la enfermedad, sino también de nuestra salud”, explica el catedrático de Genética de la Universitat de València, Andrés Moya.

El lupus, un factor dominante frente a la obesidad

Los investigadores analizaron por primera vez la composición y diversidad de especies químicas producidas por las bacterias intestinales, lo que se conoce como metaboloma, en varios grupos de pacientes. Un primer grupo lo formaban pacientes con lupus, una enfermedad reumática sistémica y crónica. Un segundo grupo lo formaban pacientes con diarrea infecciosa causada por la bacteria patógena *Clostridium difficile*. Finalmente, un tercer grupo lo formaban individuos sanos. Para ello, los investigadores procedieron a la separación de las bacterias del material fecal y la extracción y análisis por espectrometría de masas de última generación de los metabolitos bacterianos.

El estudio sugiere que en personas sanas que no sufren ninguna enfermedad, el índice de masa corporal y, por tanto, de obesidad, es el factor diferenciador "independientemente de la edad o de cualquier otro parámetro. Es decir, una persona sana delgada tiene una composición y diversidad de especies químicas bacterianas muy diferente a la de una obesa", apuntan los investigadores. El cambio en el metabolismo intestinal se produce a un valor de índice de masa corporal de aproximadamente 25 kg/m². Esto no ocurre con los pacientes que tienen lupus. Así, todos ellos tienen un perfil metabólico gastrointestinal diferenciado al de los individuos sanos, independientemente de su índice de masa corporal e historial clínico.

En personas sanas que no sufren ninguna enfermedad, el índice de masa corporal y, por tanto, de obesidad, es el factor diferenciador

Claramente, el lupus eritematoso es un factor dominante frente a la obesidad a la hora de su influencia en la actividad de las bacterias intestinales, detalla el investigador Moya, también miembro de la Unidad de Investigación mixta de la Universidad de Valencia y Fisabio. En consecuencia, una persona con lupus delgada y otra obesa tienen similar composición y diversidad de especies químicas bacterianas, hecho que contrasta con lo que ocurre en personas sanas. Esto podría ser la razón de que las personas con lupus tengan mayor predisposición al llamado

síndrome metabólico.

Distintos patógenos intestinales; diversas alteraciones

Por otra parte, un análisis de pacientes con diarrea infecciosa reveló posteriormente que esta también se asocia con un perfil metabólico gastrointestinal definido. Por ejemplo, las personas analizadas con diarrea infecciosa causada por *C. difficile* tienen un perfil similar independientemente de su índice de masa corporal e historial clínico. “Podimos demostrar que los cambios inducidos por este patógeno son diferentes a los causados por otros patógenos, por ejemplo, *Escherichia coli*”, comenta la investigadora María José Gosalbes. Además, los cambios cuando *C. difficile* produce o no toxinas, causantes de daños graves en la salud, también son visibles y marcadamente diferentes.

Los investigadores demostraron que los cambios que imponen diferentes fisiopatologías se exaltan específicamente al nivel más alto de la jerarquía funcional, a nivel de especies químicas. Es ahí donde se hacen efectivos. Así, estos estudios han encontrado que diferentes fisiopatologías -como infecciones por bacterias patógenas, respuesta inmune, u obesidad, entre otros- pueden segregarse en patrones metabólicos, es decir, según la composición de las especies químicas que componen el tracto gastrointestinal, mientras que no lo hacen cuando se analizan las poblaciones microbianas intestinales.

Esto abre nuevas oportunidades relacionadas con el estudio de cómo las heterogeneidades que aparecen más abajo de la jerarquía funcional, por ejemplo en poblaciones bacterianas, acaban finalmente en el mismo patrón químico específico para diferentes enfermedades.

Referencias bibliográficas:

David Rojo, Arancha Hevia, Rafael Bargiela, Patricia Lopez, Adriana Cuervo, Sonia Gonzalez, Ana Suarez, Borja Sánchez, Monica Martinez-Martinez, Christian Milani, Marco Ventura, Coral Barbas, Andres Moya, Antonio Suarez, Abelardo Margolles, Manuel Ferrer. Ranking the impact of human health disorders on our gut metabolism: Systemic

lupus erythematosus and obesity as study cases. *Scientific Report* (2015) 5:8310

David Rojo, María J. Gosalbes, Rafaela Ferrari, Ana E. Pérez-Cobas, Ester Hernández, Rosa Oltra, Javier Buesa, Amparo Latorre, Coral Barbas, Manuel Ferrer, Andrés Moya. *Clostridium difficile* heterogeneously impacts intestinal community architecture but drives stable metabolome responses. *ISME J* (2015) Mar 10. doi: 10.1038/ismej.2015.32.

La investigación ha contado con la colaboración de grupos españoles de la Universidad de Granada, del Instituto Cavanilles de Biodiversidad y Biología Evolutiva de la Universitat de València (ICBIBE), de la Fundación para el Fomento de la Investigación Sanitaria y Biomédica de la Comunidad Valenciana (Fisabio), la Universidad CEU San Pablo, el Hospital Clínico de Valencia, y la Universidad de Oviedo.

Trabajo realizado en el marco de una serie de proyectos financiados por el Ministerio de Economía y Competitividad, el Ministerio de Sanidad, Servicios Sociales e Igualdad, el Instituto Carlos III y la Generalitat Valenciana. Los investigadores también han tenido el apoyo del programa EraNET PathoGenoMics2 promovido por la Unión Europea. Además, parte de los investigadores forman parte del Centro de Investigación Biomédica en Red de Epidemiología y Salud Pública (CIBEResp).

Copyright: **Creative Commons**

TAGS

BACTERIAS INTESTINALES | MICROBIOTA |

Creative Commons 4.0

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

