

## Microorganismos gastrointestinales en salud y enfermedad

Jose F. Garcia Mazcorro

Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Francisco Villa SN Col. Ex-Hacienda el Canadá, General Escobedo, México.  
josegarcia\_mex@hotmail.com.

**Palabras clave:** Microbiota; Enfermedad; Salud; Terapéutica; Bioinformática.

### Introducción

Muchos tejidos internos y externos de humanos y otros mamíferos se encuentran permanentemente colonizados por trillones de diferentes microorganismos<sup>1-3</sup>. De todos los tejidos y sistemas en el cuerpo humano que soportan comunidades microbianas complejas, el aparato gastrointestinal (GI) ha recibido más interés por parte de la comunidad científica y médica. Los microorganismos gastrointestinales (microbiota o microbioma GI) tienen muchas funciones importantes dentro del cuerpo, incluyendo ayudar en la digestión y obtención de energía de los alimentos, proporcionar nutrientes para los enterocitos, ayudar a desarrollar así como estimular el sistema inmune, y servir como defensa en contra de organismos patógenos<sup>1</sup>. Cientos de artículos científicos han logrado esclarecer algunas de las características y funcionamiento del microbioma gastrointestinal en humanos y otros mamíferos<sup>4</sup>. La microbiota gastrointestinal se constituye por células microbianas independientes que sin embargo actúan de manera en conjunta en diversos procesos metabólicos. La composición y/o actividad metabólica de la microbiota GI ejerce un fuerte efecto en procesos de salud y enfermedad, incluyendo enfermedades relevantes a nivel Nacional e Internacional como síndrome metabólico<sup>5</sup> y enfermedad inflamatoria intestinal. Recientes avances en el estudio de la microbiota GI han tenido también un impacto en el tratamiento de estas y otras enfermedades<sup>6,7</sup>. La presente ponencia aspira servir de plataforma para proporcionar información útil acerca de las características y posible manipulación de la microbiota gastrointestinal para mejorar la salud en los seres humanos y otros mamíferos.

### Parte experimental

Comunidades complejas de microorganismos pueden ser estudiadas utilizando diferentes metodologías moleculares. La microbiología tradicional intenta recrear las condiciones específicas en las cuales un tipo de microorganismo sea capaz de sobrevivir y reproducirse. El uso de microbiología tradicional tiene poco valor en ecología microbiana contemporánea.

Hoy en día existen una gran variedad de métodos moleculares capaces de ofrecer una visión diferente de la nomenclatura, distribución y asociaciones entre comunidades microbianas. La secuenciación de fragmentos genéticos, en particular las nuevas tecnologías de secuenciación masiva de alto rendimiento, han revolucionado el estudio de comunidades complejas de microorganismos. Los datos obtenidos de secuenciación masiva varían de varios miles hasta millones o más secuencias genéticas de aproximadamente 300 nucleótidos. Estos datos son analizados utilizando diferentes herramientas computacionales, la gran mayoría de las cuales son gratuitas y de código abierto.

Diferentes laboratorios ofrecen servicios de secuenciación masiva pero todos trabajan de manera diferente en cuestión de costos, tiempos de entrega, formatos de archivos, atención a clientes, así como experiencia en el área.

### Resultados y discusión

Los resultados obtenidos por la comunidad científica acerca de los trillones de microorganismos son fascinantes. Por ejemplo, nuestro trabajo en colaboración con la Dra. Giuliana Noratto de la Universidad del Estado de Washington, ha permitido esclarecer las diferencias y similitudes entre microbiomas en animales de laboratorio con obesidad expuestos a diferentes nutrientes. Estos y otros estudios son fundamentales para mejorar la intervención nutricional en pacientes con obesidad.

Otra área de mucho interés para nosotros consiste en la utilización de Trasplantes de Microbiota Fecal (TMF), el cual es un procedimiento que consiste en la infusión de material fecal de un paciente sano (donador) a un paciente con algún tipo específico de enfermedad. Sin duda, el uso y correcta aplicación de metodologías moleculares y computacionales servirán para esclarecer los mecanismos por los cuales se beneficia la salud de los pacientes después de recibir TMF.

### Conclusiones

La microbiota gastrointestinal juega un papel fundamental en la salud del ser humano y otros mamíferos. Hoy en día nuestros cuerpos son considerados como super-organismos debido a nuestra naturaleza mayoritariamente microbiana y su simbiosis con nuestros tejidos<sup>4</sup>. Existen múltiples áreas de interés y posible colaboración multidisciplinaria, así como múltiples desafíos que nos aquejan en relación con nuestro entendimiento de las implicaciones de los microorganismos en salud y enfermedad.

### Referencias

1. Clemente, J. C.; Ursell, L. K.; Wegener Parfrey, L.; Knight, R. *Cell*. **2012**, *148*, 1258-1270.
2. Naik, S.; Bouladoux, N.; Wilhelm, C.; *et al.* *Science*. **2012**, *337*, 1115-1119.
3. Ursell, L. K.; Clemente, J. C.; Rideout, J. R.; Gevers, D.; Caporaso, J. G.; Knight, R. *J. Allergy Clin. Immunol.* **2012**, *129*, 1204-1208.
4. Garcia-Mazcorro, J. F.; Garza-Gonzalez, E.; Marroquin-Cardona, A. G.; Tamayo, J. L. *Gastroenterol. Hepatol.* **2015**, *38*, 445-466.
5. Ridaura, V. K.; Faith, J. J.; Rey, F. E.; *et al.* *Science*. **2013**, *341*, 1241214.
6. Roeselers, G.; Bouwman, J.; Venema, K.; Montijn, R. *Pharmacol. Res.* **2012**, *66*, 443-447.
- Wallace, B. D.; Redinbo, M. R. *Curr. Opin. Chem. Biol.* **2013**, *17*, 379-384