

'NATURE' PUBLICA UNA DESTACADA INVESTIGACIÓN EN LA QUE HAN PARTICIPADO DOS INSTITUCIONES ESPAÑOLAS

Los seres humanos se clasifican en tres grandes grupos según su tipo de flora intestinal

Este estudio forma parte del proyecto europeo MetaHIT, en el que participan 13 entidades europeas, entre ellas el Vall d'Hebron Institut de Recerca (VHIR,) y en el cual ha colaborado el Barcelona Supercomputing Center (BSC-CNS).

BSC/VHIR

21/4/2011 09:22 CEST

El estudio prueba la existencia de tres grupos de poblaciones bacterianas que clasifican a la población mundial según tres tipos de flora intestinal (microbioma humano), algo parecido a lo que sucede con los grupos sanguíneos. Esta clasificación a nivel mundial permite a los investigadores acotar el número de variables que pueden estar implicadas en enfermedades, acercando más la correlación entre el estado de la flora intestinal y el estado de salud de la persona.

Gracias al uso de técnicas de última generación se han secuenciado los genomas de la flora intestinal de individuos de España, Dinamarca, Francia, Italia, Japón y Estados Unidos. El grupo de Genómica Computacional del BSC-CNS, liderado por el investigador ICREA David Torrents, ha llevado a cabo la comparación de millones de secuencias de ADN provenientes de estas muestras con bases de datos de proteínas conocidas. El objetivo era extraer información del tipo de genes que dan función al microbioma humano y así permitir su clasificación. Según David Torrents "el análisis de

los datos generados (más de un Terabyte de información) requiere de un tratamiento computacional exhaustivo con el fin de averiguar qué genomas y, por lo tanto, qué grupos de especies y en qué proporciones se pueden encontrar en nuestro intestino. La capacidad computacional necesaria para digerir estos datos está al alcance de unos pocos centros europeos, como el Barcelona Supercomputing Center”.

Los investigadores esperaban hallar diferencias en el microbioma según razas, nacionalidades, entorno o tipo de dieta. En cambio, de manera sorprendente, estos resultados han agrupado a los humanos – independientemente de su procedencia- en tres grandes grupos según la bacteria dominante y será esta bacteria la que determinará qué otras especies convivirán con ella y, por tanto, qué otras especies conformarán el microbioma de un individuo. Torrents asegura que “este estudio abre las puertas a la respuesta de muchas otras cuestiones científicas, tanto en el ámbito de la investigación básica como en la parte más clínica, ya que en un futuro seremos capaces de determinar, diagnosticar y, probablemente, tratar enfermedades relacionadas con el tracto intestinal mediante la determinación del microbioma a través de la secuenciación de su metagenoma”. En la misma línea se manifiesta el Dr. Francisco Guarner, responsable del proyecto MetaHit en España y coordinador del grupo de investigación en fisiología y fisiopatología digestiva del VHIR, quien afirma que “se trata de información crucial en el momento de plantear la posibilidad de trasplantes de esta flora intestinal”. También podría dar pie a otras investigaciones que revelaran las diferentes respuestas de estos tres grupos a la ingesta de dietas y fármacos.

Artículo de referencia:

Arumugam, M., Raes, J. et al. Enterotypes of the human gut microbiome. Nature Advance Online Publication 20 April 2011. DOI: 10.1038/nature09944

Copyright: **Creative Commons**

Creative Commons 4.0

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

