adn.es / Versión para imprimir

adn » internacional

Los seres humanos se dividen en tres grandes grupos según su flora intestinal

EFE , Barcelona (España) | 20/04/2011 - hace 14 horas | comentarios | +0 -0 (0 votos)

El ser humano se divide en tres grandes grupos según su flora intestinal, independientemente de la raza o tipo de dieta, dice un equipo científico europeo después de clasificar a las personas por las bacterias que pueblan su intestino.

Hasta ahora se pensaba que cada persona tenía una flora intestinal diferente, como una huella digital propia, una idea que esta investigación echa por tierra al establecer tres tipos de microbioma intestinal, unos "patrones generales" que se repiten en las personas, sin diferencias por su procedencia.

El trabajo desarrollado por el programa europeo MetaHIT -en el que participan investigadores del Vall d'Hebron Institut de Recerca (VHIR) de Barcelona- analizó genéticamente la población bacteriana intestinal de varios grupos de personas de diversos puntos del planeta, por medio de un estudio bioinformático.

El estudio ha sido realizado en el marco del proyecto MetaHIT que desde 2008 analiza los microorganismos y la actividad biológica para relacionarlo con desórdenes intestinales o nutricionales, y en el que participan trece entidades europeas, de la que el VHIR es el único grupo español.

Los investigadores esperaban hallar diferencias microbianas según la raza, alimentación o territorios que habitaban los participantes; sin embargo, el responsable del MetaHIT en España, Francisco Guarner, dijo a Efe que los resultados agruparon a los humanos en tres grupos -algo similar a lo que ocurre con los grupos sanguíneos-, según la bacteria dominante que marca el microbioma de un individuo, es decir el resto de bacterias de su intestino.

Guarner utiliza el símil de un ecosistema para explicar esta división. Así, al igual que no es posible que por las condiciones climáticas un abeto crezca en medio de un desierto, ni un pino mediterráneo en un bosque tropical, en el ser humano la flora intestinal está marcada por una determinada bacteria que da pie a la presencia de más o menos bacterias de otro tipo.

El hallazgo permitirá, cuando el sistema de análisis microbiano se generalice, establecer tratamientos específicos adecuados para desórdenes intestinales o nutricionales -como colitis ulcerosa, enfermedad de Crohn, obesidad...- establecer qué falta o qué hay en exceso para corregirlo, y entender las diferentes respuestas a los tratamientos farmacológicos.

"Para identificar las desviaciones tenemos que tener muy claro el patrón de normalidad y poder manipular los estados deficientes", apunta Guarner, quien cree que en unos dos o tres años los sofisticados y caros sistemas de secuenciación actuales se habrán generalizado para la rutina de la sanidad de todos los pacientes.

Esta caracterización será también importante -al igual que ocurre en las operaciones quirúrgicas con el grupo sanguíneo- en determinados tratamientos como los trasplantes del microbioma.

Los resultados de la investigación, que aparecen hoy publicados en la revista "Nature", no establecen los orígenes de esta triple diferenciación, ni tampoco si se podrá o no mezclar estos microbiomas entre sí.

En 2010 se logró descifrar la caracterización y variabilidad genética de las comunidades microbianas que viven en el tubo digestivo humano.

A partir de ahí se hizo un estudio multifactorial de las muestras genéticas de flora intestinal de pacientes de España, Dinamarca, Francia, Italia, Japón y Estados Unidos (33 en una primera fase y 150 en la segunda), que generaron más de un terabyte de datos de secuenciación, que hizo necesario la participación del Barcelona Supercomputing Center, para el análisis bioinformático.

La secuenciación de los datos de las diferentes fases se hizo con tecnologías diferentes para que no fuera atribuible al sistema, y ofrecieron los mismos resultados.

Guarner explicó a Efe que, no obstante, ahora habrá que seguir analizando la población bacteriana de individuos que vivan en países menos desarrollados donde los niveles de higiene y saneamiento público sean menores de los estudiados hasta la fecha, como en determinadas sociedades africanas o de la India.

En el estudio también se han obtenido resultados que relacionan ciertos marcadores genéticos y funcionales de la flora intestinal con la edad, el índice de masa corporal y sexo del paciente.