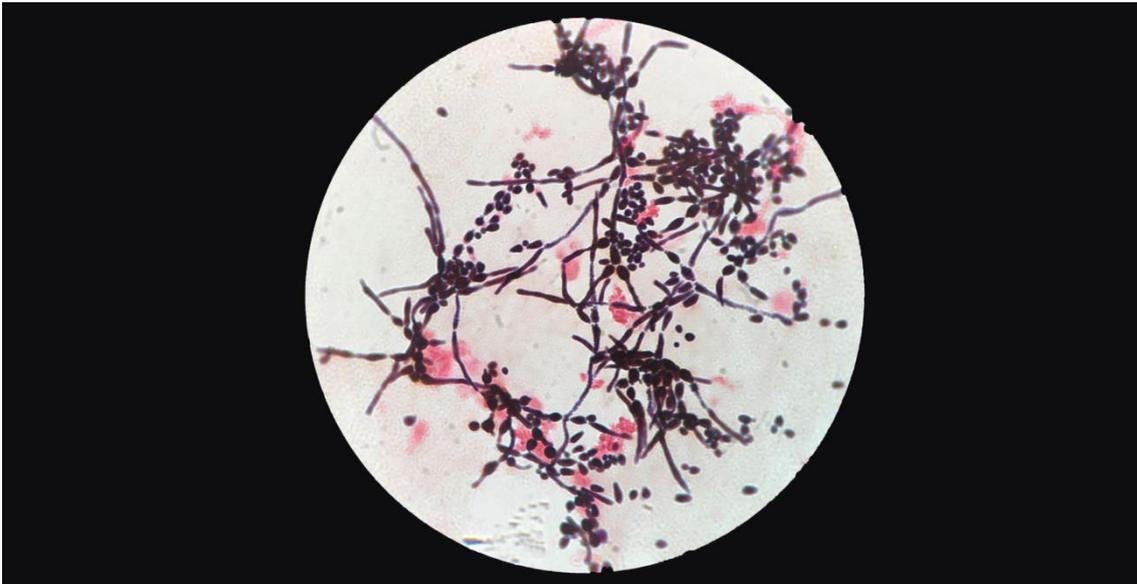




Madrid, lunes 27 de febrero de 2017

## Identifican las bacterias más sensibles que habitan en el cuerpo humano

- *Lactobacillus* y *Bifidobacterium* son algunos de los 10 géneros de bacterias más afectados por enfermedades y medicamentos
- El estudio puede ayudar en el diseño de terapias para prevenir complicaciones por déficits bacterianos



Ejemplo de microorganismos que forman parte de la microbiota humana. /Carolina Navarro

Un estudio internacional coordinado por el Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC) y la Universidad CEU San Pablo, en colaboración con la Fundación para el Fomento de la Investigación Sanitaria y Biomédica de la Comunidad Valenciana y la Universitat de València, ha revelado que 10 de los 5.000 géneros bacterianos que conforman nuestra microbiota se ven muy influidos por factores como las enfermedades y los medicamentos. Dado que algunos de los 10 géneros tienen un efecto beneficioso en nuestra salud, los resultados del estudio, publicado en la revista *FEMS Microbiology Reviews*, podrían ayudar en la creación de nuevas terapias para la prevención de complicaciones asociadas a los déficits bacterianos.

## Alteraciones en la microbiota

Nuestro cuerpo está habitado por al menos 5.000 géneros de microorganismos que residen en la piel, las mucosas, el tracto respiratorio, la vagina o el tracto digestivo. Estos microorganismos conforman la microbiota, que presenta peculiaridades y características que se pueden ver alteradas por múltiples factores. El grado y las consecuencias de estas alteraciones dependen de la naturaleza, fuerza y duración de las perturbaciones. “No todos los microorganismos de nuestro cuerpo son igualmente resistentes o estables”, señala Manuel Ferrer, investigador del CSIC en el Instituto de Catálisis y Petroleoquímica.

“Basándonos en estudios previos hemos realizado un análisis comparativo de 105 enfermedades, 68 tratamientos antibióticos y otros 22 tipos de factores. Entre otros, hemos seleccionado: edad, dieta, medicamentos, relaciones sexuales, tabaco, tratamientos con prebióticos y probióticos, clima o zona geográfica donde se reside. Los resultados señalan cambios en 250 géneros de los 5.000 que habitan en nuestro cuerpo y 10 de ellos se ven muy influidos por al menos el 50% de los factores estudiados”, apunta Rafael Bargiela, investigador del CSIC en el mismo centro.

Las 10 bacterias más susceptibles a las alteraciones son las de los géneros *Lactobacillus*, *Clostridium*, *Blautia*, *Faecalibacterium*, *Streptococcus* y *Enterococcus* (filo Firmicutes), *Bacteroides* y *Prevotella* (filo Bacteroidetes), *Bifidobacterium* (filo Actinobacteria) y *Escherichia* (filo Proteobacteria). “Los factores estudiados en esta investigación provocan modificaciones en la cantidad de estos microorganismos. Conocer dicha información es fundamental ya que muchas de estas bacterias tienen un efecto beneficioso en nuestra salud”, añade Ferrer.

Asimismo, los resultados de la investigación reflejan por primera vez que una misma bacteria puede comportarse de manera diferente cuando el organismo está sometido a diferentes perturbaciones. El estudio también sugiere la posibilidad de que una misma bacteria ayude a contrarrestar el efecto negativo de distintas enfermedades mediante mecanismos o moléculas diferentes en cada caso.

## Tratamientos

La identificación de los microorganismos beneficiosos para un buen funcionamiento del cuerpo humano, y que son muy sensibles a los cambios del entorno, podría ayudar “en el diseño de nuevos alimentos probióticos enriquecidos con algunas de estas bacterias, dietas o terapias que favorezcan su crecimiento”, concluye el investigador del CSIC.

En el estudio también han participado la Medical University of Bialystok (Polonia) y la científica Celia Méndez García, del Carl R. Woese Institute for Genomic Biology (EEUU).

D. Rojo, C. Méndez-García, B. A. Raczkowska, R. Bargiela, A. Moya, M. Ferrer y C. Barbas. **Exploring the human microbiome from multiple perspectives: factors altering its composition and function.** *FEMS Microbiology Reviews*. DOI: 10.1093/femsre/fuw046