

INVESTIGACIÓN Y CIENCIA

Comportamiento de la microbiota intestinal en la obesidad y diabetes

Claudia Mercedes Gómez Navarro*, Laura Gabriela Piña Ronces**, Nantli Ashima Rodríguez Murguía***, María de Lourdes Reyes Escogido****

Palabras clave:

Bacteroides, diabetes, firmicutes, microbiota, metagenómica, obesidad.

En los últimos años, el papel de la microbiota intestinal (o flora intestinal) ha cobrado importancia, razón por la cual diferentes grupos de científicos se han enfocado en estudiar la relación entre la microbiota y diversos trastornos metabólicos. La microbiota intestinal mantiene varias funciones esenciales, entre las que se incluyen: la fermentación en colon de fibras dietéticas; la extracción de nutrientes de los alimentos; la síntesis de algunas vitaminas; principalmente intervienen en la prevención de la colonización por patógenos; contribuye con la maduración del epitelio intestinal y del sistema inmune; libera metabolitos hacia los tejidos sistémicos; y modula la liberación de hormonas gastrointestinales así como la función nerviosa.

Composición de la microbiota

Como se puede observar en la figura 1, la mayoría de los microorganismos (MO) intestina-

les residen en el colon, el cual contiene un estimado de 10¹⁰⁻¹³ bacterias por gramo (lo cual representa aproximadamente 1-1.5 kg en peso). Estos MO en conjunto se denominan como microbiota, mientras que el conjunto de todos los genomas constituyen lo que se conoce como el microbioma. La microbiota intestinal incluye especies nativas que colonizan permanentemente el tracto gastrointestinal (TGI), sin embargo factores como el pH, concentraciones de oxígeno y disponibilidad de nutrientes influirán en la cantidad y tipo de bacteria presente.

Las bacterias nativas se empiezan a adquirir desde que el individuo nace y durante el primer año de vida, mientras que las bacterias temporales se adquieren continuamente en el transcurso de la vida permaneciendo poco tiempo. La población bacteriana está compuesta de trillones de microorganismos divididos en 5 tipos: *Firmicutes*, *Bacteroidetes*, *Proteobacteria*,

*Maestría en Investigación Clínica, Universidad de Guanajuato, Campus León. Licenciada en Nutrición y Ciencia de los Alimentos, Universidad Iberoamericana Campus León. Correo electrónico: claumeche@hotmail.com

**Licenciatura en Nutrición, Universidad de Guanajuato. Estudiante en la Maestría Investigación Clínica, Universidad de Guanajuato, Campus León. Correo electrónico: laura_pina06@hotmail.com

*** Licenciatura en Nutrición y Ciencia de los alimentos. Universidad Iberoamericana, Campus León. Estudiante de la Maestría en Nutrición Clínica, Universidad Iberoamericana, Campus León. Correo electrónico: lapizlavanda@gmail.com

**** Doctorado en Ciencias en Biología Molecular. IPICYT. Profesor Investigador. Departamento de Medicina y Nutrición, División de Ciencias de la Salud. Universidad de Guanajuato. Campus León. Correo electrónico: ml.reyes@ugto.mx

Actinobacteria y *Verrucomicrobia*, predominando los dos primeros, dentro de los cuales se encuentran los géneros *Bacteroides*, *Bifidobacterium*, *Eubacterium*, *Clostridium*, *Lactobacillus* y *Fusobacterium*, así como diversos cocos gram positivos (bacterias que se tiñen de azul oscuro o violeta por tinción de Gram y se observan en el microscopio).

Hasta el 2008 el número estimado de especies bacterianas presentes en TGI era de 40 000; este número puede variar y posiblemente sea mucho mayor de acuerdo a lo que se ha observado con el desarrollo de técnicas moleculares más sensibles que permiten identificar la microbiota sin necesidad

de realizar cultivos. Los estudios actuales se basan en la identificación y secuenciación de genes, lo cual ha permitido ampliar el espectro de los microorganismos que habitan el tracto gastrointestinal, incluyendo los microorganismos no cultivables (aquellos que no se pueden recuperar en medios de cultivo). Técnicas como la metagenómica permiten analizar el material genético obtenido directamente de heces y conocer la diversidad microbiana, además este tipo de técnicas permiten identificar genes de los cuales se desconoce su existencia, identificar vías metabólicas microbianas, y encontrar alteraciones en la microbiota intestinal.

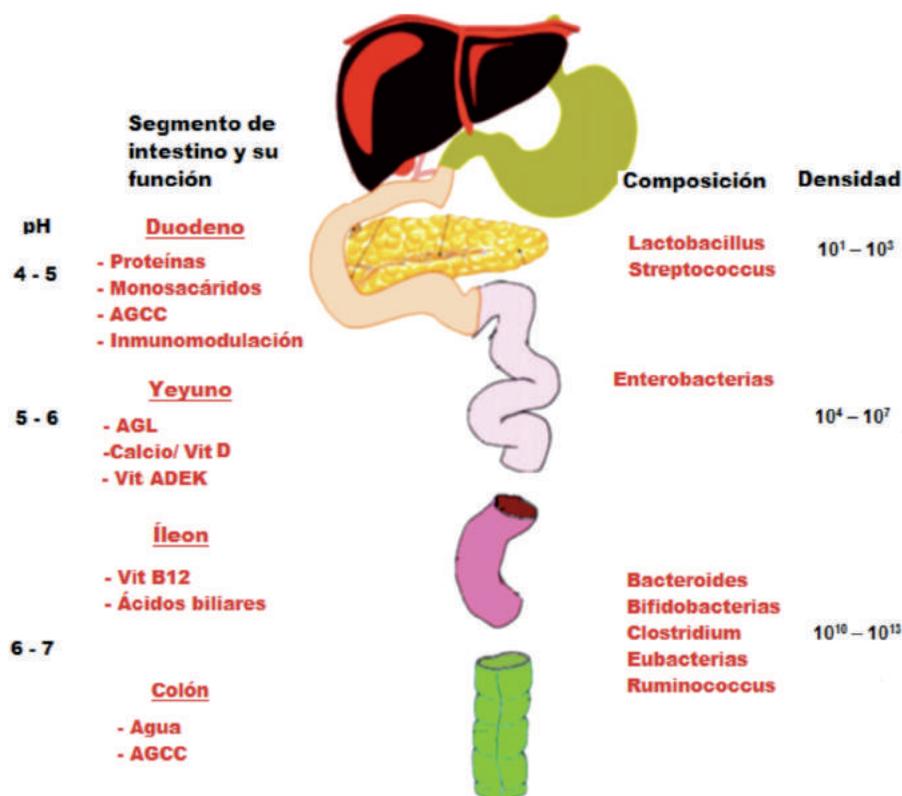


Figura 1. Funciones diferenciales de intestino delgado y grueso en relación con la densidad microbiana. Importantes funciones metabólicas tienen lugar tales como absorción de la glucosa en la dieta, lípidos (AGCC: Ácidos Grasos de Cadena Corta, AGL: Ácidos Grasos Libres), y proteínas.

Microbiota y metabolismo

Muchos de los nutrientes en la dieta son digeridos por las enzimas humanas y absorbidos en el intestino delgado. Sin embargo, la microbiota intestinal tiene un papel central para el metabolismo de fibras dietéticas, las cuales no se degradan por las enzimas humanas. Los estudios comparativos de la microbiota intestinal de mamíferos han demostrado que varias especies bacterianas son compartidas y que su presencia está influenciada principalmente por la dieta. Los cambios relacionados con el estilo de vida, la composición y la función bacteriana pueden romper el delicado equilibrio de la composición microbiana y dar lugar a un estado de desequilibrio crónico denominado disbiosis, una condición que se ha asociado con enfermedades metabólicas. Recientes estudios en modelos animales y seres humanos han encontrado correlaciones entre alteraciones específicas de la comunidad microbiana intestinal y la aparición de diabetes, obesidad y enfermedades cardiovasculares entre las que se encuentran: hipertensión arterial, cardiopatía coronaria, enfermedades cerebrovasculares, trombosis venosas profundas y embolias pulmonares.

Microbiota y obesidad

La obesidad resulta del incremento en el consumo de alimentos altos en energía, azúcares y grasas saturadas, sin embargo, parece ser que el simple incremento en la ingestión de calorías no explica completamente la actual epidemia de obesidad. Investigaciones han revelado el papel de la microbiota intestinal en la modulación de la obesidad, sin embargo

poco se conoce sobre los mecanismos que utiliza para tal acción. En este sentido; estudios en seres humanos y ratones han demostrado que puede existir una asociación entre la obesidad y cambios en la composición de la microbiota intestinal. Los primeros estudios en sujetos con obesidad reportaron un enriquecimiento de *Firmicutes* y una disminución de *Bacteroidetes* en la microbiota. Por otro lado, Turnbaugh y col. demostraron en ratones genéticamente obesos que la población de *Bacteroidetes* era un 50% menor que en ratones delgados, en ese mismo estudio comprobaron que la microbiota de los ratones obesos liberaba más calorías durante la digestión que la microbiota de los ratones delgados. Cuando se suministró a ratones con peso normal una dieta típica occidental elevada en calorías (durante 8 semanas), también se observó una marcada reducción de *Bacteroidetes* y una elevación de *Firmicutes*. Sin embargo para determinar si la microbiota intestinal alterada contribuye a la obesidad o si es la obesidad quien altera la flora intestinal se requiere de más estudios.

Microbiota y diabetes

Aunque existen pocos estudios sobre la relación entre la composición de la microbiota intestinal y la diabetes mellitus tipo 2 (DM2), la evidencia acumulada ha sugerido que la microbiota intestinal juega un importante papel en la patogénesis. Algunos estudios reportan que los pacientes con esta condición presentan cambios en la flora intestinal, lo cual se evidencia por una reducción en el número de *Bacteroides* y un incremento de

Firmicutes, comportamiento similar al observado en la obesidad.

Con el fin de caracterizar la microbiota intestinal de pacientes diabéticos, Wu y col., compararon la diversidad y la similitud de esta entre individuos sanos y pacientes con DM2; encontrando que en los pacientes con diabetes se presentó una reducción de *Bifidobacterium* y *Bacteroides vulgatus*.

En conclusión, la aplicación de la metagenómica tiene un enorme potencial para estudiar los mecanismos y las correlaciones entre el microbioma intestinal humano y las enfermedades. Por lo cual se requiere continuar con las investigaciones que permitan aclarar estas correlaciones.

REFERENCIAS

- Festi, D., Schiumerini, R., Henry, L., Marasco, G., Taddia, M., & Colecchia, A. (2014). Gut microbiota and metabolic syndrome. *World J Gastroenterol*, 20, 16079-16094.
- Han, J. L., & Lin, H. L. (2014). Intestinal microbiota and type 2 diabetes: from mechanism insights to therapeutic perspective. *World J Gastroenterol*, 20(47), 17737-17745.
- Hansen, T. H., Gobel, R. J., & Hansen, T. (2015). Pedersen O. Hansen, et al. The gut microbiome in cardiometabolic health. *Genome Medicine*, 7, 33.
- Larsen, N., Vogensen, F. N., Van Den Berg, F. W. J., Nielsen, D. S., Andreasen, A. S., et al. (2010). Gut Microbiota in Human Adults with Type 2 Diabetes Differs from Non-Diabetic Adults. *PLoS ONE*, 5(2), 1-10.
- Sridevi, D., Hemarajata, P., & Versalovic, J. (2013). The Human Gut Microbiome and Body Metabolism: Implications for Obesity and Diabetes. *J. Clin Chem*, 59, 617-628.



Fuente: <http://intoleranciadiario.com/media/images/105673.jpg>