

EL MICROBIOMA HUMANO DE LOCALIZACIONES CORPORALES ESPECÍFICAS Y SUS CARACTERÍSTICAS BIOLÓGICAS ÚNICAS

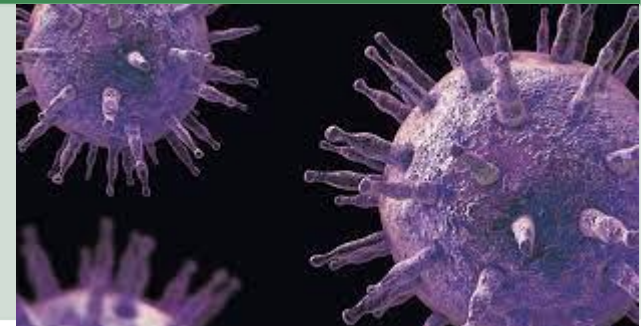
Ana luisa Ortiz Rodriguez

La microbiota humana puede definirse como el conjunto de microorganismos (alrededor de 90.000 millones de bacterias, arqueobacterias, microeucariotas y virus) que residen en el cuerpo humano.

Las diferencias en cuanto a composición microbiana dan lugar a diferencias de capacidad metabólica y de función agregada del microbioma humano.

La abundancia se refiere a la cantidad relativa de microorganismos dentro de cada individuo o localización corporal, mientras que la ubicuidad se refiere a la presencia de los mismos microorganismos en diferentes individuos.

los patógenos canónicos son poco frecuentes en individuos sanos, los patógenos oportunistas son relativamente habituales en dichos individuos y explican por qué la inmunosupresión a menudo da lugar a infecciones oportunistas.



EL MICROBIOMA HUMANO COMO UN ECOSISTEMA COMPLEJO COMPUESTO POR MÚLTIPLES HÁBITATS Y NICHOS CORPORALES

En la actualidad se sabe que el microbioma humano es un ecosistema complejo, con nichos biológicos distintos.

Se han propuesto varias teorías, como la adquisición a partir de la exposición al microbioma vaginal materno, microbioma intestinal, microbioma de la leche materna y del contacto piel con piel.

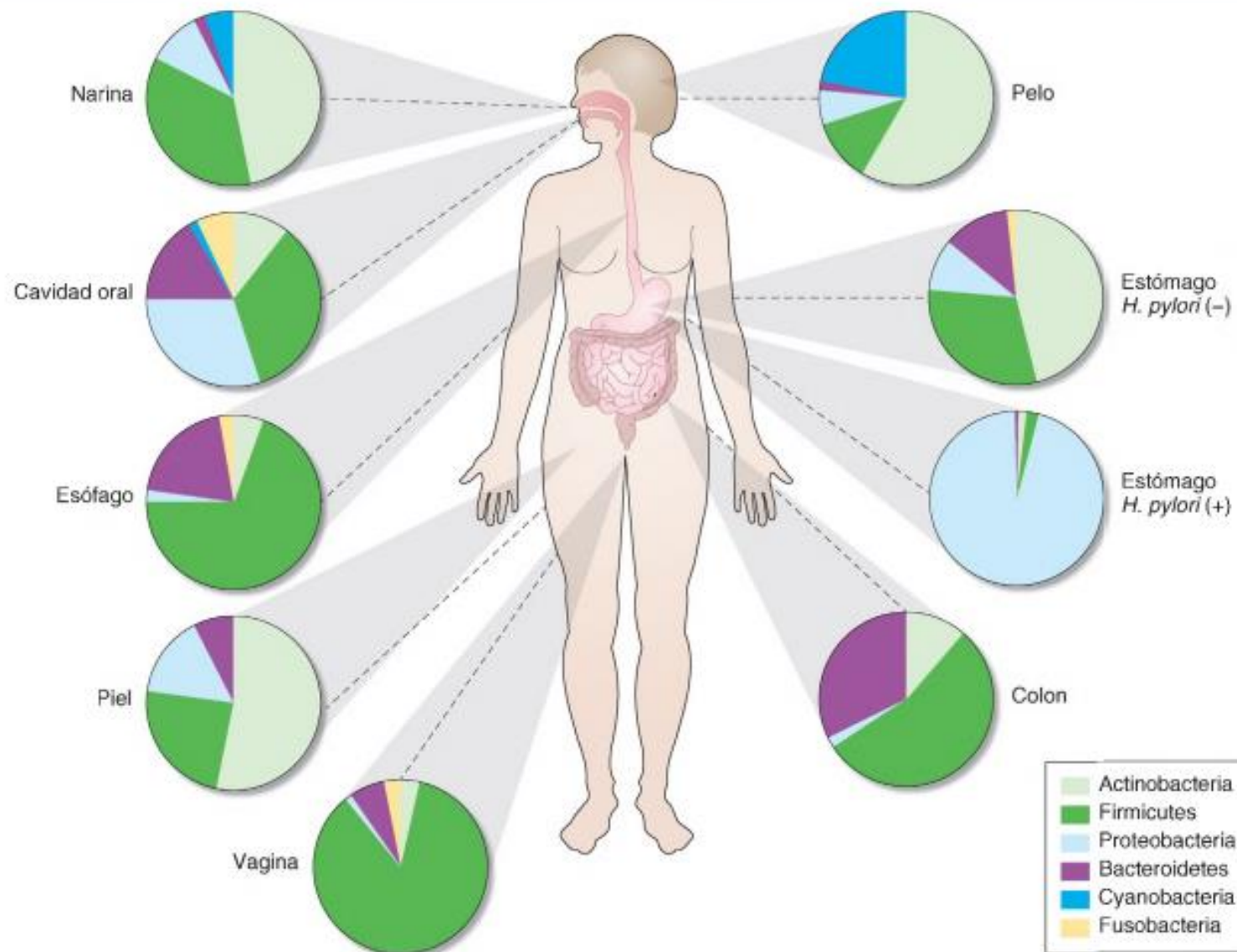


FIGURA 2-2 Diferencias de composición del microbioma por localización anatómica. Las estrategias de secuenciación masiva paralela metagenómica han puesto de manifiesto una gran especificidad de localización corporal y las características taxonómicas de mayor nivel (p. ej., filo) muestran una estabilidad temporal (longitudinal) en los individuos en localizaciones anatómicas específicas. En la figura se representan las distribuciones relativas (porcentajes) de taxones proyectadas a nivel de filo. (Modificada de Cho I, Blaser MJ. *The human microbiome: at the interface of health and disease*. Nat Rev Genet. 2012;13:260-270.)

MICROBIOMA ORAL

Se observa una intensa variación interindividual en el microbioma del nicho oral.

Streptococcus spp.

- Es dominante en la orofaringe, con una gran variación genómica a nivel de cepa en el seno de las especies microbianas que es aún mayor para las variantes estructurales específicas del huésped alrededor de islas genómicas.

Microbioma oral es único porque mantiene sublocalizaciones estrechamente adyacentes en el nicho.

El microbioma amigdalino puede distinguirse del de la lengua, y el de lengua del microbioma del paladar.

ASOCIACIONES ENTRE LA MICROBIOTA ORAL Y LAS ENFERMEDADES

enfermedad periodontal es la enfermedad infecciosa más frecuente que afecta a los dientes.

La periodontitis.



PIEL Y NASOFARINGE

Debido a que la piel humana es el tegumento principal del cuerpo en contacto constante con el ambiente exterior, consta de diversos conjuntos de hábitats locales y nichos para el microbioma humano.



Ciertos grupos específicos de microorganismos pueden conservarse en la piel de individuos sanos, mientras que la variación interindividual puede explicar las diferencias de abundancia relativa de los microorganismos y la distinta susceptibilidad a la enfermedad.

Propionibacterium spp.

- Proteobacteria en la espalda o los brazos, respectivamente, en diferentes individuos, pero estos grupos de bacterias están presentes en la mayoría de los individuos sanos en estas localizaciones corporales.

En las fosas nasales.

- Corynebacterium es el género bacteriano más común²² y se ha observado la colonización persistente de las fosas nasales por *S. aureus* en el 24% de las personas sanas



Malassezia

- Es el género fúngico predominante de la piel humana en múltiples localizaciones corporales, incluidos la cabeza, el torso, los brazos y las piernas.



MICROBIOMA DE LAS VÍAS RESPIRATORIAS Y PULMONAR

Los patógenos bacterianos y virales se han implicado como posibles causas de asma y desencadenantes potenciales de episodios asmáticos.

- el grupo de asma existía una abundancia relativa de *Flaemophilus*, un patógeno (*Flaemophilus influenzae*) previamente implicado como mi desencadenante potencial de episodios asmáticos.

Las vías respiratorias de los pacientes con fibrosis quística (FQ) proporcionan un ambiente ideal para la proliferación bacteriana, lo que da lugar a las infecciones respiratorias agudas y crónicas típicas de la enfermedad



TRACTO GASTROINTESTINAL



Esofago.

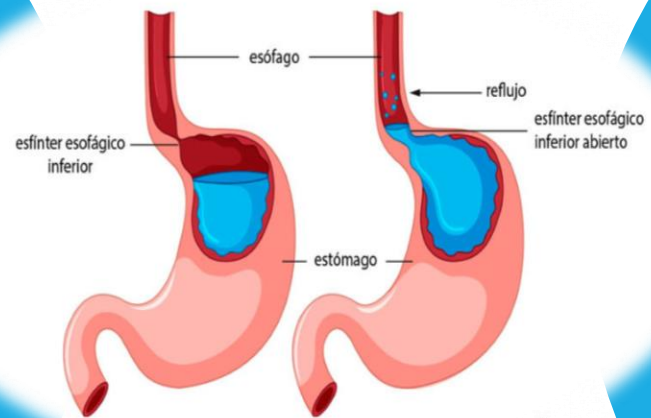
Se cree que los tercios proximal y medio del esófago albergan principalmente bacterias transitorias y levaduras, y se sabe poco sobre las características de las comunidades microbianas en estas localizaciones.



El tercio distal del esófago inmediatamente cefálico al esfínter gastroesofágico contiene un microbioma moderadamente diverso.

Esta región esofágica parece albergar una colección de residentes permanentes que incluye bacterias, levaduras y virus en pacientes humanos.

El aumento de la abundancia de especies y de la diversidad de bacterias en el esófago se asoció con esofagitis y esófago de Barrett.



El esófago distal en pacientes con esofagitis o esófago de Barrett contenía un microbioma diverso dominado por anaerobios y microaerobios gramnegativos.

ESTOMAGO

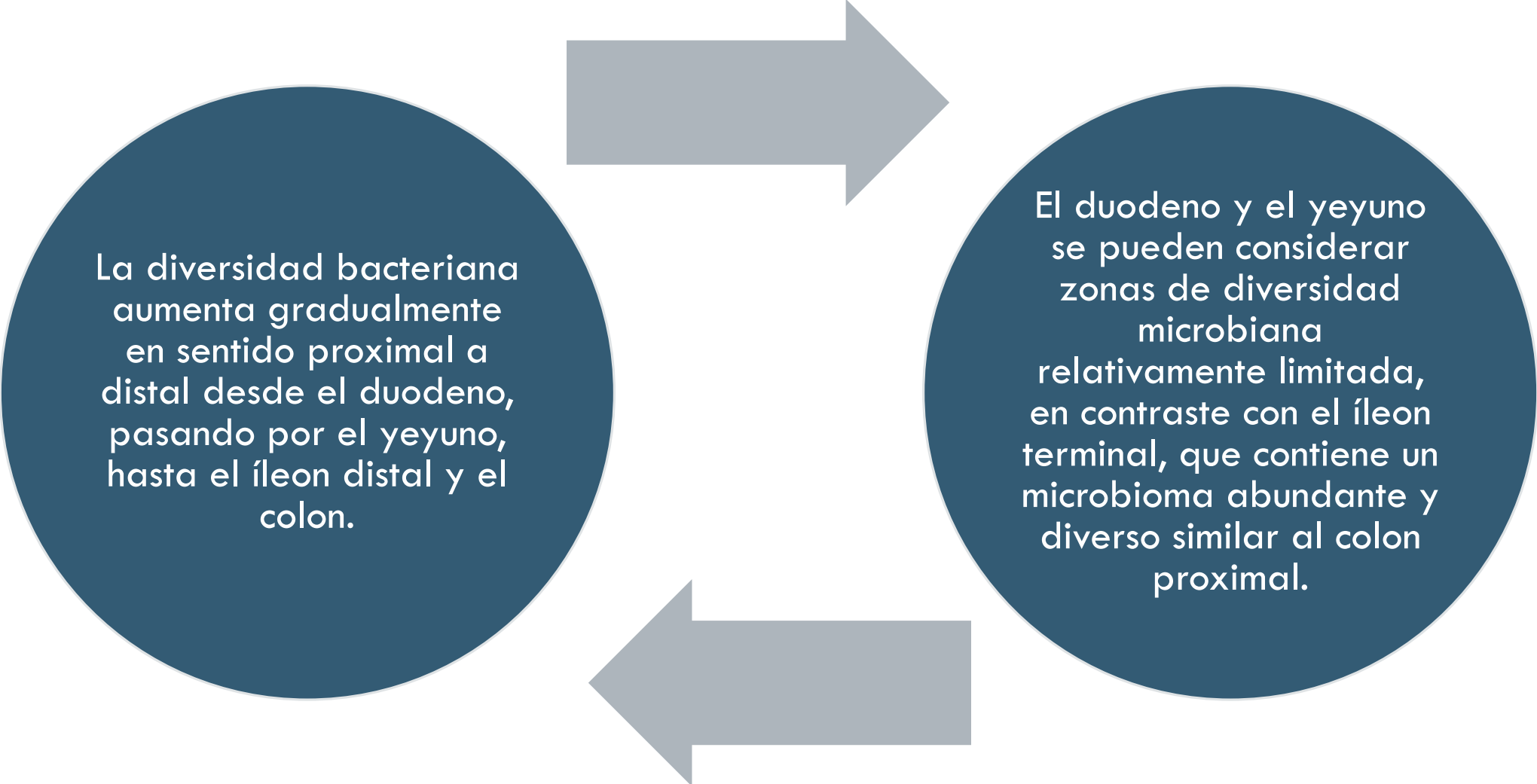
Helicobacter pylori en 1982.

- Reconocimiento generalizado de la colonización bacteriana en el estómago humano.

Gran prevalencia de H. pylori.

- comensal importante en el estómago humano y que su presencia protegía contra el reflujo gastroesofágico (ERGE), el esófago de Barrett y los adenocarcinomas del cardias gástrico y del esófago distal

INTESTINO DELGADO Y GRUESO



La diversidad bacteriana aumenta gradualmente en sentido proximal a distal desde el duodeno, pasando por el yeyuno, hasta el íleon distal y el colon.

El duodeno y el yeyuno se pueden considerar zonas de diversidad microbiana relativamente limitada, en contraste con el íleon terminal, que contiene un microbioma abundante y diverso similar al colon proximal.

El filo Firmicutes (grampositivo), que engloba géneros tales como Streptococcus, Veillonella (Clostridium, grupo IX) y Clostridium

- **Dominante en el intestino delgado**

filos bacterianos como Bacteroidetes y Proteobacteria (p. ej., E. coli y otras gammaproteobacterias)

- **Mayor en el intestino delgado distal.**

En los niños, los filos como Verrucomicrobia y Actinobacteria son relativamente abundantes en las muestras de heces

MICROBIOMA VAGINAL

Asociación con un exudado fétido, con predominio de *Gardnerella vaginalis*, y posteriormente esto se denominó vaginosis bacteriana.



VAGINOSIS BACTERIANA: UN EJEMPLO DE UNA VARIACIÓN FRECUENTE EN EL MICROBIOMA VAGINAL

■ Tabla 1. Criterios de Nugent para la evaluación de la microbiota vaginal.

Table 1. Nugent criteria for the evaluation of the vaginal microbiota.

	Morfortipos observados por campo		
Puntaje	Bacilos rectos Gram positivos (<i>Lactobacillus</i> sp)	Bacilos curvos Gram variables (<i>Mobiluncus</i> sp)	Cocobacilos Gram variables (<i>Gardnerella vaginalis</i> / <i>Bacteroides</i>)
0	> 30	0	0
1	5 a 30	1 a 4	< 1
2	1 a 4	> 5	1 a 4
3	< 1		5 a 30
4	0		> 30

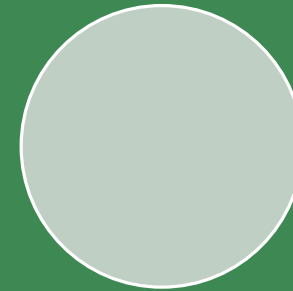
Ponderación: Un puntaje de 0 a 3 corresponde a una microbiota normal, de 4 a 6 intermedia, y de 7 a 10 corresponde a vaginosis bacteriana.

Fuente: Adu-Sarkodie e Ison (2014).

STREPTOCOCCUS GRUPO B



Alrededor del 25-30% de las gestantes presenta una colonización vaginal crónica por *Streptococcus agalactiae*, denominado habitualmente *Streptococcus* grupo B.



infección por *E. coli* resistente a (3-lactámicos en los lactantes de muy bajo peso al nacer y prematuros.



ALTERACIONES DE LA MICROBIOTA VAGINAL E INTESTINAL DURANTE EL EMBARAZO

Mediante el uso de mujeres embarazadas y no embarazadas emparejadas por protocolo, las mediciones de diversidad beta para los ARNr 16S bacterianos mostraron una agrupación de las comunidades del microbioma vaginal debida al embarazo.

La abundancia y la diversidad de la comunidad microbiana en mujeres embarazadas se redujeron por el predominio de *Lactobacillus* spp. (*Lactobacillus iners*, *L. crispatus*, *L. jensenii* y *L. johnsonii*) y de los órdenes Lactobacillales (y familia Lactobacillaceae), Clostridiales, Bacteroidales y Actinomicetales.