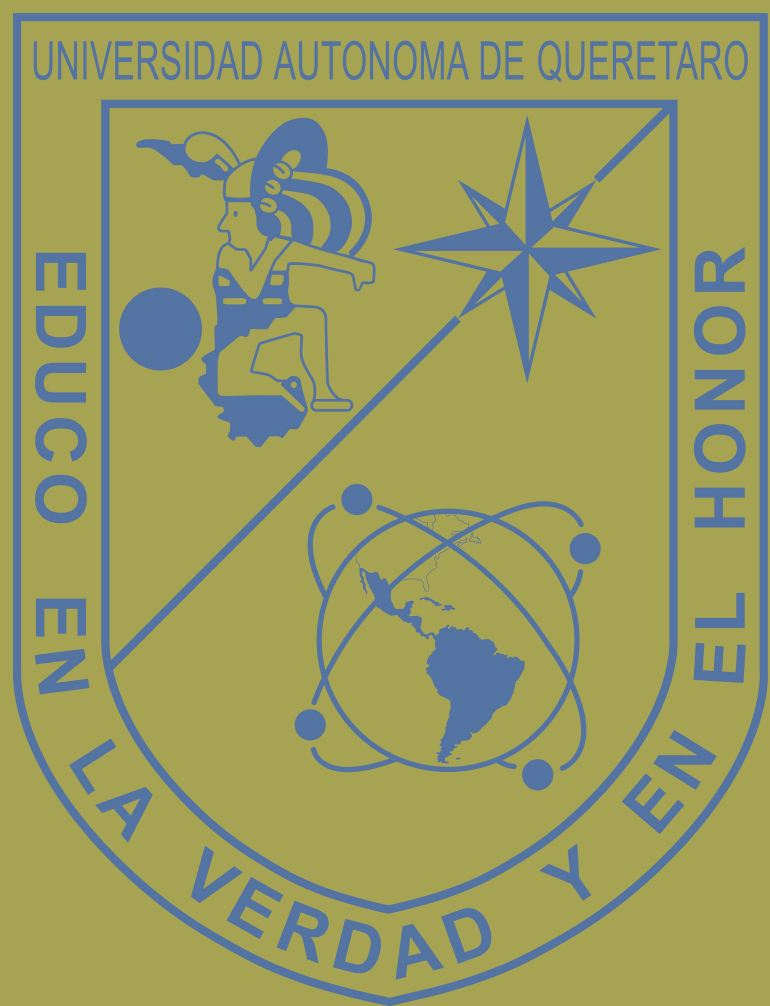




Redes temporales, una herramienta útil en la exploración de la disbiosis

Lazaro-Vidal, V.1, Álvarez-Martínez, R.1

¹Laboratorio de Biología Cuantitativa y Sistemas Complejos, Facultad de Ciencias Naturales, UAQ.

INTRODUCCIÓN

Las redes multicapa se presentan como un nuevo paradigma que amplía las posibilidades de la teoría de redes. Dentro de este enfoque podemos destacar las llamadas redes temporales, que permiten analizar cómo cambian las interacciones entre los componentes de un sistema dinámico.

La microbiota del tracto digestivo es un ejemplo de un sistema dinámico, pues las bacterias que la componen están constantemente expuestas a un ambiente variable que altera la forma en que las bacterias se relacionan entre sí y con los tejidos del huésped. Sin embargo, se ha observado que a pesar de la naturaleza cambiante de las condiciones en el intestino, las proporciones entre poblaciones bacterianas tienden a mantenerse estables durante periodos prolongados de tiempo, donde las alteraciones significativas entre dichas poblaciones suelen estar asociadas a episodios de enfermedad, un fenómeno que conocemos como disbiosis.

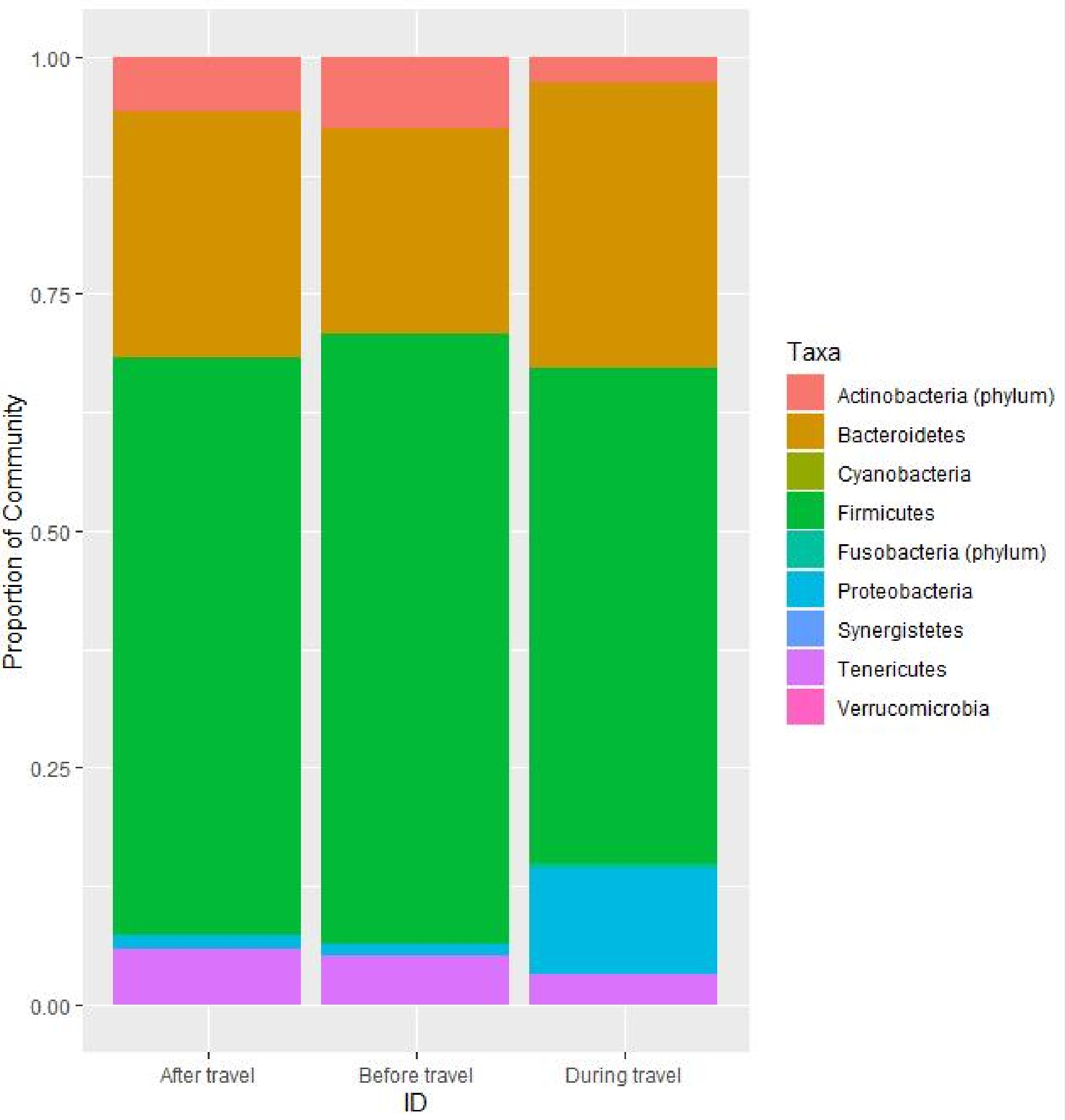


Figura 1: Distribución de las abundancias de los *phyla* en el sujeto A en las tres capas, correspondientes al periodo previo al viaje, durante el viaje y posterior al viaje. Durante el viaje el sujeto experimenta una alteración en las abundancias de su microbiota.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

La disminución en la proporción de Firmicutes en detrimento de Bacteroidetes durante los periodos de disbiosis, además del aumento en las proporciones de Proteobacteria, podría estar relacionado con procesos inflamatorios durante los periodos de infección, asociados a la disminución de bacterias productoras de AGCCs. Se identificó una proliferación de *Escherichia* en el sujeto B que podría ser la causante del cuadro clínico del paciente como sucede con *Salmonella* en el sujeto A. La presencia de comunidades altamente interconectadas de Firmicutes y Proteobacteria durante los periodos de enfermedad sugiere un posible cambio en la dinámica de las poblaciones cuando ocurre una disbiosis. El análisis de la composición de las comunidades reveló que bacterias con actividades metabólicas relacionadas o filogenéticamente cercanas, tienen mayor probabilidad de encontrarse en una misma comunidad.

CONCLUSIONES

La disbiosis puede alterar significativamente las abundancias relativas de los taxones bacterianos que componen la microbiota, así como las relaciones entre las poblaciones bacterianas y la composición de las comunidades. Esta alteración parece estar fuertemente asociada a la aparición de enfermedades gastrointestinales.

MATERIALES Y MÉTODOS

Se analizaron dos bases de datos procedentes del paquete seqtime de R, correspondientes a series temporales de la microbiota de dos sujetos, el primero de los cuales (sujeto A) realizó un viaje durante el cual cambió su régimen alimenticio, sufriendo en consecuencia dos episodios de diarrea. Por su parte, el sujeto B experimentó una intoxicación por *Salmonella*. Se separaron los datos correspondientes a los periodos de enfermedad de los periodos basales, durante los cuales los pacientes no presentaron un cuadro clínico. Se utilizaron distintos algoritmos de inferencia para construir redes de co-abundancia que nos permitieran reconocer posibles correlaciones entre las poblaciones de los géneros bacterianos hallados en las muestras a lo largo del periodo en que fueron recolectadas. Se analizó la importancia de los géneros en las redes mediante distintas medidas de centralidad, además de la identificación de comunidades bacterianas dentro de las redes mediante distintos algoritmos de clusterización. También se analizaron las proporciones de los *phyla* entre capas mediante el uso de series temporales.

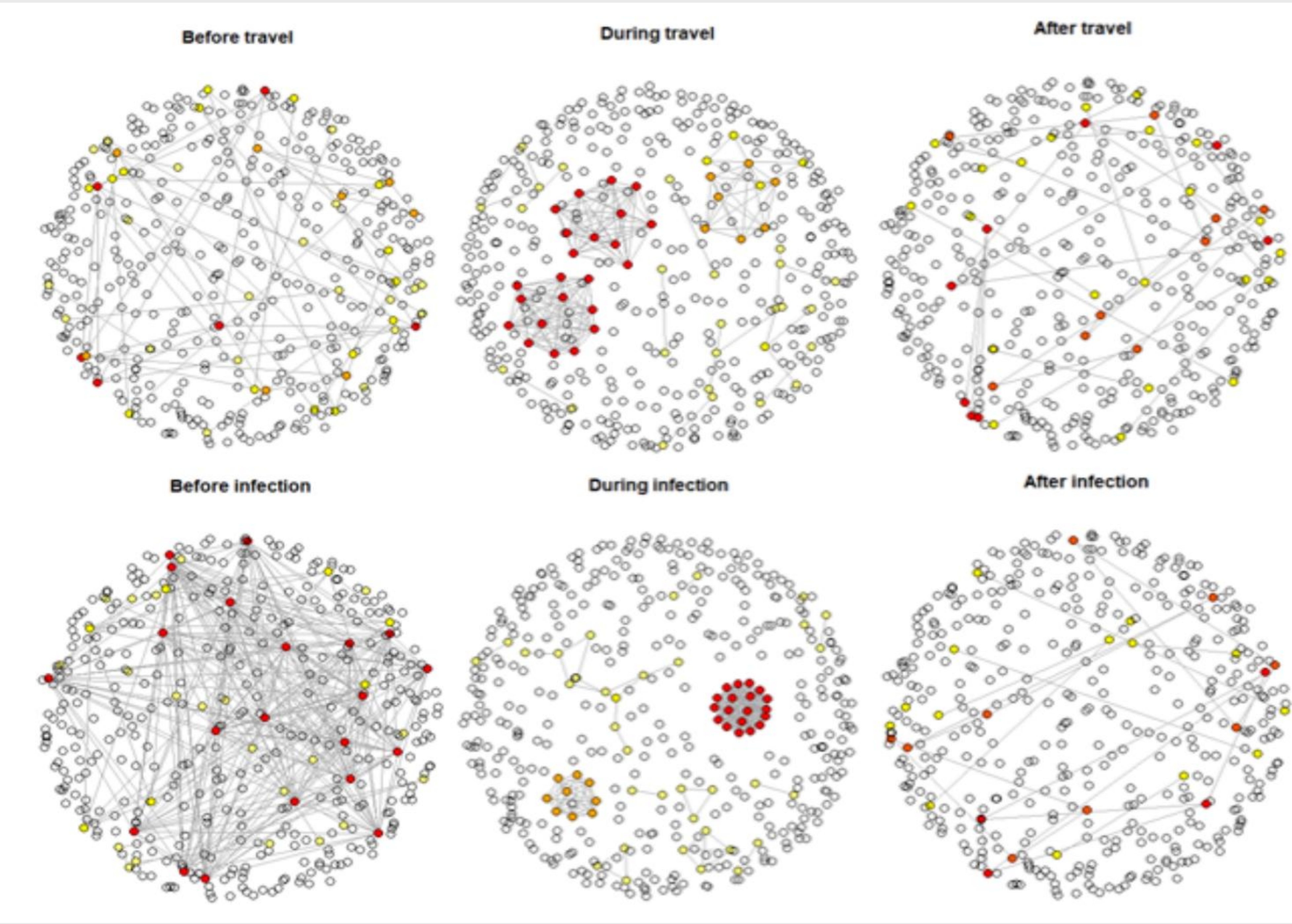


Figura 2: Capas de las redes temporales de los sujetos A y B.

