

Los estudios que han examinado el microbioma broncopulmonar en pacientes con EPOC estable han observado diferencias claras respecto a la flora propia de las personas sanas.

## La progresión de la EPOC se asocia a una pérdida de la diversidad de la flora y más patógenos en el árbol broncopulmonar

- Los bronquios y los pulmones de las personas sanas alojan una gran cantidad de microorganismos, conocido como microbioma, compuesto por bacterias, virus y hongos, y solo el 1% de ellos crece en cultivos.
- El análisis de muestras de esputo de los pacientes con EPOC ha demostrado la existencia de una flora más restringida y patogénica respecto a la de las personas sanas.
- La metagenómica y el análisis del ADN bacteriano, técnicas de reciente implementación, proporcionarán información funcional del microbioma respiratorio y permitirán detallar interacciones entre virus, hongos y bacterias.
- Estas técnicas facilitarán el diseño de estudios de intervención dirigidos a conservar la flora microbiana cuya presencia facilita la funcionalidad normal del sistema respiratorio, frente a los patógenos respiratorios que la sustituyen progresivamente en la EPOC.

*10 de diciembre de 2018.*- La aparición de la enfermedad pulmonar obstructiva crónica (EPOC) se asocia a la colonización del árbol bronquial por microorganismos potencialmente patógenos desde los primeros estadios de esta dolencia respiratoria, pero recientemente se ha constatado que su progresión y las exacerbaciones se asocian a una pérdida de la diversidad de la flora bacteriana (microbioma) en el árbol broncopulmonar, así como a la colonización por microorganismos patógenos.

Estos hallazgos se han recogido en un editorial sobre la EPOC y el microbioma publicado en [Archivos de Bronconeumología](#), la revista científica de SEPAR (Sociedad Española de Neumología y Cirugía Torácica) firmado por el Dr. Eduard Monsó, neumólogo del Servicio de

**Gabinete de comunicación SEPAR**

**Contacto de prensa y gestión de entrevistas:**

Montse Llamas, 636 820 201 / Sonia Joaniquet, 663 848 916

Neumología del Hospital Universitari Parc Taulí de Sabadell (Barcelona), y miembro de la Sociedad Española de Neumología y Cirugía Torácica (SEPAR). El Dr. Monsó igualmente ha firmado una revisión sobre el tema publicada recientemente en [Annals of Translational Medicine](#) y lo ha presentado en el marco de las Reuniones de Invierno de SEPAR.

El reciente uso de técnicas microbiológicas independientes de cultivo ha confirmado que el árbol broncopulmonar aloja una gran cantidad de microorganismos, conocido como microbioma, compuesto por bacterias, virus y hongos. Sin embargo, solo un 1% de este conjunto crece en cultivo.

## El microbioma en la EPOC

En el caso de la EPOC, los estudios que han examinado el microbioma broncopulmonar en pacientes con EPOC estable han observado diferencias claras respecto a la flora propia de las personas sanas. “La colonización bronquial por microorganismos potencialmente patógenos ha sido bien establecida por cultivo en la EPOC, y la aparición de los síntomas respiratorios en la exacerbación se ha relacionado principalmente con la incorporación de nuevas cepas a esta flora”, explica el Dr. Monsó.

Así, en la EPOC son más comunes bacterias de los grupos filogénicos *Proteobacteria*, *Bacteroidetes*, *Acinetobacteria* y *Firmicutes*, con *Pseudomonas*, *Streptococcus*, *Prevotella* y *Haemophilus* como géneros frecuentes en estos pacientes. Esta predominancia se ha objetivado tanto en muestras de mucosa bronquial como de lavado broncoalveolar o de cepillo protegido, y también se han obtenido resultados similares en esputo.

El desarrollo de la EPOC se asocia a la colonización del árbol bronquial por microorganismos potencialmente patógenos desde los primeros estadios de esta patología. Estos microorganismos se pueden encontrar fácilmente en los cultivos de las muestras de esputos de los pacientes.

El estudio del microbioma en secreciones respiratorias durante las exacerbaciones o agudizaciones de la enfermedad ha permitido identificar géneros de bacterias que aumentan en su abundancia relativa, distintos de la flora colonizadora, que no se modifica respecto a la enfermedad estable. Las técnicas de microbiología convencional a menudo no son capaces de identificar este incremento de la abundancia relativa de la bacteria causal de la exacerbación, y pueden sólo recuperar en algunos casos microorganismos sin cambios en su abundancia relativa, ya presentes en la enfermedad estable. Entre estos microorganismos figuran algunos potencialmente patógenos como *Pseudomonas aeruginosa*.

## Gabinete de comunicación SEPAR

### Contacto de prensa y gestión de entrevistas:

Montse Llamas, 636 820 201 / Sonia Joaniquet, 663 848 916

“Así, el examen del microbioma respiratorio confirma que en una parte de las exacerbaciones el aumento en un patógeno bacteriano pasa desapercibido para la microbiología convencional, por sus limitaciones de sensibilidad, mientras que el cultivo identifica microorganismos que en realidad son únicamente colonizantes, lo que puede dar una información equívoca para el clínico”, según la valoración del Dr. Monsó.

Estos cambios en la composición bacteriana del microbioma respiratorio durante la exacerbación se ven facilitados por dos factores. Por un lado, por las infecciones virales, ya que en las semanas inmediatas a un resfriado común la abundancia relativa de Proteobacteria aumenta. Y, por otro, por los tratamientos antibióticos de la exacerbación de la EPOC, que reducen temporalmente la abundancia de ese grupo de microorganismos.

### **Implicaciones de futuro**

La composición de la flora respiratoria se empieza a conocer mejor, pero la implicación del microbioma en la patogenia de las enfermedades respiratorias crónicas es aún desconocida. La microbiología convencional basada en el cultivo tiene sus limitaciones, en especial para el estudio de la interacción de los microorganismos patógenos con los no patógenos. No obstante, es claro que la pérdida de diversidad bacteriana se asocia a una mayor gravedad en la mayoría de estas enfermedades y es muy posible que este cambio en la composición del microbioma sea uno de los factores que influye en su progresión, como se ha demostrado en otra enfermedad respiratoria, la fibrosis pulmonar idiopática.

En cuanto a las implicaciones de este estudio de cara al futuro, el Dr. Monsó señala que “el análisis del ADN bacteriano y la metagenómica, técnicas de reciente implementación, serán capaces de proporcionar información funcional del microbioma respiratorio, de detallar interacciones entre virus, hongos y bacterias, y, potencialmente, de facilitar el diseño de estudios de intervención dirigidos a conservar la flora microbiana que actúa como protectora y facilita la funcionalidad del sistema respiratorio, frente a los patógenos respiratorios que la sustituyen progresivamente cuando se desarrolla EPOC o fibrosis pulmonar idiopática”.

**Gabinete de comunicación SEPAR**

**Contacto de prensa y gestión de entrevistas:**

Montse Llamas, 636 820 201 / Sonia Joaniquet, 663 848 916