

Reseña crítica del artículo de investigación “*Metatranscriptome of human faecal microbial communities in a cohort of adult men*”

Presentado por

Carlos Andrés Díaz - código: 202010343

David León - código: 201615216

César Patiño - código: 201924259

En este artículo del año 2018 Galeb S. y colaboradores presentan en la revista *Nature microbiology*, una investigación acerca del análisis transcriptómico asociado a las comunidades microbianas presentes en la materia fecal de un grupo de hombres adultos con un rango de edad de entre 65 a 80 años. Para identificar claramente las rutas metabólicas expresadas activamente y no solo metagenómicamente codificadas, los autores realizan una clasificación del metatranscriptoma analizado en dos categorías: una central y una variable. En la categoría central, encuentran un número limitado de rutas asociadas al mantenimiento y crecimiento celular, como por ejemplo las rutas de la glucólisis y del metabolismo de nucleótidos. Por otro lado, en la categoría variable, los autores encuentran una gran variedad de rutas asociadas a funciones específicas como la producción de fosfolípidos, síntesis de aminoácidos, entre otros. Un hallazgo interesante por parte de los autores, es que a pesar de que la riqueza metagenómica es mayor que la riqueza metatranscriptómica en las muestras, aquellos organismos con mayores tasas de transcripción no eran aquellos con mayor abundancia ni estaban asociados a la misma especie. Demostrando, con ayuda de las redes de exclusión y co-ocurrencia, que el ensamblaje de las comunidades microbianas, no se basa solamente en su relación filogenética sino también en su complemento con otros individuos en términos metabólicos.

Un aspecto que podría discutirse, son las implicaciones que tendría el haber tomado muestras provenientes de individuos agrupados en este rango de edad y sexo específico, puesto que como bien afirman los autores, los análisis de metatranscriptómica son más sensibles a cambios temporales y contexto específicos que los análisis metagenómicos, por lo que pueden existir conclusiones sesgadas. Por otro lado, no es muy clara la relación que tienen estos hallazgos con su aplicabilidad en términos epidemiológicos, teniendo en cuenta que no se conoce un proceso para la identificación y clasificación de contextos epidemiológicos, como por ejemplo comorbilidades que puedan presentar cada uno de los individuos muestreados y las posibles implicaciones que esto pueda tener en los resultados presentados. De la misma manera, para sugerir el uso de este tipo de análisis en escenarios epidemiológicos, se deben tener perfiles funcionales más completos con el fin de realizar diagnósticos cuyas conclusiones sean acertadas.

