

# **Métodos experimentales y biocomputacionales para el estudio del microbioma humano**

**Alfonso Benítez Páez**

Instituto de Agroquímica y Tecnología de Alimentos (IATA).  
Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC).  
Valencia, España.

Los avances tecnológicos acaecidos en la última década en lo referente a la secuenciación de ADN ha revolucionado, entre muchos otros campos, el estudio del microbioma humano. Concomitantemente, los métodos de análisis del volumen masivo de datos genéticos obtenidos, también han evolucionado aunque en menor manera. La falta de consensos metodológicos en el estudio del microbioma es la principal dificultad a la hora de contrastar resultados y validar las predicciones hechas sobre potenciales biomarcadores de salud y enfermedad. Como resultado, es necesario conocer las principales tendencias tanto experimentales como en el análisis e integración de datos clínicos, metagenómicos, metabolómicos y medioambientales, con el propósito de diseñar estudios transversales que puedan ser útiles con fines comparativos de tipo inter-poblacional.