

UCUENCA

Universidad de Cuenca

Facultad de Ciencias Químicas

Carrera de Bioquímica y Farmacia

Estudio comparativo de la microbiota intestinal entre pacientes con obesidad y sin obesidad


Trabajo de titulación previo a la obtención del título de Bioquímico Farmacéutico

Autor:

Ana Belén Rojas Narváez

Director:

Zulma Beatriz Zamora Burbano

ORCID:  0009-0006-5181-4081

Cuenca, Ecuador

2026-02-20

Resumen

La obesidad es una enfermedad crónica multifactorial de alta prevalencia mundial y uno de los principales desafíos de salud pública, particularmente en América Latina, donde su incidencia continúa en aumento. Aunque tradicionalmente se ha asociado con sedentarismo, consumo excesivo de alimentos hipercalóricos y cambios en el estilo de vida, estos factores no explican completamente su complejidad metabólica. En los últimos años, la microbiota intestinal ha emergido como un componente clave en la regulación del metabolismo energético y en los procesos inflamatorios vinculados a la obesidad. La disbiosis intestinal puede incrementar la capacidad de extracción energética de la dieta, favorecer el almacenamiento de ácidos grasos en el tejido adiposo, alterar la permeabilidad intestinal y promover inflamación sistémica de bajo grado, contribuyendo al desarrollo de alteraciones metabólicas. El objetivo de este estudio fue realizar una revisión sistemática de la literatura para identificar, comparar y analizar diferencias en la composición y diversidad de la microbiota intestinal entre individuos con obesidad y normopesos. La metodología siguió las directrices PRISMA e incluyó estudios publicados entre 2015 y 2025 en poblaciones humanas, aplicando criterios rigurosos de inclusión y exclusión. La evidencia analizada muestra que la obesidad se asocia con alteraciones significativas en la composición bacteriana a nivel de género, con mayor abundancia de *Lactobacillus*, *Ruminococcus*, *Blautia*, *Collinsella*, *Dorea* y *Enterobacteriaceae*, mientras que en individuos normopesos predominan géneros con perfil metabólico protector como *Faecalibacterium*, *Akkermansia*, *Roseburia* y *Bacteroides*, lo que sugiere su posible valor como biomarcadores y dianas terapéuticas.

Palabras clave del autor: microbioma, disbiosis, eubiosis, metabolismo, revisión sistemática



El contenido de esta obra corresponde al derecho de expresión de los autores y no compromete el pensamiento institucional de la Universidad de Cuenca ni desata su responsabilidad frente a terceros. Los autores asumen la responsabilidad por la propiedad intelectual y los derechos de autor.

Repositorio Institucional: <https://dspace.ucuenca.edu.ec/>

Abstract

Obesity is a multifactorial chronic disease with high global prevalence and one of the main public health challenges, particularly in Latin America, where its incidence continues to rise. Although it has traditionally been associated with sedentary behavior, excessive consumption of hypercaloric foods, and lifestyle changes, these factors do not fully explain its metabolic complexity. In recent years, the gut microbiota has emerged as a key component in the regulation of energy metabolism and inflammatory processes linked to obesity. Intestinal dysbiosis may increase the capacity for dietary energy extraction, promote fatty acid storage in adipose tissue, alter intestinal permeability, and induce low-grade systemic inflammation, thereby contributing to the development of metabolic alterations. The aim of this study was to conduct a systematic review of the scientific literature to identify, compare, and analyze differences in gut microbiota composition and diversity between individuals with obesity and normal-weight subjects. The methodology followed PRISMA guidelines and included studies published between 2015 and 2025 in human populations, applying rigorous inclusion and exclusion criteria. The analyzed evidence shows that obesity is associated with significant alterations in bacterial composition at the genus level, with a higher relative abundance of *Lactobacillus*, *Ruminococcus*, *Blautia*, *Collinsella*, *Dorea*, and *Enterobacteriaceae*, whereas normal-weight individuals show a predominance of metabolically protective genera such as *Faecalibacterium*, *Akkermansia*, *Roseburia*, and *Bacteroides*, suggesting their potential value as biomarkers and therapeutic targets.

Author Keywords: Microbiome, dysbiosis, eubiosis, metabolism, systematic review



The content of this work corresponds to the right of expression of the authors and does not compromise the institutional thinking of the University of Cuenca, nor does it release its responsibility before third parties. The authors assume responsibility for the intellectual property and copyrights.

Institutional Repository: <https://dspace.ucuenca.edu.ec/>

Índice de contenido

Resumen.....	2
Abstract.....	3
Índice de Figuras.....	6
Índice de Tablas.....	7
Índice de Anexos.....	8
Dedicatoria.....	9
Agradecimiento.....	10
CAPÍTULO I.....	11
INTRODUCCIÓN.....	11
Objetivos.....	14
Objetivo general:.....	14
Objetivos específicos:.....	14
CAPITULO II.....	15
MARCO TEORICO.....	15
2.1. Obesidad.....	15
2.2. Epidemiología.....	15
2.3. Clasificación.....	16
2.4. Impacto de la Obesidad.....	18
2.5. Diagnóstico y Evaluación antropométrica.....	20
2.6. Microbiota.....	21
2.6.1 Definición.....	22
2.6.2 Composición.....	22
2.6.3 Factores determinantes.....	23
2.6.4 Funciones Fisiológicas de la Microbiota Intestinal.....	24
2.6.5 Mecanismos Bioquímicos.....	25
2.7. Equilibrio Dinámico de la Microbiota – Eubiosis.....	27
2.7.1 Eubiosis en poblaciones Sanas vs Obesas.....	27
2.7.2 Disbiosis en la obesidad.....	28
2.8. Evidencia de alteraciones en diversidad y abundancia bacteriana.....	29
2.8.1 Principales géneros implicados en la disbiosis.....	30
2.9. Impacto metabólico de la disbiosis.....	31
2.9.1 Plano bioquímico de la disbiosis.....	31

2.10. Avances terapéuticos.....	32
2.10.1 Probióticos	32
2.10.2 Prebióticos	33
2.10.3 Simbióticos.....	33
2.10.4 Postbióticos.....	33
2.10.5 Trasplante de microbiota fecal (TMF)	33
CAPITULO III	35
METODOLOGÍA	35
3.1. Tipo de Investigación	35
3.2. Pregunta de Investigación	35
3.3. Métodos de recolección de Datos	36
3.4. Selección de datos de los artículos preseleccionados.....	37
3.5. Criterios de inclusión.....	38
3.6. Criterios de exclusión.....	39
3.7. Registro del Diagrama Prisma	40
CAPÍTULO IV.....	41
RESULTADOS Y DISCUSIÓN.....	41
4.1. Análisis de la frecuencia relativa de principales filos, géneros y especies en la población de estudio.....	41
4.2. Diferencias en la frecuencia relativa de los géneros bacterianos entre ambos grupos de estudio.	46
4.3. Patrones diferenciales que pueden estar asociados con el estado nutricional	50
CAPÍTULO V.....	52
CONCLUSIONES Y RECOMENDACIONES.....	52
5.1. Conclusiones.....	52
5.2. Recomendaciones	52
Referencias	54
ANEXOS.....	59
Anexo A	59
Anexo B	62

Índice de figuras

Figura 3.7-1 Flujograma de Selección de artículos.	40
--	----

Índice de tablas

Tabla 3.3-1 Ecuaciones de búsqueda en la base de datos	36
Tabla 4.1-1 Frecuencia de los principales géneros bacterianos presentes en la microbiota intestinal de pacientes con obesidad y sin obesidad -.....	43
Tabla 4.2-1 Frecuencia relativa de los géneros bacterianos entre ambos grupos de estudio	48
Tabla 4.3-1 Identificación de patrones diferenciales que pueden estar asociados con el estado nutricional.....	51

Índice de anexos

Tabla 5.2-1 Anexo A.....	59
Tabla 5.2-2 – Anexo B.....	62

Dedicatoria

Dedico este trabajo, con todo mi amor, a mi abuelita Carmita (+), quien hoy descansa en paz. Su amor, ternura y ejemplo de vida permanecen vivos en mi corazón. Aunque ya no esté físicamente a mi lado, su presencia me acompañó en cada paso de este camino; sus enseñanzas, su cuidado y su apoyo incondicional fueron una luz que me sostuvo incluso en los momentos más difíciles. Este logro también es suyo.

A mi abuelito Elio, por su apoyo constante, por sus consejos llenos de sabiduría y por motivarme siempre a seguir mis sueños, aun cuando parecieran imposibles. Su confianza en mí y su ejemplo han sido una fuente permanente de fortaleza e inspiración.

A mi mami Yessenia, a quien dedico este trabajo con todo mi amor y gratitud, por su amor incondicional, su fortaleza y su presencia constante en cada etapa de mi vida y de mi formación académica. Por ser mi mejor ejemplo de perseverancia, entrega y amor, y por nunca dejarme sola en este camino.

Agradecimiento

En primer lugar, a Jehová Dios, por ser mi guía constante, por brindarme fortaleza, sabiduría y esperanza en cada etapa de este camino académico, incluso en los momentos de mayor dificultad, y por sostenerme siempre de su mano en cada paso que he dado.

A mis padres, Yessenia y Cristian, por ser una fuente inagotable de amor y ánimo que me permitió culminar esta etapa académica, marcada por subidas y bajadas, pero también llena de aprendizajes y experiencias que han contribuido a mi crecimiento personal y profesional. De manera especial, a mi mami Yessi, por ser mi confidente y mi apoyo incondicional en todas mis etapas académicas, por su comprensión, paciencia y acompañamiento constante, los cuales han sido fundamentales para seguir adelante.

A mis abuelos, Carmita (+) y Elio, por ser mis segundos padres, por brindarme siempre su amor, cuidado y apoyo, por estar pendientes de mí y de mi educación, y por acompañarme con su ejemplo, dedicación y cariño a lo largo de este proceso. A mis hermanas, Paula y Monserrath, por su apoyo, comprensión y cariño incondicional, que han sido un pilar importante en mi vida.

A mis tíos, Elio Andrés y Gabriela, por sus muestras de afecto y palabras de aliento a lo largo de mi formación académica. A mis queridos primos, Elio Alejandro y Richard Andrés, quienes con su inocencia y alegría lograron sacarme más de una sonrisa, incluso en los momentos de mayor dificultad.

A mi tutora de tesis, Dra. Zulma Zamora, por su orientación académica, acompañamiento metodológico y valiosos aportes durante el desarrollo del presente trabajo, así como por haber sido también mi docente, transmitiéndome sus enseñanzas, conocimientos y experiencia, los cuales contribuyeron de manera significativa a mi formación profesional y a la culminación de esta investigación. A Wilson, quien se ha convertido en un apoyo incondicional tanto en mi vida personal como en mi trayecto académico, por su comprensión, aliento y motivación constante.

A mis amigos, por su compañía, apoyo y palabras de ánimo a lo largo de esta etapa universitaria. Agradezco a todas aquellas personas que, de una u otra manera, hicieron posible la realización de este trabajo y me acompañaron a lo largo del camino.

CAPÍTULO I

INTRODUCCIÓN

En la actualidad, las enfermedades crónicas no transmisibles representan uno de los mayores desafíos para los sistemas de salud a nivel mundial, tanto por su creciente prevalencia como por su impacto social, económico y sanitario. Entre estas patologías, la obesidad se ha consolidado como una de las más relevantes debido a su carácter multifactorial, su asociación con múltiples complicaciones metabólicas y su rápida expansión en poblaciones de todas las edades. Según la Organización Mundial de la Salud (OMS), para el año 2022 se registraron alrededor de 890 millones de casos de obesidad, lo que evidencia una tendencia ascendente que afecta de manera particular a países de ingresos medios y bajos, incluida América Latina (OMS, 2025). Además, la enfermedad ya no se limita al ámbito adulto: niños, niñas y adolescentes han pasado a constituir un seno de los grupos de mayor vulnerabilidad, alcanzando en la región tasas cercanas al 30% (Shamah-Levy et al., 2023).

Tradicionalmente, la obesidad se ha explicado a partir del desequilibrio entre la ingesta y el gasto energético, influido por factores genéticos, ambientales, conductuales y socioeconómicos. Sin embargo, la biomedicina contemporánea ha ampliado esta visión al reconocer el papel decisivo del microbioma intestinal en la regulación del metabolismo y en el desarrollo de trastornos metabólicos. La microbiota, entendida como la comunidad de microorganismos que habita el tracto gastrointestinal, ha pasado de concebirse como un elemento pasivo a ser considerada un órgano funcional indispensable para la homeostasis del huésped. Su repertorio génico, que supera ampliamente al genoma humano, le confiere la capacidad de influir en procesos tan diversos como la digestión, la producción de metabolitos bioactivos, la modulación inmunológica y la comunicación neuroendocrina (Pedroza Matute & Iyavoo, 2023).

El avance de tecnologías moleculares, como la secuenciación del gen 16S rRNA y la metagenómica, ha permitido identificar miles de especies bacterianas previamente desconocidas, redefiniendo la comprensión del ecosistema intestinal. Se ha determinado que la densidad microbiana varía a lo largo del tracto digestivo: mientras el estómago y el intestino delgado presentan una menor concentración debido a la acidez gástrica y la acción de la bilis, el colon alberga la mayor diversidad microbiana, con hasta 10^{12} microorganismos por gramo de contenido (Di Vincenzo et al., 2024). Este complejo sistema simbiótico, que se establece desde los primeros días de vida, influye de manera directa en la capacidad del organismo

para extraer energía de la dieta, regular la inflamación sistémica y mantener la integridad de la barrera intestinal.

En este contexto, una alteración en la composición y función de la microbiota denominada disbiosis se ha asociado con diversas patologías metabólicas, entre ellas obesidad, diabetes mellitus tipo 2, enfermedades cardiovasculares y procesos inflamatorios crónicos (Bacardi Sarmiento, 2022; Garza-Velasco et al., 2021). Estudios recientes han identificado diferencias significativas entre los perfiles microbianos de personas con obesidad y aquellos con normopeso, lo cual sugiere que determinados géneros bacterianos podrían desempeñar un papel clave en la etiopatogénesis de esta enfermedad. Por ejemplo, Fontané et al. (2018) destacan que un aumento relativo de bacterias gramnegativas como ciertos Bacteroidetes, actinobacterias y proteobacterias puede incrementar la permeabilidad intestinal y favorecer la translocación de lipopolisacáridos (LPS), desencadenando un estado inflamatorio que contribuye a la resistencia a la insulina. Del mismo modo, un predominio de Firmicutes ha sido asociado con una mayor capacidad para fermentar carbohidratos no digeribles, produciendo metabolitos que favorecen el almacenamiento de triglicéridos en el tejido adiposo mediante la disminución del factor adiposo inducido por ayuno (FIAF).

El creciente interés por esta relación ha impulsado numerosos estudios que buscan caracterizar la microbiota intestinal en diferentes poblaciones. En América Latina, investigaciones recientes como las reportadas en el South American Microbiome Archive (saMBA, 2025) han puesto en evidencia particularidades microbianas vinculadas a patrones dietéticos, estilos de vida y factores ambientales propios de la región. No obstante, persisten vacíos en la literatura respecto a la frecuencia y abundancia de los géneros bacterianos más representativos en individuos con y sin obesidad, lo que limita la comprensión integral de su papel en la fisiopatología de la enfermedad. Autores como Lozada & Toapanta (2024) subrayan que estas diferencias microbianas aún no están suficientemente sistematizadas, lo que justifica la necesidad de estudios comparativos que permitan establecer perfiles microbianos característicos de cada grupo.

Frente a este escenario, el presente trabajo de titulación propone realizar una revisión sistemática orientada a identificar de qué manera difieren la composición, diversidad y funcionalidad de la microbiota intestinal entre personas adultas obesas y no obesas de poblaciones de América, y cómo se relacionan estas variaciones microbianas con procesos bioquímicos y metabólicos asociados a la obesidad. Este análisis es relevante por varias razones:

En primer lugar, permitirá integrar la evidencia científica disponible, aportando una visión actualizada y rigurosa de los perfiles microbianos asociados a la obesidad;

En segundo lugar, contribuirá al diseño de estrategias de prevención y tratamiento más precisas, basadas en la modulación del microbioma mediante probióticos, prebióticos, simbióticos, cambios dietéticos e intervenciones emergentes; y

En tercer lugar, fomentará la generación de nuevas líneas de investigación orientadas hacia abordajes personalizados según las características microbianas de cada individuo o población.

En síntesis, comprender el papel de la microbiota intestinal en la obesidad constituye un paso fundamental para avanzar hacia un enfoque más integrador y biológicamente fundamentado del metabolismo humano. La identificación de patrones microbianos diferenciales entre individuos con y sin obesidad no solo amplía el entendimiento de los mecanismos fisiopatológicos involucrados, sino que también abre oportunidades para el desarrollo de terapias innovadoras que contribuyan a enfrentar uno de los problemas de salud más apremiantes de la actualidad.

Objetivos

Objetivo general:

Analizar la frecuencia de los principales géneros bacterianos presentes en el microbiota intestinal de pacientes con obesidad y sin obesidad.

Objetivos específicos:

- Comparar las diferencias en la frecuencia relativa de los géneros bacterianos entre ambos grupos de estudio.
- Identificar patrones diferenciales que pueden estar asociados con el estado nutricional.

CAPITULO II

MARCO TEORICO

2.1. Obesidad

La obesidad se ha convertido en uno de los principales problemas de salud pública a nivel mundial, alcanzando proporciones epidémicas en adultos, adolescentes y niños. Según la Organización Mundial de la Salud (OMS), su prevalencia se ha triplicado en las últimas décadas y continúa en ascenso, afectando tanto a países desarrollados como a naciones de ingresos medios y bajos. Este incremento sostenido responde a cambios profundos en los estilos de vida y alimentarios, así como el aumento del consumo de alimentos ultra procesados, y la disminución de la actividad física. Además de su creciente impacto social y económico, la obesidad es reconocida como una enfermedad debido a las alteraciones metabólicas sistémicas que genera y su fuerte asociación con múltiples complicaciones crónicas, lo que la convierte en un desafío prioritario para los sistemas de salud a nivel global (OMS, 2025).

Definición

Se define a la obesidad como una condición clínica crónica caracterizada por un exceso de acumulación de grasa corporal que supera las necesidades fisiológicas y la capacidad de adaptación del organismo, incrementando así la probabilidad de presentar comorbilidades asociadas (Lobato et al., 2021). Este proceso se origina cuando la ingesta energética excede de manera sostenida al gasto energético, produciendo un almacenamiento progresivo de tejido adiposo. Sin embargo, la relevancia de esta condición trasciende la simple acumulación de grasa, ya que constituye una disrupción homeostática a nivel molecular, celular y sistémico, con repercusiones negativas sobre diversos órganos y funciones (Carvajal, 2024; Peña & Medina, 2023). En este sentido, la obesidad se considera un trastorno metabólico complejo en el que convergen factores genéticos, ambientales, hormonales, neuroendocrinos, conductuales y sociales. Este desequilibrio conduce a disfunción del adipocito, inflamación crónica de bajo grado, resistencia a la insulina y alteraciones en el eje intestino-cerebro, mecanismos que explican su papel central en la aparición de patologías como diabetes tipo 2, hipertensión, cáncer y enfermedad cardiovascular (OMS, 2025).

2.2. Epidemiología

Esta condición se ha convertido en un problema de salud pública de magnitud global. La (OMS) estima que más de 1.900 millones de adultos presentan sobrepeso y más de 650 millones son obesos (OMS, 2025). Y no solo representa un exceso de peso corporal, sino

que implica alteraciones metabólicas sistémicas que afectan al sistema cardiovascular, endocrino, inmunológico y hepático (Carvajal, 2024).

A escala mundial, la prevalencia de obesidad se ha triplicado desde 1975, afectando actualmente a todas las edades y grupos socioeconómicos. En niños y adolescentes, se observa un incremento alarmante: más de 340 millones entre 5 y 19 años presentan sobrepeso u obesidad, y cerca de 39 millones de menores de 5 años ya muestran exceso de peso, lo que anticipa un perfil epidemiológico crítico para las próximas décadas (OMS, 2025). La transición nutricional, caracterizada por el aumento en el consumo de alimentos ultra procesados y la disminución de actividad física, ha impulsado este fenómeno en países de ingresos bajos y medios, donde el crecimiento de la obesidad supera incluso al de países desarrollados.

En términos de morbilidad, la obesidad constituye un factor de riesgo mayor para enfermedades como diabetes mellitus tipo 2, hipertensión arterial, enfermedad coronaria, apnea obstructiva del sueño, enfermedad del hígado graso no alcohólico y diversos tipos de cáncer. De hecho, se estima que alrededor del 44 % de los casos de diabetes tipo 2, el 23 % de las cardiopatías isquémicas y entre el 7 % y el 41 % de ciertos cánceres son atribuibles al exceso de peso (WHO Global Burden of Disease, 2024). Estas asociaciones la posicionan como uno de los principales contribuyentes a la carga global de enfermedad.

En cuanto a la mortalidad, se asocia a un incremento significativo del riesgo de muerte prematura. Estudios epidemiológicos muestran que el exceso de peso es responsable de más de 4 millones de muertes anuales a nivel mundial, principalmente por enfermedades cardiovasculares y metabólicas (GBD, 2024). La OMS advierte que, de mantenerse las tendencias actuales, para 2035 más de la mitad de la población mundial podría presentar sobrepeso u obesidad, profundizando el impacto sobre los sistemas de salud y la calidad de vida global.

2.3. Clasificación

Se puede clasificar mediante diversos criterios que permiten valorar no solo la presencia de exceso de peso, sino también el riesgo metabólico, la distribución de grasa y las complicaciones asociadas. La OMS continúa utilizando el Índice de Masa Corporal (IMC) como método estándar para la clasificación poblacional; aunque, en la práctica clínica se complementa con indicadores de adiposidad abdominal y con categorías metabólicas que permiten una evaluación más precisa (OMS, 2025).

Clasificación del Índice de Masa Corporal

La clasificación de la obesidad según el IMC es el criterio antropométrico más empleado a nivel mundial debido a su simplicidad y utilidad poblacional. El IMC se calcula dividiendo el peso en kilogramos entre la talla en metros al cuadrado (kg/m^2), lo que permite categorizar el estado nutricional de la siguiente manera: sobrepeso ($25\text{--}29,9 \text{ kg}/\text{m}^2$), obesidad grado I ($30\text{--}34,9 \text{ kg}/\text{m}^2$), obesidad grado II ($35\text{--}39,9 \text{ kg}/\text{m}^2$) y obesidad grado III o mórbida ($\geq 40 \text{ kg}/\text{m}^2$) (OMS, 2025). No obstante, su interpretación se complementa con medidas de adiposidad abdominal especialmente el perímetro de cintura dado que esta variable se asocia de manera más estrecha con el riesgo cardiometabólico y con la presencia de complicaciones metabólicas relacionadas con la obesidad (OMS, 2025; WHO Expert Consultation, 2024).

Clasificación según la distribución corporal

La distribución del tejido adiposo constituye un determinante fundamental del riesgo metabólico. Considerando la distribución adiposa, se reconocen dos patrones principales de acumulación grasa. El primero es la obesidad androide o central (visceral), caracterizada por el predominio de grasa en la región abdominal y en los compartimentos viscerales. Asociada estrechamente con resistencia a la insulina, inflamación crónica de bajo grado, dislipidemia e hipertensión arterial. Los indicadores antropométricos utilizados para su identificación incluyen un perímetro de cintura ≥ 94 cm en hombres y ≥ 80 cm en mujeres, así como una relación cintura/cadera $\geq 0,90$ en hombres y $\geq 0,85$ en mujeres (OMS, 2025; EASO, 2023).

El segundo patrón corresponde a la obesidad ginecoide o periférica (subcutánea), en la cual la grasa se acumula predominantemente en caderas y muslos. A diferencia de la obesidad central, este fenotipo presenta un menor riesgo cardiometabólico, debido a que el tejido adiposo subcutáneo posee un perfil inflamatorio y endocrino menos nocivo.

Clasificación según el fenotipo metabólico

La evidencia reciente demuestra que el riesgo cardiometabólico puede variar significativamente entre individuos con un mismo índice de masa corporal, lo que ha llevado a distinguir dos fenotipos clínicos dentro de la obesidad: la obesidad metabólicamente sana (OMS o MHO) y la obesidad metabólicamente no sana (OMNS o MUO). El primer fenotipo se caracteriza por la presencia de exceso de adiposidad sin alteraciones metabólicas relevantes, manteniendo niveles normales de glucosa, perfil lipídico y presión arterial, aunque se

reconoce que esta condición suele ser transitoria y que muchos individuos evolucionan hacia un estado de disfunción metabólica con el tiempo (Biomedicines, 2025; Smith et al., 2024). En contraste, la OMNS se define por la coexistencia de obesidad con resistencia a la insulina, dislipidemia, hipertensión y un estado inflamatorio crónico, factores que incrementan de manera sustancial el riesgo de desarrollar diabetes tipo 2, enfermedad cardiovascular e incluso ciertos tipos de cáncer (Biomedicines, 2025; ADA, 2024).

Clasificación etiológica de la obesidad

Permite la identificación de sus causas predominantes y orientar de manera más precisa el abordaje clínico, distinguiendo entre formas primarias y secundarias. La obesidad primaria o exógena, que constituye aproximadamente el 85–90 % de los casos, se relaciona principalmente con un desequilibrio energético asociado a hábitos alimentarios inadecuados, sedentarismo y factores ambientales que favorecen la acumulación progresiva de tejido adiposo (OMS, 2025). En contraste, la obesidad secundaria se origina a partir de condiciones médicas específicas, entre ellas trastornos endocrinos como el hipotiroidismo, el síndrome de Cushing o el hipogonadismo; enfermedades genéticas o sindrómicas, como el síndrome de Prader–Willi, las alteraciones en la señalización de la leptina y situaciones inducidas por determinados fármacos, incluidos glucocorticoides, antipsicóticos y anticonvulsivantes, los cuales alteran el metabolismo y promueven el aumento de peso (NHLBI, 2024).

2.4. Impacto de la Obesidad

La obesidad constituye uno de los mayores desafíos sanitarios, sociales y económicos del siglo XXI debido a su impacto multisistémico y su creciente prevalencia en todas las regiones del mundo. La OMS y el *Global Burden of Disease*, la identifican como un factor determinante en la expansión de las enfermedades no transmisibles, situándose entre las principales causas de morbilidad y mortalidad evitables. Se estima que el exceso de peso contribuye a más de cuatro millones de muertes cada año, particularmente asociadas a complicaciones cardiovasculares y metabólicas, lo que evidencia la magnitud de su repercusión sobre la salud pública global (OMS, 2025), (GBD, 2024).

Este impacto se explica en gran medida por las profundas alteraciones fisiopatológicas que induce en el organismo. El exceso de tejido adiposo, especialmente el adiposo visceral, genera resistencia a la insulina, dislipidemia, hiperglucemia e inflamación sistémica de bajo grado, creando un entorno metabólico disfuncional que favorece la aparición de enfermedades crónicas (Carvajal, 2024; ADA, 2024). Este estado metabólico alterado compromete la homeostasis endocrina y hormonal, afectando la secreción de adipocinas, el

funcionamiento tiroideo, la acción de la insulina y el eje hipotálamo–hipófisis–gonadal. Como consecuencia, la obesidad se asocia a infertilidad, irregularidades menstruales, síndrome de ovario poliquístico e hipogonadismo, entre otras alteraciones hormonales documentadas (NIH, 2024).

A nivel clínico, la obesidad incrementa de forma significativa el riesgo de múltiples enfermedades crónicas. Aproximadamente el 23 % de las cardiopatías isquémicas, el 44 % de los casos de diabetes mellitus tipo 2 y entre el 7 % y el 41 % de varios tipos de cáncer se atribuyen directamente al exceso de peso (OMS, 2025; IARC, 2024). Además, favorece el desarrollo de esteatosis hepática no alcohólica, apnea obstructiva del sueño, hipertensión arterial, enfermedad renal crónica, osteoartritis y diversas patologías respiratorias, conformando un perfil clínico caracterizado por una elevada comorbilidad. Estas asociaciones explican el aumento de los años de vida perdidos por discapacidad y la disminución de la calidad de vida reportada por numerosos estudios epidemiológicos recientes (GBD, 2024).

No se limita solamente al ámbito biológico, sino que también abarca consecuencias psicológicas y sociales de considerable relevancia. El estigma asociado al peso, la discriminación social y la insatisfacción corporal incrementan el riesgo de ansiedad, depresión y deterioro del bienestar emocional. En poblaciones vulnerables, especialmente mujeres, adolescentes y personas con antecedentes de marginalidad social, la obesidad actúa como un factor que profundiza desigualdades existentes, interfiriendo en oportunidades educativas, laborales y de interacción social (Puhl & Suh, 2023; WHO, 2024). La evidencia demuestra que el estigma del peso constituye un determinante significativo de la reducción de la calidad de vida, incluso independiente del IMC.

Desde el punto de vista económico, representa uno de los mayores gastos sanitarios asociados a enfermedades crónicas. Los costos directos incluyen hospitalizaciones, cirugías, tratamiento farmacológico y seguimiento médico prolongado para diabetes, hipertensión y dislipidemias. A esto se suman los costos indirectos derivados del ausentismo laboral, la pérdida de productividad, la jubilación temprana por discapacidad y la mortalidad prematura. La Organización para la Cooperación y el Desarrollo Económicos (OECD, 2023) estima que la obesidad consume entre el 2 % y el 3 % del presupuesto sanitario de numerosos países, pudiendo superar esa cifra al considerar los costos indirectos y sociales.

2.5. Diagnóstico y Evaluación antropométrica

El diagnóstico de la obesidad exige una evaluación integral que combine indicadores antropométricos, parámetros metabólicos y hallazgos clínicos, con el propósito de determinar no solo la magnitud del exceso adiposo, sino también su repercusión sobre la salud metabólica. Pues el abordaje diagnóstico moderno se sustenta en una valoración multidimensional que incorpora medidas de adiposidad central, composición corporal y biomarcadores específicos.

En la evaluación antropométrica, el IMC sigue siendo un indicador ampliamente utilizado, dado que permite clasificar el estado ponderal de manera rápida y estandarizada, complementándose con otros marcadores que refinan la valoración clínica. Sin embargo, su limitación principal radica en que no distingue entre masa grasa y masa magra, ni evalúa la localización del tejido adiposo, un aspecto fundamental dado que la grasa visceral es la que se asocia en mayor medida a resistencia a la insulina, inflamación y riesgo cardiovascular. En este contexto, mediciones complementarias como el perímetro de cintura (PC) y el índice cintura/talla (ICT) adquieren un papel central. Ambos parámetros muestran una fuerte correlación con la adiposidad visceral y predicen de forma más precisa el riesgo metabólico. Según las guías de la OMS, un PC superior a 88 cm en mujeres y 102 cm en hombres indica un riesgo incrementado; no obstante, en poblaciones latinoamericanas y asiáticas se han propuesto puntos de corte más bajos debido a su mayor susceptibilidad metabólica ante menores niveles de adiposidad (Peña & Medina, 2023; *Nutrients*, 2025).

Esta evaluación puede complementarse con métodos instrumentales que permiten una valoración más detallada de la composición corporal. La bioimpedancia eléctrica (BIA) constituye una herramienta accesible para estimar el porcentaje de grasa corporal, mientras que la medición de composición corporal mediante densitometría (DEXA), es considerada el patrón de oro por su precisión en la diferenciación de masa grasa, masa magra y densidad mineral ósea. Técnicas como la plicometría, que se basa en estimar el porcentaje de grasa corporal mediante la medición del grosor de pliegues cutáneos en puntos específicos del cuerpo. Aunque son útiles en estudios epidemiológicos y de campo, presentan menor exactitud y dependen en gran medida de la habilidad del evaluador (Lobato et al., 2021).

Desde el punto de vista metabólico, la evaluación diagnóstica debe incorporar un conjunto de biomarcadores clave del síndrome metabólico, iniciando por los parámetros glucémicos básicos, como la glucosa basal, la hemoglobina glicosilada (HbA1c) y los niveles de insulina, los cuales permiten estimar la sensibilidad a la insulina mediante índices como el HOMA-IR.

También, es indispensable evaluar el perfil lipídico completo, que incluye triglicéridos, colesterol total, colesterol HDL y LDL, dada su estrecha relación con el riesgo cardiovascular.

Como complemento se debe considerar marcadores inflamatorios y daño sistémico, como proteína C reactiva, así como la presión arterial, por su importancia en la identificación de algunos estados proinflamatorios y cardiovasculares asociados a la obesidad. En algunos casos se puede incluir hormonas metabólicas (leptina, adiponectina) y hormonas tiroideas, así como , proteínas plasmáticas implicadas en el metabolismo energético

De manera complementaria, deben considerarse marcadores de inflamación y daño sistémico, como la proteína C reactiva, así como la presión arterial, por su relevancia en la identificación de estados proinflamatorios y cardiovasculares asociados a la obesidad. En casos específicos, también se pueden incluir hormonas metabólicas (como leptina, adiponectina) Ouchi et al., 2011., y hormonas tiroideas, proteínas plasmáticas implicadas en el metabolismo energético y, en contextos avanzados de evaluación, indicadores derivados de la microbiota intestinal, que permiten explorar su contribución en la disfunción metabólica.

La integración de estos parámetros permite distinguir con precisión entre obesidad metabólicamente sana y obesidad metabólicamente no sana, distinción con implicaciones clínicas y pronósticas relevantes, dado que predice la progresión hacia diabetes tipo 2, enfermedad cardiovascular o hígado graso (Carvajal, 2024). Por lo tanto, el diagnóstico de la obesidad debe ir más allá de la cuantificación del peso corporal e integrar una visión amplia que considere la distribución del tejido adiposo, la presencia de disfunción metabólica y la influencia de factores microbiológicos. Este enfoque multidimensional permite comprender la obesidad como un proceso biológico complejo y multifactorial, mejorando la precisión diagnóstica y orientando estrategias terapéuticas personalizadas.

2.6. Microbiota

El estudio de la microbiota humana ha cobrado una relevancia ascendente dentro de la ciencia biomédica contemporánea, al reconocerse que los microorganismos que habitan el cuerpo desempeñan funciones fundamentales para la homeostasis, la inmunidad y el metabolismo. Aunque la atención científica hacia este campo se ha intensificado recientemente gracias a los avances en secuenciación genética y metagenómica, sus raíces históricas se remontan al siglo XIX. En esta época, investigadores como Louis Pasteur y Élie Metchnikoff describieron por primera vez la presencia de bacterias intestinales y sugirieron que su equilibrio influía de manera determinante en la salud del huésped. Metchnikoff, pionero

de la inmunología moderna, propuso que la longevidad estaba asociada a una flora intestinal equilibrada y fue el primero en plantear el uso de bacterias lácticas con fines terapéuticos, sentando las bases conceptuales de los probióticos actuales (Zeng et al., 2025). En la actualidad, la microbiota es entendida como un componente integral del organismo humano, indispensable para procesos como la digestión, la modulación inmunológica y la protección frente a patógenos, por lo que su estudio constituye una piedra angular en el análisis de diversas enfermedades crónicas y metabólicas.

2.6.1 Definición

El término *microbiota* se refiere al conjunto de microorganismos que habitan de manera estable o transitoria sobre las diferentes superficies del cuerpo humano. Esta comunidad está compuesta por bacterias, arqueas, virus, hongos y protozoos, cuya distribución varía según el nicho anatómico, encontrándose en regiones como la piel, la cavidad oral, el tracto respiratorio y, de manera especialmente abundante, el sistema gastrointestinal. Se trata de un ecosistema dinámico que mantiene una relación simbiótica con el huésped, contribuyendo a funciones fisiológicas esenciales. Se estima que los microorganismos que conforman la microbiota superan en número a las células humanas en una proporción aproximada de 1,3:1 y representan alrededor del 2 % del peso corporal total, lo que evidencia su relevancia estructural y funcional dentro de la fisiología humana (Giménez et al., 2023). Su equilibrio es determinante para la salud, mientras que su alteración —proceso conocido como disbiosis— se asocia a un amplio espectro de enfermedades inflamatorias, metabólicas, inmunológicas y gastrointestinales.

2.6.2 Composición

Constituye una de las comunidades microbianas más densas y diversas del organismo humano, albergando miles de especies que interactúan entre sí y con el huésped para mantener funciones metabólicas, inmunológicas y estructurales esenciales. Aunque su composición presenta variaciones interindividuales influenciadas por factores genéticos, ambientales y dietéticos, se ha identificado un conjunto de filos bacterianos predominantes que conforman el núcleo microbiano característico del intestino humano adulto. Este núcleo funcional es fundamental para la homeostasis intestinal y su alteración se ha asociado con múltiples trastornos metabólicos y enfermedades crónicas.

En términos filogenéticos, está dominada principalmente por cinco grandes filos. El filo de los Firmicutes, que pueden representar entre el 60 % y el 80 % de la comunidad microbiana, incluyen géneros funcionalmente relevantes como *Clostridium*, *Lactobacillus* y

Faecalibacterium, este último reconocido por su capacidad antiinflamatoria mediada por la producción de butirato. El siguiente filo de los Bacteroidetes, presentes entre el 20 % y el 40 %, agrupan especies como *Bacteroides* y *Prevotella*, asociadas a la degradación de polisacáridos dietéticos complejos. En menor proporción se encuentran las Actinobacteria, representadas principalmente por *Bifidobacterium*, cuya presencia se asocia con beneficios inmunomoduladores; los Verrucomicrobia, donde destaca *Akkermansia muciniphila*, importante para la integridad de la mucosa intestinal; y las Proteobacteria, un filo minoritario en condiciones de salud, pero que incrementa su abundancia en estados de disbiosis (Di Vincenzo et al., 2024; Giménez et al., 2023).

El equilibrio entre estos filos bacterianos es esencial para la estabilidad metabólica del huésped. Particular atención ha recibido el cociente *Firmicutes/Bacteroidetes*, un indicador propuesto para evaluar patrones metabólicos asociados al almacenamiento energético. Diversos estudios señalan que las personas con obesidad presentan un aumento de este cociente, lo que se relaciona con una mayor capacidad para extraer energía de los alimentos y una tendencia al incremento del tejido adiposo (Oberto & Defagó, 2022; Valderrama et al., 2025). Aunque este modelo ha sido matizado por investigaciones recientes que enfatizan la importancia de la funcionalidad microbiana por encima de la simple abundancia relativa, sigue siendo un parámetro relevante en el estudio de la relación entre microbiota y metabolismo.

2.6.3 Factores determinantes

La composición está determinada por una interacción compleja de factores biológicos y ambientales que actúan desde etapas tempranas de la vida y continúan modulando su estructura a lo largo del ciclo vital. Entre los determinantes más influyentes se encuentran los factores genéticos, que condicionan la capacidad del huésped para albergar determinadas especies microbianas mediante la variación en genes relacionados con la inmunidad y el metabolismo de la mucosa intestinal. El modo de nacimiento es igualmente decisivo: los recién nacidos por parto vaginal adquieren una microbiota inicial dominante en *Lactobacillus* y *Bifidobacterium*, mientras que aquellos nacidos por cesárea presentan menor diversidad y una colonización temprana más similar a la microbiota cutánea. La lactancia materna, gracias a su riqueza en oligosacáridos prebióticos, favorece específicamente el crecimiento de *Bifidobacterium* y contribuye al establecimiento de una comunidad microbiana saludable durante los primeros meses de vida (Giménez et al., 2023). Entre los factores extrínsecos, la dieta constituye el modulador más importante y dinámico: mientras las dietas ricas en fibra, frutas, vegetales y alimentos fermentados promueven bacterias fermentadoras beneficiosas, los patrones occidentales altos en grasas saturadas, azúcares refinados y ultraprocesados

se asocian con menor diversidad y mayor riesgo de disbiosis. El uso de antibióticos, especialmente los de amplio espectro, puede alterar de forma drástica y prolongada la estructura microbiana, disminuyendo su diversidad y comprometiendo su funcionalidad. Asimismo, la edad y el estado de salud modulan de forma significativa la microbiota, que alcanza su mayor estabilidad en adultos jóvenes, pero que en la vejez tiende a perder diversidad y a incrementar la presencia de microorganismos oportunistas, lo que puede contribuir a fragilidad e inflamación sistémica. En conjunto, estos determinantes intrínsecos y extrínsecos configuran un ecosistema microbiano dinámico cuyo equilibrio es esencial para la homeostasis del huésped, y cuya alteración se ha relacionado estrechamente con el desarrollo de enfermedades metabólicas como la obesidad.

2.6.4 Funciones Fisiológicas de la Microbiota Intestinal

La microbiota intestinal cumple un conjunto de funciones esenciales para el mantenimiento de la homeostasis del organismo, participa de manera directa en la digestión, la protección del epitelio intestinal, la maduración del sistema inmunológico y la defensa frente a patógenos. Estas funciones se desarrollan en estrecha interacción con las células del epitelio intestinal y los componentes del sistema inmune asociado al intestino (GALT), constituyendo un eje fundamental para el equilibrio fisiológico del huésped.

Una de las funciones más relevantes es la digestión y fermentación de compuestos no digeribles, particularmente polisacáridos y fibras dietéticas que no pueden ser procesados por las enzimas humanas. A través de esta actividad fermentativa, la microbiota genera ácidos grasos de cadena corta (AGCC) como acetato, propionato y butirato, que representan una importante fuente de energía para los colonocitos y contribuyen al adecuado funcionamiento del intestino grueso. Esta capacidad fermentativa no solo favorece el aprovechamiento energético de la dieta, sino que también influye en la regulación del tránsito intestinal y en la producción de metabolitos clave para la salud digestiva (Garza-Velasco et al., 2021).

La microbiota intestinal juega un papel importante en la síntesis de vitaminas indispensables para el metabolismo humano. Entre las más relevantes se encuentran las vitaminas del complejo B (B1, B2, B6, B9 y B12) y la vitamina K, necesarias para procesos como la producción de energía, la síntesis de neurotransmisores y la coagulación sanguínea. La presencia de bacterias comensales productoras de estas vitaminas contribuye a mantener un estado nutricional adecuado y complementa la obtención de micronutrientes a partir de la dieta (Condori Huanca & Rodríguez Andrade, 2023).

Dentro de su rol inmunológico, la microbiota participa activamente en la modulación del sistema inmune, especialmente en los primeros años de vida, favoreciendo la maduración de células inmunitarias como linfocitos T y B, estimula la producción de inmunoglobulina A secretora (IgA) y regula el equilibrio entre respuestas inflamatorias y antiinflamatorias. Este proceso contribuye al mantenimiento de la tolerancia inmunológica y a la prevención de respuestas exacerbadas frente a antígenos ambientales o alimentarios (Condori Huanca & Rodríguez Andrade, 2023).

También desempeña un papel decisivo en la protección contra patógenos. Su presencia establece un mecanismo de exclusión competitiva que limita la colonización de microorganismos potencialmente dañinos. Lo logra mediante la ocupación de nichos ecológicos, el consumo de nutrientes disponibles y la producción de sustancias antimicrobianas que inhiben el crecimiento de agentes patógenos. Esta barrera biológica constituye una de las primeras líneas de defensa del organismo frente a infecciones entéricas (Garza-Velasco et al., 2021).

Asimismo, contribuye al mantenimiento de la integridad de la barrera epitelial, favoreciendo la producción de mucinas y fortaleciendo las uniones intercelulares. Estas funciones colaboran en limitar la permeabilidad intestinal y en impedir el paso de toxinas, antígenos o microorganismos hacia la circulación sistémica, preservando así la estabilidad inmunológica y metabólica del huésped (Giménez et al., 2023).

Finalmente, interviene en la regulación de procesos metabólicos sistémicos, al influir sobre la metabolización de lípidos, carbohidratos y compuestos xenobióticos. Aunque estos mecanismos involucran rutas bioquímicas específicas, desde un punto de vista fisiológico permiten mantener un metabolismo equilibrado, facilitar la desintoxicación hepática y contribuir al aprovechamiento adecuado de nutrientes (López et al., 2021).

2.6.5 Mecanismos Bioquímicos

Los mecanismos mediante los cuales la microbiota influye en la fisiología del huésped abarcan procesos de fermentación, señalización molecular, regulación inmunometabólica y comunicación sistémica. Estos mecanismos operan a través de metabolitos derivados de la actividad microbiana, la interacción con receptores específicos y la modulación de rutas de señalización clave.

Uno de los más relevantes es la producción de ácidos grasos de cadena corta (AGCC), generados a partir de la fermentación de fibras dietéticas y polisacáridos complejos. El

acetato, propionato y butirato actúan como moléculas señalizadoras al unirse a receptores acoplados a proteína G (GPCR) como GPR41 y GPR43, desencadenando efectos sistémicos que incluyen la regulación del metabolismo energético, la liberación de hormonas intestinales y la modulación de la inflamación. En particular, el butirato ejerce efectos epigenéticos mediante la inhibición de histonas desacetilasas (HDAC), lo que favorece la expresión de genes asociados a la integridad epitelial y la respuesta antiinflamatoria (Di Vincenzo et al., 2024).

La modulación del sistema inmunitario juega un papel fundamental en los procesos bioquímicos mediante patrones moleculares asociados a microbios (MAMPs), como lipopolisacáridos (LPS), peptidoglucanos, flagelina y ácidos lipoteicoicos. Estas moléculas interactúan con receptores de reconocimiento de patrones (PRRs), especialmente los receptores tipo Toll (TLRs) y NOD-like, activando rutas de señalización que regulan la producción de citocinas y la diferenciación de células inmunitarias. Esta interacción permite desarrollar tolerancia inmunológica hacia bacterias comensales y una respuesta eficiente frente a patógenos (Condori Huanca & Rodríguez Andrade, 2023).

También regula la homeostasis metabólica a través de la producción de metabolitos secundarios, entre los que se encuentran los derivados del triptófano (como indoles), los ácidos biliares modificados y las aminas biogénicas. Los indoles activan el receptor de aril-hidrocarburos (AhR), un regulador clave de la respuesta inmunológica y de la integridad mucosa. Por su parte, las bacterias intestinales transforman los ácidos biliares primarios en ácidos biliares secundarios, los cuales actúan sobre receptores como FXR y TGR5, modulando la secreción de incretinas, la sensibilidad a la insulina y el metabolismo lipídico (López et al., 2021).

Asimismo, la microbiota interviene en la regulación de la permeabilidad intestinal, donde metabolitos bacterianos y componentes estructurales microbianos estimulan la expresión de proteínas de unión estrecha (tight junctions). Microorganismos como *Akkermansia muciniphila* interactúan con glicoproteínas de la mucosa y activan vías que refuerzan la barrera epitelial, reduciendo el paso de endotoxinas hacia la circulación sistémica y, con ello, la inflamación de bajo grado asociada a patologías metabólicas (Giménez et al., 2023).

También tiene participación en mecanismos de neurotransmisión y señalización neuroendocrina, que integran el eje intestino–cerebro. Diversas bacterias sintetizan o modulan la producción de neurotransmisores como serotonina, ácido γ -aminobutírico (GABA) y dopamina, o bien influyen en su disponibilidad mediante la producción de metabolitos que

estimulan receptores vagales o modulan la liberación de péptidos neuromoduladores en el epitelio intestinal. Estos procesos impactan la conducta alimentaria, la regulación del estrés y la modulación de respuestas emocionales (Giménez et al., 2023).

Finalmente, un mecanismo emergente es la interacción epigenética microbio–huésped, donde metabolitos microbianos alteran la metilación del ADN, la acetilación de histonas y la expresión de microARNs.

2.7. Equilibrio Dinámico de la Microbiota – Eubiosis

El equilibrio dinámico de las comunidades microbianas que conforman la microbiota intestinal, denominado eubiosis, resulta indispensable para el mantenimiento de la salud, ya que garantiza la coexistencia funcional entre microorganismos beneficiosos y la integridad del entorno intestinal. Este estado se caracteriza por una alta diversidad microbiana, abundancia de especies comensales protectoras y una actividad metabólica eficiente. Cuando este equilibrio se ve alterado por factores como el uso indiscriminado de antibióticos, dietas hipercalóricas y pobres en fibra, estrés crónico, envejecimiento o infecciones, se produce disbiosis, un estado asociado a la disminución de diversidad, pérdida de funciones metabólicas y proliferación de patógenos oportunistas (Di Vincenzo et al., 2024). Por lo tanto, funciona como un verdadero órgano metabólico capaz de modular procesos bioquímicos esenciales: los metabolitos que produce, en particular los ácidos grasos de cadena corta (AGCC), contribuyen al mantenimiento del pH intestinal, fortalecen la integridad de la mucosa mediante la estimulación de proteínas de unión estrecha y actúan como señales químicas que coordinan la comunicación entre el intestino, el sistema inmunológico y el sistema endocrino. Además, se reconoce que actúa como un órgano endocrino difuso, al participar en la secreción de hormonas como GLP-1 y PYY, que regulan el apetito, la saciedad y la sensibilidad a la insulina, influyendo de manera directa en el metabolismo energético (López et al., 2021). De esta manera, la eubiosis no solo refleja un equilibrio ecológico, sino también un estado funcional óptimo que permite el adecuado funcionamiento de rutas metabólicas, inmunológicas y neuroendocrinas, cuya alteración se asocia con enfermedades inflamatorias, metabólicas y trastornos del eje intestino-cerebro.

2.7.1 Eubiosis en poblaciones Sanas vs Obesas

En condiciones de salud, el ecosistema microbiano del intestino mantiene un estado de eubiosis, caracterizado por una alta diversidad, estabilidad funcional y predominio de especies comensales con efectos antiinflamatorios y metabólicamente protectores. En individuos sanos, se observa una abundancia equilibrada de filos como *Firmicutes*,

Bacteroidetes, *Actinobacteria* y *Verrucomicrobia*, destacando especies clave como *Faecalibacterium prausnitzii* y *Akkermansia muciniphila*, ambas asociadas a la producción de metabolitos beneficiosos y al mantenimiento de la integridad epitelial (Giménez et al., 2023; Derrien & van Hylckama Vlieg, 2022). Este perfil favorece la síntesis adecuada de ácidos grasos de cadena corta (AGCC), una modulación eficaz del sistema inmunológico y un equilibrio metabólico entre procesos anabólicos y catabólicos esenciales para la homeostasis.

En contraste, en la obesidad predomina un estado de disbiosis, marcado por una menor diversidad, alteraciones en la proporción relativa de los principales filos y una reducción de especies consideradas protectoras. Diversas investigaciones han documentado un aumento del cociente *Firmicutes/Bacteroidetes*, así como una disminución significativa de *Akkermansia muciniphila* y *Faecalibacterium prausnitzii*, cuya ausencia se asocia con inflamación crónica de bajo grado, mayor permeabilidad intestinal y disfunción metabólica (Valderrama et al., 2025; Oberto & Defagó, 2022). También se ha registrado un incremento de *Proteobacteria*, considerado un marcador de estrés intestinal, y de bacterias productoras de endotoxinas como el lipopolisacárido (LPS), que contribuye a la resistencia a la insulina y a la inflamación sistémica (Cani et al., 2021).

Estudios metagenómicos han demostrado también que el ecosistema microbiano de personas con obesidad presenta una menor diversidad funcional, evidenciada por la pérdida de genes implicados en la oxidación de ácidos grasos, la síntesis de vitaminas y el metabolismo de carbohidratos complejos. Esta disminución refleja una menor resiliencia y una capacidad reducida para adaptarse a variaciones dietéticas o ambientales, en comparación con el estado eubiótico de individuos sanos (Human Microbiome Project, 2022).

2.7.2 Disbiosis en la obesidad

La disbiosis intestinal se define como una alteración del equilibrio microbiano caracterizada por la reducción de la diversidad, el descenso de bacterias benéficas y el predominio de especies potencialmente patógenas. Este desequilibrio no solo refleja una modificación estructural del ecosistema intestinal, sino que también compromete funciones metabólicas esenciales, convirtiéndose en un factor clave en el desarrollo de obesidad y otras enfermedades crónicas no transmisibles (Bacardi Sarmiento, 2022). Entre los elementos que favorecen este estado destacan el uso prolongado de antibióticos, los hábitos alimentarios hipercalóricos con baja ingesta de fibra, el consumo excesivo de azúcares simples, el estrés sostenido y la exposición a contaminantes ambientales, todos ellos capaces de alterar la composición bacteriana y disminuir la producción de metabolitos protectores como los ácidos grasos de cadena corta (Di Vincenzo et al., 2024).

Asimismo, la disminución de microorganismos considerados protectores, como *Faecalibacterium prausnitzii*, *Akkermansia muciniphila* y *Bifidobacterium adolescentis*, agrava la inflamación y el estrés oxidativo, deteriora la función mitocondrial y favorece el acúmulo de grasa visceral. (López et al., 2021).

2.8. Evidencia de alteraciones en diversidad y abundancia bacteriana

Diversos estudios metagenómicos han demostrado que las personas con obesidad presentan cambios significativos en la composición y la diversidad del ecosistema microbiano intestinal. Uno de los hallazgos más consistentes es la disminución de la diversidad alfa, considerada un indicador de estabilidad y resiliencia ecológica. Una comunidad microbiana menos diversa se asocia con menor capacidad funcional, mayor vulnerabilidad a perturbaciones y un entorno propicio para la inflamación crónica (Human Microbiome Project, 2022).

Además de la reducción global de diversidad, se han identificado alteraciones específicas en la abundancia relativa de los principales filos bacterianos. En individuos con obesidad suele observarse un aumento del cociente *Firmicutes/Bacteroidetes*, patrón vinculado con una mayor eficiencia en la extracción de energía a partir de los alimentos, lo que favorece el excedente calórico y la acumulación de grasa corporal (Oberto & Defagó, 2022; Valderrama et al., 2025). No obstante, investigaciones recientes sugieren que, más allá de esta proporción, lo determinante es la pérdida de funciones metabólicas asociadas a especies concretas dentro de estos grupos.

Un cambio característico es el incremento de *Proteobacteria*, filo considerado un marcador universal de disbiosis y estrés intestinal. Su proliferación se relaciona con mayor presencia de bacterias productoras de lipopolisacáridos (LPS), moléculas que contribuyen a la inflamación sistémica y a la resistencia a la insulina, dos componentes fundamentales en la fisiopatología de la obesidad (Cani et al., 2021).

De forma paralela, múltiples investigaciones han documentado una reducción de especies beneficiosas como *Akkermansia muciniphila*, *Faecalibacterium prausnitzii* y diversas especies de *Bifidobacterium*. La disminución de *Akkermansia* se asocia con deterioro de la integridad de la barrera intestinal, mientras que la pérdida de *Faecalibacterium* implica menor producción de butirato, metabolito esencial para la salud epitelial e inmunometabólica. Asimismo, la reducción de *Bifidobacterium* compromete la capacidad de fermentación de fibras y la inhibición natural de patógenos (Giménez et al., 2023; Di Vincenzo et al., 2024).

2.8.1 Principales géneros implicados en la disbiosis

La disbiosis asociada a la obesidad se caracteriza por la alteración de géneros bacterianos clave que desempeñan funciones esenciales en la regulación metabólica, inmunológica y en el mantenimiento de la integridad intestinal. Entre los géneros más estudiados se encuentra *Akkermansia*, representado principalmente por *Akkermansia muciniphila*, una bacteria mucinolítica vinculada con la preservación de la barrera epitelial y la reducción de la inflamación. Su disminución en personas con obesidad se asocia con mayor permeabilidad intestinal y endotoxemia metabólica (Derrien & van Hylckama Vlieg, 2022). Otro género profundamente afectado es *Faecalibacterium*, especialmente *Faecalibacterium prausnitzii*, uno de los principales productores de butirato; su reducción implica menor capacidad antiinflamatoria y un ambiente intestinal más propenso al estrés oxidativo (Giménez et al., 2023).

Asimismo, se observa una disminución de especies pertenecientes al género *Bifidobacterium*, como *Bifidobacterium adolescentis*, cuya presencia favorece la fermentación de fibras y la inhibición de patógenos. Su pérdida repercute en una menor producción de ácidos grasos de cadena corta y un ambiente intestinal más proinflamatorio (López et al., 2021). En contraste, tienden a incrementarse géneros asociados con perfiles metabólicamente desfavorables, entre ellos *Escherichia* y otros miembros de *Enterobacteriaceae*, caracterizados por su capacidad de producir lipopolisacáridos (LPS), los cuales promueven inflamación de bajo grado y contribuyen a la resistencia a la insulina (Cani et al., 2021). De forma similar, géneros como *Prevotella* pueden proliferar en condiciones de dieta hipercalórica, favoreciendo la degradación de mucina y un estado inflamatorio sostenido.

Dentro de los géneros asociados a la disbiosis incluyen *Clostridium* (ciertos clústeres patógenos), *Ruminococcus* (algunas especies degradadoras excesivas de mucina) y *Bilophila*, cuyo aumento se relaciona con dietas ricas en grasas saturadas y mayor producción de sulfuro de hidrógeno, compuesto perjudicial para la barrera intestinal (Di Vincenzo et al., 2024). Estos cambios, en conjunto, reflejan un desplazamiento desde una comunidad microbiana protectora hacia una dominada por especies que fomentan la inflamación sistémica, la alteración de rutas metabólicas y el desequilibrio energético característico del estado obeso.

2.9. Impacto metabólico de la disbiosis

En el plano metabólico, la disbiosis induce una mayor permeabilidad intestinal que facilita el paso de lipopolisacáridos (LPS) de bacterias gramnegativas hacia la circulación sistémica. Este proceso activa receptores como TLR4 en células inmunitarias y epiteliales, desencadenando una respuesta inflamatoria persistente, caracterizada por el aumento de citocinas proinflamatorias como TNF- α , IL-6 e IL-1 β . Dicho fenómeno, conocido como endotoxemia metabólica, constituye un mecanismo central en la aparición de resistencia a la insulina y en la progresión de la obesidad (Gutierrez & Guangasig, 2024; Oberto & Defagó, 2022). Paralelamente, la alteración del metabolismo de los ácidos biliares —debido a la pérdida de bacterias capaces de transformarlos en sus formas secundarias— interfiere con la activación de los receptores FXR y TGR5, reguladores fundamentales del metabolismo lipídico y glucémico (Leonario & Saavedra, 2022).

2.9.1 Plano bioquímico de la disbiosis

En términos bioquímicos, la disbiosis intestinal genera un conjunto de alteraciones que perturban la homeostasis metabólica y favorecen un entorno inflamatorio característico del estado obeso. Uno de los primeros cambios que se observa es la disrupción de la barrera intestinal, consecuencia de la reducción de microorganismos que promueven la integridad de la mucosa y de la disminución en la expresión de proteínas de unión estrecha, como ocludina y claudinas. Esta debilitación estructural incrementa la permeabilidad del epitelio, permitiendo el paso de lipopolisacáridos (LPS) procedentes de bacterias gramnegativas hacia la circulación sistémica (Cani et al., 2021; Giménez et al., 2023). Una vez en el torrente sanguíneo, los LPS activan los receptores tipo Toll, especialmente TLR4, presentes en células inmunitarias y adipocitos, desencadenando la liberación sostenida de citocinas como TNF- α , IL-6 e IL-1 β . Este proceso, conocido como endotoxemia metabólica, constituye un eje central en la resistencia a la insulina, la inflamación crónica de bajo grado y la progresión de la obesidad (Gutierrez & Guangasig, 2024; Oberto & Defagó, 2022).

De manera paralela, altera de forma significativa el metabolismo de los ácidos biliares, moléculas con funciones metabólicas y señalizadoras clave. En condiciones de equilibrio microbiano, diversas bacterias intestinales transforman los ácidos biliares primarios en secundarios mediante enzimas como la hidroxisteroide deshidrogenasa y la 7 α -deshidroxilasa. Sin embargo, la disminución de estas especies reduce la conversión bacteriana, afectando la activación de los receptores FXR (Farnesoid X Receptor) y TGR5, ambos fundamentales para la regulación de la oxidación de lípidos, la secreción de incretinas y la sensibilidad a la insulina (Leonario & Saavedra, 2022; Chiang & Ferrell, 2020). La

desregulación de estas rutas potencia el desarrollo de dislipidemia, hígado graso no alcohólico y alteraciones en el metabolismo glucémico.

Asimismo, participa en la modificación de la producción de diversos metabolitos microbianos con impacto sistémico. Entre ellos destacan los ácidos grasos de cadena corta (AGCC) butirato, propionato y acetato cuya reducción limita el aporte energético a los colonocitos, disminuye la expresión de genes antiinflamatorios y debilita la función mitocondrial. El butirato, en particular, actúa como modulador epigenético mediante la inhibición de histonas desacetilasas (HDAC), y su disminución contribuye a un microambiente intestinal más inflamatorio (Di Vincenzo et al., 2024; López et al., 2021). De igual forma, la alteración en el metabolismo del triptófano reduce la producción de indoles, ligandos esenciales del receptor AhR (Aryl Hydrocarbon Receptor), cuya activación regula la integridad epitelial y la respuesta inmunitaria. Finalmente, el desequilibrio de aminas biogénicas como la trimetilamina (TMA) incrementa la producción hepática de TMAO, metabolito asociado con mayor riesgo cardiometabólico y resistencia a la insulina (Cho & Caudill, 2022).

2.10. Avances terapéuticos

El creciente reconocimiento del papel determinante que desempeña la microbiota intestinal en la fisiopatología de la obesidad ha impulsado el desarrollo de nuevas estrategias terapéuticas dirigidas a modular su composición y función. A diferencia de los abordajes tradicionales centrados únicamente en la restricción calórica o el aumento del gasto energético, estas intervenciones buscan restaurar la eubiosis intestinal para mejorar la sensibilidad a la insulina, reducir la inflamación sistémica y optimizar el metabolismo energético. Así pues, la modulación del ecosistema microbiano mediante probióticos, prebióticos, simbióticos, postbióticos, dietas personalizadas e incluso trasplantes de microbiota fecal se ha consolidado como un campo emergente y prometedor dentro del tratamiento integral de la obesidad (Cani & Everard, 2023).

2.10.1 Probióticos

Se trata de microorganismos vivos que, administrados en cantidades adecuadas, confieren beneficios a la salud del huésped. En el contexto de la obesidad, su acción se relaciona con la mejora de la integridad intestinal, la reducción de la inflamación sistémica y la modulación del metabolismo lipídico. Cepas como *Lactobacillus rhamnosus* GG, *Bifidobacterium lactis* BB-12, *Lactobacillus gasseri* y *Akkermansia muciniphila* han mostrado efectos positivos en la reducción del peso corporal, la masa grasa y los niveles de colesterol LDL (Oberto & Defagó, 2022; *Antibiotics*, 2024).

2.10.2 Prebióticos

Son compuestos no digeribles, principalmente fibras solubles, que estimulan selectivamente el crecimiento de bacterias beneficiosas. Entre ellos destacan los fructooligosacáridos (FOS), inulina, y galactooligosacáridos (GOS). Su fermentación por la microbiota produce AGCC, especialmente butirato y propionato, los cuales modulan el metabolismo energético y reducen la inflamación intestinal. Diversos ensayos clínicos han demostrado que la suplementación con inulina durante 12 semanas mejora la sensibilidad a la insulina y reduce la grasa visceral en adultos con obesidad (*Frontiers in Microbiology*, 2024).

2.10.3 Simbióticos

Estos combinan probióticos y prebióticos en una formulación sinérgica. Esta estrategia potencia la viabilidad de las cepas administradas y maximiza su efecto sobre la composición microbiana. Estudios recientes muestran que el consumo de simbióticos durante 8 semanas puede disminuir significativamente el IMC, los triglicéridos y la PCR ultrasensible, al mismo tiempo que aumenta la abundancia de *Bifidobacterium* y *Faecalibacterium prausnitzii* (*Biomedicines*, 2025).

2.10.4 Postbióticos

Los postbióticos incluyen metabolitos o componentes celulares derivados de bacterias beneficiosas, como los AGCC, exopolisacáridos o péptidos antimicrobianos. Su administración exógena puede reproducir los efectos benéficos de la microbiota sin introducir microorganismos vivos, lo que representa una alternativa segura para pacientes inmunocomprometidos (Leonario & Saavedra, 2022).

2.10.5 Trasplante de microbiota fecal (TMF)

Finalmente, el TMF se ha posicionado como una intervención experimental con resultados iniciales alentadores. Ensayos clínicos han evidenciado que la transferencia de microbiota de donantes metabólicamente sanos puede mejorar la sensibilidad a la insulina y la respuesta a dietas hipocalóricas en individuos con obesidad, aunque sus efectos parecen depender del grado de colonización alcanzado y del estado metabólico previo del receptor (Kootte et al., 2022). Si bien su uso aún se encuentra en fase de investigación, representa una vía prometedora de intervención directa sobre la estructura microbiana.

A pesar del creciente interés en el TMF como herramienta terapéutica en trastornos metabólicos, esta intervención presenta diversas limitaciones y riesgos que han frenado su

aplicación clínica rutinaria. Uno de los principales inconvenientes es la variabilidad biológica del material donado, ya que la composición microbiana difiere entre individuos y entre distintas donaciones del mismo sujeto, lo que dificulta la estandarización del procedimiento y la predicción de sus efectos terapéuticos (Kootte et al., 2022). Además, la eficacia del TMF puede ser limitada debido a la baja tasa de colonización microbiana estable, especialmente en pacientes con obesidad o síndrome metabólico, cuyo entorno intestinal proinflamatorio dificulta la implantación de las nuevas especies transferidas (Baquero et al., 2021).

Esta limitación se relaciona con el riesgo existente en la transmisión de patógenos o genes de resistencia antimicrobiana, incluso cuando se aplican protocolos estrictos de selección de donantes. Se han documentado casos de infecciones graves asociadas a TMF, lo que llevó a agencias regulatorias como la FDA a emitir advertencias sobre su seguridad (DeFilipp et al., 2019). De la misma manera existe la posibilidad de una inducción de efectos metabólicos no deseados, como alteraciones en el peso o por defecro en las glucemias, puesto que la microbiota previamente transferida tiene la probabilidad de contener perfiles funcionales relacionados con fenotipos obesogénicos, especialmente si el donante no es metabólicamente “ideal” (Alang & Kelly, 2015).

A nivel ético y regulatorio, el TMF enfrenta desafíos importantes. La falta de consenso internacional sobre su clasificación —ya sea como medicamento biológico, tejido humano o terapia avanzada— produce heterogeneidad en los criterios de aplicación y control (Rossi et al., 2022).

CAPITULO III

METODOLOGÍA

3.1. Tipo de Investigación

El presente estudio corresponde a una investigación descriptiva y observacional, fundamentada en la revisión bibliográfica. Su desarrollo incluye la búsqueda, selección y análisis crítico de información científica publicada en bases de datos digitales especializadas. El propósito central es examinar la evidencia disponible acerca de las características de la microbiota intestinal en personas obesas y no obesas, considerando estudios realizados en grupos poblacionales representativos, que han sido sometidos a una investigación de sus hábitos alimenticios y de la disbiosis de su microbiota intestinal. De este modo, la metodología permite integrar conocimientos relevantes, detectar tendencias comunes y fortalecer el marco teórico que fundamenta la relación entre microbiota intestinal y obesidad.

3.2. Pregunta de Investigación

La pregunta de investigación se formuló mediante la estrategia **PICO**, cuyo acrónimo proviene del inglés "*Population, Intervention, Comparison, Outcome*". Esta metodología permite estructurar de manera clara la relación entre la microbiota intestinal y la obesidad, facilitando la búsqueda y el análisis crítico de la literatura científica disponible. A continuación, se describen los componentes considerados:

- **P (Población):** Personas obesas y no obesas pertenecientes a poblaciones de América Latina.
- **I (Intervención / exposición):** Identificación y análisis de la composición y diversidad de la microbiota intestinal, así como de biomarcadores de disbiosis.
- **C (Comparación):** Diferencias en perfiles microbianos, abundancia de géneros bacterianos específicos y alteraciones funcionales entre individuos obesos y no obesos.
- **O (Resultados):** Asociación entre disbiosis intestinal, metabolismo energético, procesos bioquímicos vinculados con obesidad y factores dietéticos que modulan la comunidad microbiana.

Pregunta PICO:

¿De qué manera difieren la composición, diversidad y funcionalidad de la microbiota intestinal entre personas adultas obesas y no obesas de poblaciones de América, y cómo se relacionan

estas variaciones microbianas con procesos bioquímicos y metabólicos asociados a la obesidad?

3.3. Métodos de recolección de Datos

La evidencia científica se obtuvo mediante una revisión sistematizada en bases de datos de alto impacto, entre ellas PubMed, Scopus, SciELO y ScienceDirect, Springer, Taylor & Francis y Google Académico. La estrategia de búsqueda se construyó a partir de la pregunta de investigación definida mediante la metodología **PICO mencionada**, lo que permitió seleccionar términos específicos relacionados con la microbiota intestinal y la obesidad.

Para garantizar la precisión del proceso, se utilizaron palabras clave controladas (MeSH) relacionados con la pregunta pico: Microbiome microbiota intestinal "", "Obesity", "Dysbiosis", Gastrointestinal "Nutritional Status" y "Life Style", complementadas con términos libres como "", "metabolismo" y "estado nutricional". Estas palabras se combinaron mediante operadores booleanos "AND", "OR" y "NOT", generando ecuaciones de búsqueda adaptadas a cada base de datos. Adicionalmente, se integraron términos en inglés relevantes para el análisis, tales como "gut microbiota", "microbial diversity", "intestinal microbiome", "dysbiosis", "bacterial abundance" y "dietary patterns".

Tabla 3.3-1 Ecuaciones de búsqueda en la base de datos

BASE DE DATOS	ECUACIÓN DE BÚSQUEDA
PUBMED	("Gastrointestinal Microbiome" OR <i>gut microbiota</i> OR "intestinal microbiota") AND ("Obesity" OR obesity OR overweight) AND (dysbiosis OR "Dysbiosis") AND ("Nutritional Status" OR "dietary patterns") AND ("Lifestyle") AND (Latin America) NOT (oral microbiota OR skin microbiota)
SCOPUS	("gut microbiota" OR "intestinal microbiota") AND (obesity OR overweight) AND (dysbiosis) AND ("nutritional status") AND ("Latin America") AND ("lean" OR "non-obese")
SCIELO	("microbiota intestinal" OR "gut microbiota") AND (obesidad OR obesity) AND (disbiosis) AND ("estado nutricional") AND ("América Latina")
SCIENCEDIRECT	("gut microbiota" AND obesity AND dysbiosis AND "nutritional status" AND "Latin America")
GOOGLE ACADÉMICO	("microbiota intestinal" AND obesidad AND disbiosis AND "estado nutricional" AND "América Latina")

Autoría Propia

La estrategia permitió registrar e identificar estudios que compararan la microbiota de personas obesas y no obesas pertenecientes a poblaciones de América, priorizando publicaciones de los últimos 10 a 15 años, con diseños observacionales, ensayos clínicos, revisiones sistemáticas o metaanálisis. La selección final se basó en la pertinencia temática, calidad metodológica y disponibilidad de resultados comparables.

3.4. Selección de datos de los artículos preseleccionados

Una vez identificados los estudios a través de la estrategia de búsqueda, se procedió a la selección sistemática de la literatura científica mediante un proceso estructurado y riguroso, orientado a garantizar la pertinencia y calidad metodológica de los artículos incluidos. En esta etapa, la información relevante de cada publicación fue registrada en una matriz de extracción de datos elaborada en Microsoft Excel, diseñada específicamente para organizar y homogeneizar la evidencia recopilada. Dicha matriz incluyó los siguientes campos: título del documento, año de publicación, DOI, URL, fuente, referencia en formato APA, ISSN, editorial, cuartil de la revista, resumen (abstract), palabras clave, país o región de estudio, tipo de datos analizados, número de muestras o participantes, parámetros microbiológicos reportados y conclusiones principales. Esta estructura permitió facilitar la comparación entre estudios y asegurar una sistematización adecuada de la información. (Ver Tabla 0-1).

La selección de los estudios se centró en publicaciones correspondientes a los últimos 10 a 15 años, que presentaran diseños observacionales, ensayos clínicos, revisiones sistemáticas o metaanálisis, y que abordaran de manera directa la composición de la microbiota intestinal, la diversidad bacteriana, los procesos de disbiosis y su relación con indicadores metabólicos en poblaciones obesas y no obesas. Se excluyeron los artículos duplicados, aquellos con información incompleta, así como las investigaciones que no cumplían con los criterios de elegibilidad definidos previamente en la metodología del estudio.

Con el fin de garantizar la fidelidad, trazabilidad y correcta organización de las fuentes científicas, se utilizó el gestor bibliográfico Zotero, herramienta que facilitó la importación de referencias desde las distintas bases de datos, su clasificación temática, la inserción de citas en el cuerpo del texto y la generación automática de la lista de referencias conforme a las normas APA. De manera complementaria, se realizó una lectura evaluativa y crítica de los artículos seleccionados, lo que permitió descartar información irrelevante o inconsistente y conservar únicamente aquellos estudios que aportaron evidencia sólida y pertinente sobre la relación entre disbiosis intestinal y obesidad.

La selección de los artículos incluidos en el presente estudio se llevó a cabo mediante la aplicación rigurosa de los criterios de inclusión y exclusión definidos en la metodología. En una primera fase, se eliminaron los estudios duplicados; posteriormente, se realizó la revisión de títulos y resúmenes de los artículos potencialmente elegibles. Finalmente, se efectuó la lectura a texto completo de aquellos estudios que cumplían con los criterios establecidos, con el objetivo de verificar que contaran con información relevante para el desarrollo de la investigación para continuamente representar toda esta información mediante un diagrama de flujo elaborado conforme a las directrices PRISMA, con el propósito de documentar de manera transparente las fases de identificación, cribado, evaluación de elegibilidad e inclusión final de los estudios, reforzando así el rigor metodológico y la reproducibilidad de la presente revisión bibliográfica.

3.5. Criterios de inclusión

Para garantizar la calidad metodológica y la pertinencia científica del estudio, se establecieron criterios de inclusión que permitieron seleccionar únicamente investigaciones relevantes y con sustento sólido. En primer lugar, se consideraron artículos que pertenecieran a diseños metodológicos reconocidos dentro del ámbito de la investigación biomédica y clínica relacionados al tema a investigar. Entre estos se incluyeron revisiones sistemáticas, metaanálisis, estudios transversales, estudios de casos y controles, estudios de cohortes, ensayos clínicos controlados, así como investigaciones relacionadas con trasplantes de microbiota fecal y estudios longitudinales, entre otros enfoques que aporten evidencia de carácter cuantitativo o mixto. Esta diversidad metodológica permitió abarcar una visión amplia del fenómeno estudiado y, al mismo tiempo, asegurar que los datos analizados provengan de fuentes fiables.

En relación con la población de estudio, se incluyeron investigaciones realizadas en individuos con diagnóstico de obesidad, en las cuales se evalúa la composición, diversidad o función de la microbiota intestinal. Se consideraron también aquellos estudios que, dentro de la caracterización clínica de la población o del análisis de variables metabólicas, incluyeran la presencia de alteraciones asociadas al metabolismo, tales como diabetes mellitus tipo 2, síndrome metabólico o inflamación crónica de bajo grado, siempre que estas condiciones no constituyeran un criterio excluyente ni definieran la selección de los estudios en función de sus resultados.

La información recopilada, se seleccionaron únicamente publicaciones difundidas entre los años 2015 y 2025, periodo que concentra los avances científicos más recientes sobre

obesidad, metabolismo y microbiota, campos que han experimentado un notable crecimiento en la última década. Esta restricción temporal permite trabajar con evidencia actualizada, metodológicamente más robusta y alineada con los enfoques contemporáneos de la investigación biomédica

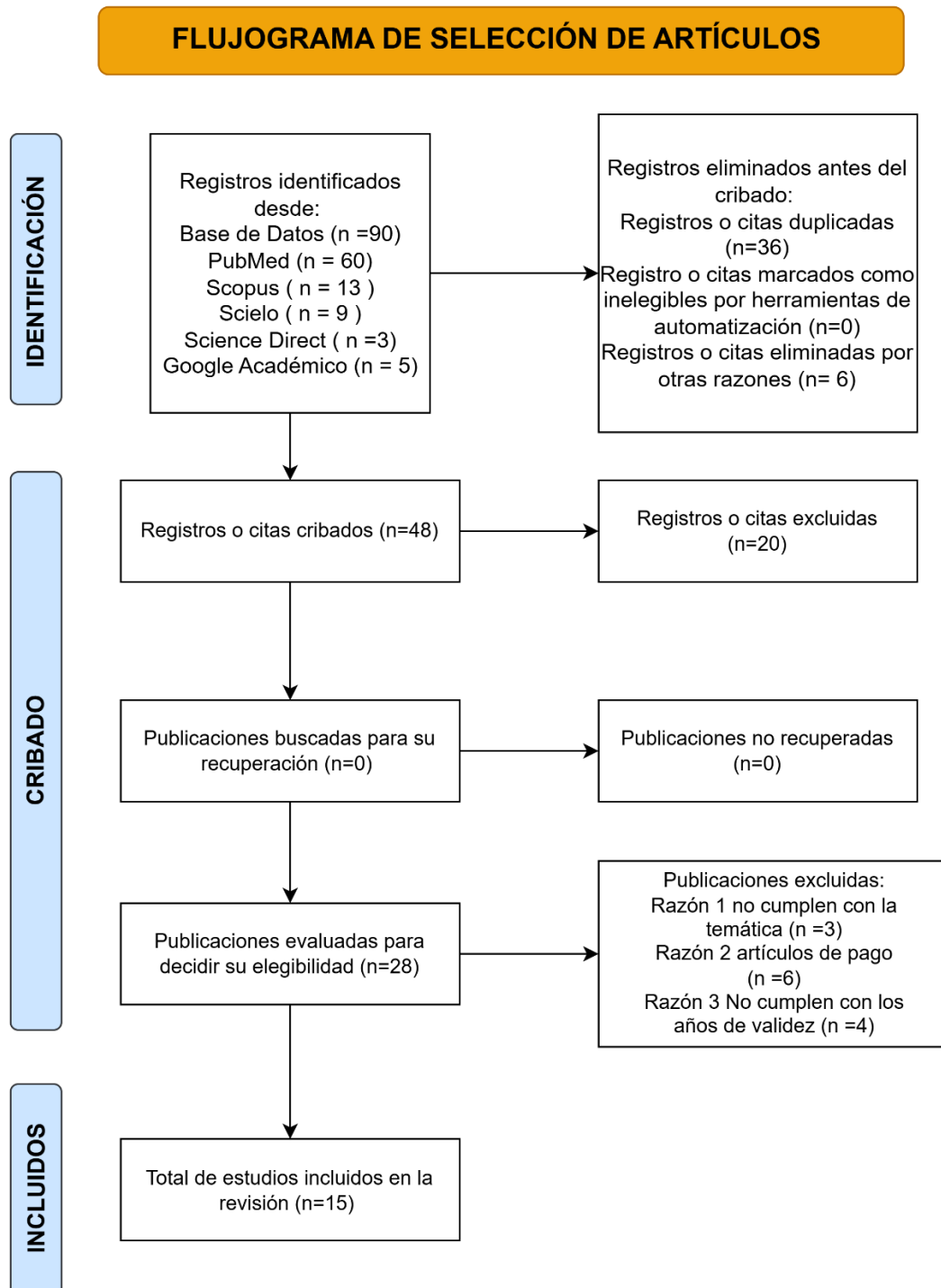
Finalmente, se incluyeron únicamente artículos publicados en idioma inglés y español, por concentrar la mayor parte de la literatura científica relevante y permitir una adecuada evaluación crítica de los estudios seleccionados.

3.6. Criterios de exclusión

Se excluyeron todas aquellas publicaciones que no guardaran relación directa con los objetivos planteados en la investigación, ya sea por abordar poblaciones no pertinentes, por presentar enfoques metodológicos insuficientes o por no aportar datos relevantes para el análisis propuesto. De la misma manera se descartaron estudios cuya información estaba incompleta, esto debido a que la ausencia de información íntegra impide realizar una evaluación crítica adecuada y limita la posibilidad de extraer conclusiones válidas, verificables y reproducibles. Del mismo modo, se excluyeron los artículos que presentaban deficiencias metodológicas evidentes, así como aquellos que no mantenían una relación directa con la pregunta de investigación formulada bajo el enfoque PICO, con el fin de garantizar la rigurosidad, transparencia y validez científica del proceso de revisión bibliográfica.

3.7. Registro del Diagrama Prisma

Figura 3.7-1 Flujograma de Selección de artículos.



Elaboración: Propia

CAPÍTULO IV

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Como resultado del proceso, se revisó de un total de 90 artículos científicos provenientes de bases de datos reconocidas como PubMed, ScienceDirect, SciELO y Google Scholar. De este conjunto, 15 artículos cumplieron con los criterios metodológicos necesarios y aportaron información cuantitativa o tendencias claras sobre la composición de la microbiota intestinal, por lo que fueron incluidos en la matriz de resultados y utilizados para el análisis comparativo entre pacientes con obesidad y sin obesidad.

Los resultados obtenidos se presentan organizados en distintas tablas, guardando estrecha relación con cada uno de los objetivos planteados. En las mismas se describen las diferencias en la frecuencia relativa de los principales filos y géneros bacterianos asociadas al estado de obesidad. Posteriormente, se comparan los cambios en la frecuencia relativa de géneros bacterianos entre ambos grupos de estudio y, finalmente, se identifican patrones dietéticos diferenciales que podrían estar asociados con el estado nutricional y la modulación de la microbiota intestinal.

Esta estructura permite una interpretación integral de los hallazgos y facilita la discusión de los resultados a la luz de la evidencia científica disponible, destacando el papel de la microbiota intestinal como un factor clave en los procesos metabólicos relacionados con la obesidad.

4.1. Análisis de la frecuencia relativa de principales filos, géneros y especies en la población de estudio

El análisis integrado de los estudios incluidos permitió identificar diferencias consistentes en la frecuencia relativa de los principales géneros bacterianos de la microbiota intestinal entre individuos con obesidad y sin obesidad, tanto en población adulta como pediátrica.

En general, los resultados evidencian que la obesidad se asocia con un perfil de disbiosis intestinal, caracterizado por una disminución de géneros considerados metabólicamente protectores y un incremento de taxones vinculados a un estado inflamatorio y a una mayor eficiencia en la extracción energética.

Entre los géneros más relevantes, *Bacteriodes* presentó una mayor frecuencia relativa en personas no obesas con porcentajes que oscilaron entre 20–30 % (ver en la tabla Tabla

4.1-1), patrón consistente tanto en población adulta como pediátrica. Por el contrario, presentó una frecuencia disminuida notablemente en individuos con obesidad con valores aproximados entre 15–20 % (ver en la tabla Tabla 4.1-1), en la misma población de estudio. De manera similar, los géneros *Faecalibacterium* y *Bifidobacterium* presentaron una disminución sistemática en individuos con obesidad, mientras que su mayor presencia se registró en sujetos normopeso. La ausencia de estos géneros contribuye de una manera importante para el desarrollo de un estado de inflamación, característica común en pacientes obesos.

Los resultados obtenidos concuerdan con la evidencia reportada en estudios previos, en los cuales se ha descrito que el género *Bacteroides* presenta una menor abundancia relativa en individuos con obesidad en comparación con sujetos normopeso, tanto en población adulta como pediátrica (Bacardi Sarmiento, 2022; Cani & Everard, 2023). De manera concordante, se ha documentado una disminución de *Faecalibacterium*, particularmente *Faecalibacterium prausnitzii*, así como de *Bifidobacterium* en personas con obesidad, géneros estrechamente relacionados con la producción de ácidos grasos de cadena corta —especialmente butirato— y con la modulación de la respuesta inflamatoria intestinal (Aguilar-Toalá et al., 2021; Cani & Everard, 2023).

En contraste, diversos estudios reportan que en individuos con obesidad se observa una mayor abundancia relativa de géneros pertenecientes al filo Firmicutes, así como de *Prevotella*, *Ruminococcus* y algunos miembros de la familia Enterobacteriaceae, los cuales se han asociado con una mayor capacidad de extracción energética, inflamación metabólica de bajo grado y alteraciones en la homeostasis energética (Alang & Kelly, 2015; Baquero et al., 2021; Biomedicines, 2025). *Prevotella* alcanzó frecuencias relativas entre 15–30 % en adultos obesos, mientras que su presencia fue menor en sujetos sin obesidad, esto debido a que se ha relacionado con dietas ricas en carbohidratos fermentables y con una mayor capacidad de extracción energética, lo que podría favorecer el balance energético positivo y la acumulación de tejido adiposo; mientras que *Ruminococcus* presentó un comportamiento diferencial, observándose una mayor abundancia relativa en individuos obesos con menor riesgo cardiovascular, lo que sugiere un posible rol modulador dentro del contexto metabólico, más allá del estado ponderal aislado.

Tabla 4.1-1 Frecuencia de los principales géneros bacterianos presentes en la microbiota intestinal de pacientes con obesidad y sin obesidad

Nivel	Taxón	Obesidad	No obesidad	Población	Autores / Fuente	Tamaño muestral	Clasificación de obesidad	Interpretación
Filo	Firmicutes	↑ 55–65 %	45–55 %	Adultos	Gao et al., 2022	> 3 000 (metaanálisis)	IMC ≥ 30 kg/m ²	Mayor abundancia asociada a obesidad
Filo	Firmicutes	↑ ~55–60 %	~45–50 %	Adultos	Haro et al., 2018	≈ 300	IMC (OMS)	Incremento progresivo con IMC
Filo	Bacteroidetes	↓ 20–30 %	30–40 %	Adultos	Gao et al., 2022	> 3 000	IMC ≥ 30 kg/m ²	Reducción característica en obesidad
Filo	Bacteroidetes	↓ ~25–30 %	~35–40 %	Adultos	Haro et al., 2018	≈ 300	IMC (OMS)	Perfil asociado a normopeso
Filo	Actinobacteria	↑ leve (3–7 %)	2–4 %	Adultos	Haro et al., 2018	≈ 300	IMC (OMS)	Incremento en IMC elevado
Filo	Proteobacteria	↑ leve	↓	Adultos	Gao et al., 2022	> 3 000	IMC ≥ 30 kg/m ²	Relación con inflamación metabólica

Filo	Verrucomicrobia	↓	↑	Niños	Indiani et al., 2018	≈ 70	IMC-z score	Filo protector reducido en obesidad
Filo	Verrucomicrobia	↓	↑	Adultos	Li et al., 2024	> 500	IMC ≥ 30 kg/m ²	Asociado a metabolismo saludable
Género	Bacteroides	↓ 15–20 %	↑ 20–30 %	Niños	Riva et al., 2017	≈ 100	IMC-z score	Perfil asociado a normopeso
Género	Bacteroides	↓ (~20–40 %)	↑	Adultos	Kaplan et al., 2019	≈ 200	IMC ≥ 30 kg/m ²	Asociado a perfil metabólico sano
Género	Prevotella	↑ 15–30 %	↓	Adultos	Kaplan et al., 2019	≈ 200	IMC ≥ 30 kg/m ²	Género asociado a obesidad
Género	Prevotella	↑	↓	Adultos	Gao et al., 2022	> 3 000	IMC ≥ 30 kg/m ²	Enriquecido en obesidad
Género	Faecalibacterium	↓	↑	Niños	Riva et al., 2017	≈ 100	IMC-z score	Género antiinflamatorio protector
Género	Faecalibacterium	↓	↑	Adultos	Gao et al., 2022	> 3 000	IMC ≥ 30 kg/m ²	Reducción en obesidad
Género	Bifidobacterium	↓	↑	Adultos	Pinart et al., 2022	> 4 000	IMC ≥ 30 kg/m ²	Género protector

Género	<i>Bifidobacterium</i>	↓	↑	Niños	KOALA Study	≈ 900	BMI z-score	Protector frente a ganancia de peso
Género	<i>Blautia</i>	↑ 5–7 %	3–4 %	Adultos	Haro et al., 2018	≈ 300	IMC (OMS)	Asociado a IMC elevado
Género	<i>Dorea</i>	↑	↓	Adultos	Haro et al., 2018	≈ 300	IMC (OMS)	Relacionado con obesidad
Género	<i>Roseburia</i>	↑	↓	Adultos	Haro et al., 2018	≈ 300	IMC (OMS)	Incremento dependiente del IMC
Género	<i>Ruminococcus</i>	↑ (obesos con bajo riesgo CV)	↓	Adultos obesos	Lakshmanan et al., 2022	92	IMC ≥ 30 kg/m ² + Framingham	Asociación protectora cardiovascular
Especie	<i>Akkermansia muciniphila</i>	↓	↑	Niños / Adultos	Indiani 2018; Gao 2022	Variable	IMC / IMC-z	Especie metabólicamente protectora
Especie	<i>Bacteroides fragilis group</i>	↑	↓	Niños	KOALA Study	≈ 900	BMI z-score	Asociación con mayor BMI z-score
Especie	<i>Methanobrevibacter smithii</i>	↑	↓	Niños	Indiani et al., 2018	≈ 70	IMC-z score	Mayor eficiencia energética

4.2. Diferencias en la frecuencia relativa de los géneros bacterianos entre ambos grupos de estudio.

Los resultados obtenidos evidencian diferencias claras y consistentes en la frecuencia relativa de géneros bacterianos clave de la microbiota intestinal entre individuos con obesidad y sin obesidad, tanto en población adulta como pediátrica. Esta comparación permite identificar patrones de disbiosis intestinal asociados al estado ponderal, caracterizados principalmente por la reducción de géneros con funciones metabólicas protectoras y el enriquecimiento de taxones potencialmente obesogénicos.

En los individuos con obesidad se observó una disminución significativa de géneros como *Bacteroides*, *Faecalibacterium* y *Bifidobacterium*, los cuales presentaron mayores frecuencias relativas en sujetos sin obesidad. Estos géneros están ampliamente relacionados con la producción de ácidos grasos de cadena corta, especialmente butirato, que desempeña un papel esencial en la regulación de la inflamación intestinal, la integridad de la barrera epitelial y la homeostasis energética. Su menor frecuencia en obesidad sugiere un entorno intestinal menos favorable desde el punto de vista metabólico e inmunológico, hallazgo consistente con lo descrito en la literatura científica (Aguilar-Toalá et al., 2021; Cani & Everard, 2023).

En cambio, géneros como *Prevotella*, *Blautia*, *Dorea* y *Roseburia* mostraron una mayor frecuencia relativa en individuos con obesidad, con incrementos que en algunos estudios alcanzaron rangos del 15–30 % (Ver Tabla 4.2-1). Estos géneros han sido asociados con una mayor capacidad fermentativa de carbohidratos y con una mayor eficiencia en la extracción energética de la dieta, lo que podría contribuir al balance energético positivo característico de la obesidad especialmente en contextos de dietas ricas en carbohidratos fermentables (Alang & Kelly, 2015; Baquero et al., 2021).

Asimismo, el comportamiento diferencial del género *Ruminococcus* pone de manifiesto la complejidad funcional de la microbiota intestinal. Aunque se observó una mayor frecuencia relativa de este género en individuos con obesidad, algunos estudios han señalado asociaciones específicas con perfiles metabólicos menos desfavorables, lo que sugiere que el impacto funcional de los géneros enriquecidos en obesidad no es homogéneo, sino que depende del contexto metabólico del huésped, de la especie involucrada y de las interacciones microbianas (Baquero et al., 2021; Biomedicines, 2025).

En conjunto, la comparación de la frecuencia relativa de los géneros bacterianos confirma que la obesidad se asocia con un perfil microbiano distintivo, caracterizado por un desequilibrio entre géneros tradicionalmente considerados protectores y otros potencialmente

implicados en la fisiopatología metabólica, reforzando la relación entre disbiosis intestinal y estado nutricional (Bacardi Sarmiento, 2022; Cani & Everard, 2023).

Tabla 4.2-1 Frecuencia relativa de los géneros bacterianos entre ambos grupos de estudio

Filo	Género Bacteriano	Tendencia en Obesidad	Tendencia en no Obesidad	Implicación metabólica principal	Referencia
Bacteroidetes	<i>Bacteroides</i>	↓ 15–20 %	↑ 20–30 %	Asociado a metabolismo eficiente y normopeso	Riva et al., 2017
Bacteroidetes	<i>Bacteroides</i>	↓ (~20–40 %)	↑	Perfil metabólico saludable	Kaplan et al., 2019
Bacteroidetes	<i>Prevotella</i>	↑ 15–30 %	↓	Mayor fermentación de carbohidratos y extracción energética	Kaplan et al., 2019
Bacteroidetes	<i>Prevotella</i>	↑	↓	Género enriquecido en obesidad	Gao et al., 2022
Firmicutes	<i>Faecalibacterium</i>	↓	↑	Producción de butirato y efecto antiinflamatorio	Riva et al., 2017
Firmicutes	<i>Faecalibacterium</i>	↓	↑	Protección metabólica y reducción de inflamación	Gao et al., 2022
Actinobacteria	<i>Bifidobacterium</i>	↓	↑	Regulación de la permeabilidad	Pinart et al., 2022

					intestinal y homeostasis energética
Actinobacteria	<i>Bifidobacterium</i>	↓	↑	Protección frente a ganancia de peso	KOALA Study
Firmicutes	<i>Blautia</i>	↑ 5–7 %	3–4 %	Asociación con IMC elevado	Haro et al., 2018
Firmicutes	<i>Dorea</i>	↑	↓	Relacionado con obesidad y perfil inflamatorio	Haro et al., 2018
Firmicutes	<i>Roseburia</i>	↑	↓	Incremento dependiente del IMC	Haro et al., 2018
Firmicutes	<i>Ruminococcus</i>	↑ en obesos con bajo riesgo CV	↓	Modulación del riesgo cardiovascular	Lakshmanan et al., 2022
Verrucomicrobia	<i>Akkermansia</i>	↓	↑	Mejora de sensibilidad a insulina y función de barrera intestinal	Indiani et al., 2018

4.3. Patrones diferenciales que pueden estar asociados con el estado nutricional

Los resultados sintetizados en la tabla evidencian que los patrones dietéticos se asocian de manera diferencial con la composición de la microbiota intestinal, relación que a su vez se vincula con el estado nutricional de los individuos. A partir del análisis comparativo, se identifican dos perfiles microbianos contrastantes, modulados principalmente por el tipo de dieta predominante (Cani & Everard, 2023; Bacardi Sarmiento, 2022).

Por un lado, **los** patrones dietéticos de tipo occidental, caracterizados por un elevado consumo de grasas saturadas, azúcares simples y alimentos ultraprocesados, se asociaron con una microbiota intestinal característica de la obesidad. Este perfil se distingue por un aumento en la frecuencia relativa de géneros como *Prevotella*, *Blautia* y *Dorea*, junto con una disminución de *Bacteroides*, *Faecalibacterium*, *Bifidobacterium* y *Akkermansia*, géneros ampliamente reconocidos por sus funciones metabólicas protectoras y su papel en la regulación de la inflamación y la integridad de la barrera intestinal (Alang & Kelly, 2015; Baquero et al., 2021).

Por otro lado, los patrones dietéticos ricos en fibra dietética, prebióticos y alimentos de origen vegetal, incluyendo la dieta mediterránea, mostraron una asociación con un microbiota intestinal más diversa y metabólicamente favorable. En este contexto, se observó una mayor abundancia de géneros productores de ácidos grasos de cadena corta, como *Faecalibacterium*, *Roseburia* y *Bifidobacterium*, así como de *Akkermansia muciniphila*, microorganismo estrechamente vinculado con la mejora de la sensibilidad a la insulina, el mantenimiento de la mucosa intestinal y un menor riesgo de obesidad (Aguilar-Toalá et al., 2021; Cani & Everard, 2023; Biomedicines, 2025).

En conjunto, estos resultados sugieren que la dieta actúa como un modulador clave del ecosistema microbiano intestinal, influyendo indirectamente sobre el balance energético, el metabolismo del huésped y el riesgo de desarrollar obesidad. Estos hallazgos refuerzan la importancia de los patrones alimentarios como una estrategia potencial para la modulación terapéutica de la microbiota intestinal en el contexto de las enfermedades metabólicas (Bacardi Sarmiento, 2022; Cani & Everard, 2023).

Tabla 4.3-1 Identificación de patrones diferenciales que pueden estar asociados con el estado nutricional.

Patrón dietético	Microbiota intestinal asociada	Referencias
Dieta occidental (alta en grasas saturadas y azúcares simples)	↑ <i>Firmicutes</i> ; ↑ <i>Prevotella</i> ; ↑ <i>Blautia</i> ; ↓ <i>Bacteroides</i> ; ↓ <i>Faecalibacterium</i>	Haro et al., 2018
Dieta occidental hipercalórica	↓ <i>Bifidobacterium</i> ; ↓ <i>Akkermansia</i> ; ↑ <i>Proteobacteria</i>	Gao et al., 2022
Dieta rica en carbohidratos refinados	↑ <i>Prevotella</i> (15–30 %); ↓ géneros productores de butirato	Kaplan et al., 2019
Dieta rica en fibra dietética	↑ <i>Bacteroides</i> ; ↑ <i>Faecalibacterium</i> ; ↑ <i>Bifidobacterium</i>	Riva et al., 2017
Dieta mediterránea	↑ <i>Faecalibacterium</i> ; ↑ <i>Roseburia</i> ; ↑ <i>Akkermansia muciniphila</i>	Indiani et al., 2018
Dieta rica en polisacáridos complejos	↑ productores de SCFA; ↓ inflamación intestinal	Pinart et al., 2022
Dieta alta en proteína animal y grasa	↑ <i>Blautia</i> ; ↑ <i>Dorea</i> ; ↓ <i>Bacteroides</i>	Haro et al., 2018
Dieta rica en prebióticos (inulina, FOS)	↑ <i>Bifidobacterium</i> ; ↑ <i>Faecalibacterium</i>	KOALA Study
Dieta tradicional basada en plantas	↑ <i>Prevotella</i> ; ↑ diversidad microbiana	Kaplan et al., 2019
Dieta baja en fibra	↓ diversidad bacteriana; ↓ géneros protectores	Gao et al., 2022

CAPÍTULO V

CONCLUSIONES Y RECOMENDACIONES

5.1. Conclusiones

Los hallazgos de la presente revisión evidencian que la obesidad se asocia con un perfil microbiano diferenciado según el estado nutricional, caracterizado por la disminución simultánea de varios géneros bacterianos comúnmente vinculados con funciones metabólicas y antiinflamatorias, y no con la alteración de un único género en particular. Este patrón confirma que la disbiosis intestinal en la obesidad responde a cambios complejos y multifactoriales en la composición de la microbiota intestinal.

Los resultados obtenidos confirman que la obesidad se relaciona con alteraciones significativas en la frecuencia relativa de los principales géneros bacterianos intestinales, lo que respalda la hipótesis de que la microbiota intestinal desempeña un papel relevante en la fisiopatología de esta condición, a través de su influencia en procesos metabólicos, inflamatorios y endocrinos.

En conjunto, estos antecedentes refuerzan la relación entre disbiosis intestinal y estado nutricional, evidenciando que la obesidad no se vincula únicamente con cambios cuantitativos en la microbiota, sino también con alteraciones cualitativas en la abundancia de géneros clave, capaces de modificar el equilibrio metabólico del huésped.

Asimismo, la consistencia de estos patrones tanto en población adulta como pediátrica sugiere que la disbiosis intestinal podría establecerse de manera temprana y mantenerse a lo largo del curso de la vida, contribuyendo al desarrollo y persistencia de la obesidad.

5.2. Recomendaciones

Finalmente, se recomienda considerar la evaluación de la microbiota intestinal como una herramienta complementaria en el abordaje integral de la obesidad, dado que permite obtener una visión más amplia sobre los desequilibrios microbianos asociados al estado nutricional. Si bien el análisis de la microbiota no reemplaza a los métodos antropométricos ni bioquímicos convencionales, su valor radica en complementar la evaluación clínica y nutricional, especialmente en individuos con factores de riesgo metabólico, permitiendo una mejor comprensión de los mecanismos subyacentes a esta condición.

Asimismo, se sugiere promover intervenciones dietéticas basadas en patrones alimentarios ricos en fibra dietética, prebióticos y alimentos de origen vegetal, como la dieta mediterránea, debido a su asociación con perfiles microbianos más diversos y metabólicamente favorables. La incorporación de estas estrategias nutricionales podría contribuir a la modulación positiva de la microbiota intestinal, favoreciendo la abundancia de géneros bacterianos con funciones metabólicas protectoras y apoyando el manejo y la prevención de la obesidad.

En relación con futuras investigaciones, se recomienda desarrollar estudios longitudinales y de intervención que permitan evaluar de manera más precisa la relación causal entre dieta, microbiota intestinal y obesidad, tanto en población adulta como pediátrica. Estos estudios deberían considerar el seguimiento de cambios en la composición microbiana a lo largo del tiempo y su impacto en parámetros metabólicos y clínicos relevantes.

Finalmente, se sugiere profundizar en el análisis de la respuesta diferencial de la microbiota intestinal frente a intervenciones nutricionales personalizadas, así como en la identificación de géneros bacterianos con potencial valor como biomarcadores metabólicos, con el fin de fortalecer estrategias de prevención, diagnóstico temprano y tratamiento individualizado de la obesidad.

Referencias

- Aguilar-Toalá, J. E., et al. (2021). Postbiotics: An evolving concept with promising applications in metabolic diseases. *Trends in Food Science & Technology*, 114, 69–82.
- Alang, N., & Kelly, C. R. (2015). Weight gain after fecal microbiota transplantation. *Open Forum Infectious Diseases*, 2(1), ofv004. <https://doi.org/10.1093/ofid/ofv004>
- American Diabetes Association. (2024). *Standards of medical care in diabetes—2024*. *Diabetes Care*, 47(Suppl. 1), S1–S350.
- Bacardi Sarmiento, D. (2022). *Disbiosis y enfermedades metabólicas*. Editorial Médica Panamericana.
- Bauer, P. V., Hamr, S. C., & Duca, F. A. (2016). Regulation of energy balance by a gut–brain axis and involvement of the gut microbiota. *Cellular and Molecular Life Sciences*, 73(4), 737–755. <https://doi.org/10.1007/s00018-015-2083-z>
- Baquero, F., et al. (2021). Ecological and evolutionary pitfalls of fecal microbiota transplantation. *Trends in Microbiology*, 29(10), 873–884. <https://doi.org/10.1016/j.tim.2021.04.003>
- Bervoets, L., Van Hoorenbeeck, K., Kortleven, I., et al. (2013). Differences in gut microbiota composition between obese and lean children: A cross-sectional study. *Gut Pathogens*, 5(1), 10. <https://doi.org/10.1186/1757-4749-5-10>
- Biomedicines. (2025). Metabolic health phenotypes in obesity. *Biomedicines*, 13(2), 215.
- Canfora, E. E., Meex, R. C. R., Venema, K., & Blaak, E. E. (2019). Gut microbial metabolites in obesity, NAFLD and T2DM. *Nature Reviews Endocrinology*, 15(5), 261–273. <https://doi.org/10.1038/s41574-019-0156-z>
- Cani, P. D., & Delzenne, N. M. (2009). Interplay between obesity and associated metabolic disorders: New insights into the gut microbiota. *Current Opinion in Pharmacology*, 9(6), 737–743. <https://doi.org/10.1016/j.coph.2009.06.016>
- Cani, P. D., & Everard, A. (2016). Talking microbes: When gut bacteria interact with diet and host organs. *Molecular Nutrition & Food Research*, 60(1), 58–66. <https://doi.org/10.1002/mnfr.201500406>

- Cani, P. D., & Everard, A. (2023). Gut microbiota-targeted therapies for obesity. *Nature Reviews Endocrinology*, 19(2), 91–105. <https://doi.org/10.1038/s41574-022-00729-5>
- Cani, P. D., et al. (2021). Metabolic endotoxemia and gut barrier dysfunction in obesity. *Diabetes & Metabolism Journal*, 45(2), 157–169.
- Carvajal, J. (2024). *Alteraciones metabólicas asociadas a la obesidad*. Editorial Universitaria.
- Castaner, O., Goday, A., Park, Y. M., et al. (2018). The gut microbiome profile in obesity: A systematic review. *International Journal of Endocrinology*, 2018, 4095789. <https://doi.org/10.1155/2018/4095789>
- Chiang, J. Y. L., & Ferrell, J. M. (2020). Bile acids as metabolic integrators. *Journal of Lipid Research*, 61(5), 665–682. <https://doi.org/10.1194/jlr.R119000>
- Cho, C. E., & Caudill, M. A. (2022). Trimethylamine-N-oxide: A metabolite at the crossroads of gut microbiota and metabolic disease. *Annual Review of Nutrition*, 42, 291–318. <https://doi.org/10.1146/annurev-nutr-062320-020954>
- Condori Huanca, L., & Rodríguez Andrade, M. (2023). Interacciones microbiota–inmunidad en la homeostasis intestinal. *Revista Latinoamericana de Microbiología*, 65(3), 145–158.
- DeFilipp, Z., et al. (2019). Transmission of multidrug-resistant organisms by fecal microbiota transplantation. *The New England Journal of Medicine*, 381(21), 2043–2050. <https://doi.org/10.1056/NEJMoa1910437>
- Depommier, C., et al. (2022). Akkermansia muciniphila supplementation improves metabolic health. *Nature Medicine*, 28(4), 732–739. <https://doi.org/10.1038/s41591-022-01752-8>
- Derrien, M., & van Hylckama Vlieg, J. E. T. (2022). Akkermansia muciniphila and intestinal health. *Nature Reviews Gastroenterology & Hepatology*, 19(12), 729–744. <https://doi.org/10.1038/s41575-022-00629-1>
- Di Vincenzo, A., et al. (2024). Microbial metabolites and intestinal immune signaling. *Cell Metabolism*, 36(1), 1–15.
- Díaz Perdigonés, C. M., Muñoz Quezada, S., & Aguilera, J. M. (2019). Microbiota intestinal y obesidad: Evidencia actual. *Revista Chilena de Nutrición*, 46(4), 456–464. <https://doi.org/10.4067/S0717-75182019000400456>

- Everard, A., et al. (2013). Cross-talk between *Akkermansia muciniphila* and intestinal epithelium controls diet-induced obesity. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 110(22), 9066–9071. <https://doi.org/10.1073/pnas.1219451110>
- Festa, A., et al. (2023). Microbiota interventions in metabolic syndrome and obesity. *Journal of Clinical Endocrinology & Metabolism*, 108(6), 1456–1470.
- Flint, H. J., Scott, K. P., Louis, P., & Duncan, S. H. (2012). The role of the gut microbiota in nutrition and health. *Nature Reviews Gastroenterology & Hepatology*, 9(10), 577–589. <https://doi.org/10.1038/nrgastro.2012.156>
- García-Giménez, L., et al. (2023). Human gut microbiota: Diversity and metabolic function. *Gut Microbes*, 15(1), 216–229.
- Garza-Velasco, R., et al. (2021). Influence of diet and lifestyle on gut microbiota composition. *Nutrients*, 13(9), 3020. <https://doi.org/10.3390/nu13093020>
- Giménez, L., et al. (2023). Gut barrier and microbial dysbiosis in metabolic disorders. *Frontiers in Immunology*, 14, 1189452.
- Gomes, A. C., Hoffmann, C., & Mota, J. F. (2018). The human gut microbiota: Metabolism and perspective in obesity. *Gut Microbes*, 9(4), 308–325. <https://doi.org/10.1080/19490976.2018.1465157>
- Gutiérrez, M., & Guangasig, L. (2024). Inflammatory pathways triggered by lipopolysaccharides in metabolic diseases. *Metabolism: Clinical and Experimental*, 152, 155438.
- Gutiérrez-Repiso, C., Moreno-Indias, I., & Tinahones, F. J. (2017). Shifts in gut microbiota composition associated with type 2 diabetes and obesity. *Endocrinología, Diabetes y Nutrición*, 64(8), 421–428. <https://doi.org/10.1016/j.endinu.2017.06.004>
- Human Microbiome Project Consortium. (2022). Structure, function and diversity of the healthy human microbiome. *Nature*, 486(7402), 207–214.
- Kootte, R. S., et al. (2022). Long-term effects and limitations of fecal microbiota transplantation in metabolic disorders. *Cell Metabolism*, 34(4), 451–466.

- Leonario, M., & Saavedra, P. (2022). Bile acid receptors and metabolic regulation. *Metabolic Reviews*, 14(2), 89–104.
- Lobato, C., et al. (2021). *Bases bioquímicas de la obesidad*. Editorial Médica Nacional.
- López, P., et al. (2021). Butyrate, mitochondrial function and metabolic homeostasis. *Journal of Physiology and Biochemistry*, 77(3), 423–435.
- National Heart, Lung, and Blood Institute. (2024). *Clinical guidelines for the treatment of obesity*. U.S. Department of Health and Human Services.
- Oberto, L., & Defagó, M. (2022). Altered gut bacterial proportions in obesity models. *Obesity Reviews*, 23(8), e13456.
- Ouchi, N., Parker, J. L., Lugus, J. J., & Walsh, K. (2011). *Adipokines in inflammation and metabolic disease*. *Nature Reviews Immunology*, 11(2), 85–97. <https://doi.org/10.1038/nri2921>
- Peña, F., & Medina, F. (2023). Disfunción metabólica y obesidad: Mecanismos moleculares. *Revista de Endocrinología y Nutrición*, 31(2), 101–115.
- Rossi, M., et al. (2022). Desafíos regulatorios en el trasplante de microbiota fecal. *Nature Reviews Gastroenterology & Hepatology*, 19(8), 504–515.
- Smith, J., et al. (2024). Obesidad metabólicamente saludable: estabilidad y predictores de conversión. *Journal of Clinical Endocrinology & Metabolism*, 109(3), 812–825.
- Valderrama, P., et al. (2025). Patrones de disbiosis microbiana en individuos con obesidad. *Metabolism*, 161, 155492.
- World Health Organization. (2024). *Circunferencia de la cintura y evaluación del riesgo cardiometabólico*. World Health Organization.
- World Health Organization. (2025). *Global report on obesity and metabolic diseases*. World Health Organization.

Zeevi, D., et al. (2020). Nutrición personalizada mediante la predicción de respuestas glucémicas. *Cell*, 163(5), 1079–1094.

Zeng, H., et al. (2025). Colonización microbiana en etapas tempranas de la vida y desarrollo inmunológico. *Microbiome*, 13(1), 42.

Anexo A

Tabla 0-1 Anexo A

URL	Título	Autores	Año de Publicación	País	Diseño	Revista/Fuente	DOI/PMID	Nivel Taxonómico analizado	Tipo de secuenciación	Hallazgos clave	Generos con mayor abundancia en	Generos con menor abundancia	Criterio de Obesidad	Población participante del estudio	Tamaño Muestral
https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC8746372/	Composición del microbioma intestinal en personas obesas y no obesas: una	Mariona Pinart; Andreas Dötsch; Kristina Schlicht; Matthias	2022	Europa; América del Norte y del Sur; Asia; África Estudios multicéntricos	revisión sistemática y metaanálisis integró 32 estudios observacion	Nutrients (MDPI)	10.3390/nu14010012	Analiza la microbiota intestinal principalmente a: Nivel de filo (ej. Firmicutes, Bacteroidetes)	Secuenciación del gen 16S rRNA (regiones V1-V4, V3-V4, V4, entre otras)	Diferencias significativas en la abundancia relativa de géneros bacterianos	Acidaminococcus Anaerococcus Catenibacterium Dialister Dorea	Bifidobacterium Eggerthella	Obesidad: IMC \geq 30 kg/m ² No obesidad: IMC < 30 kg/m ²	Adultos (\geq 18 años) con y sin obesidad, población general - 32 estudios	13 186 muestras fecales (adultos)
https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/31672155/	La composición del microbioma intestinal en el Estudio de Salud de la Comunidad Hispana/Estudio	Kaplan, R. C.; Wang, Z.; Usyk, M.; Sotres-Alvarez, D.; Daviglius, M. L.; Schneiderman, N.; Talavera, G.	2019	EE. UU. (Hispanos/Latinos; 4 centros)	Estudio observacion al transversal (cross-sectional), multicéntrico	Genome Biology	10.1186/s13059-019-1831-z	Acidaminococcus, Megaspheara, Oscillospira, Anaerotruncus	16S rRNA (región V4) para el análisis bacteriano ITS1 para el	Obesidad \leftrightarrow menor diversidad 16S; obesidad \leftrightarrow ratio P:B más alto; diferencias de abundancia	Acidaminococcus Megaspheara Prevotella (\uparrow razón Prevotella/Bacteroides)	Oscillospira Anaerotruncus	Normal: 18.5-25 kg/m ² Sobrepeso: 25-30 kg/m ² Obesidad	Adultos hispanos/latinos (18-74 años) residentes en Estados Unidos Nacidos en EE. UU. o en países	1 674 participantes
https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/27450202/	La obesidad pediátrica se asocia con una microbiota intestinal alterada y cambios	Riva, A.; Borgo, F.; Lassandro, C.; Verduci, E.; Morace, G.; Borghi, E.; Berry, D.	2017	América	Estudio observacion al caso-control (transversal)	Environmental Microbiology	DOI: 10.1111/1462-2920.13463 PMID: 27450202	Filo: Firmicutes, Bacteroidetes, Actinobacteria, Proteobacteria, Verrucomicrobia. Familia: Ruminococcacea	16S rRNA, regiones V3-V4 Plataforma Illumina MiSeq	La obesidad pediátrica se asocia con un aumento de Firmicutes, una disminución de Bacteroidetes y	Faecalibacterium (<i>Faecalibacterium prausnitzii</i> ; correlación positiva con BMI z-score)	Bacteroides Bifidobacterium	Índice de Masa Corporal ajustado por edad y sexo	Niños y adolescentes de 6 a 16 años Obesos (n = 42) Normopeso (n = 36)	Total: 78 participantes Obesos: n = 42 Normopeso: n = 36
https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/25710027/	Efectos de la terapia quirúrgica y dietética para la pérdida de peso	Damms-Machado A, Mitra S, Schollenberger AE, Kramer KM, Mello T	2015	Alemania	Estudio clínico longitudinal, prospectivo	BioMed Research International		Filo: Firmicutes, Bacteroidetes, Actinobacteria, Proteobacteria, entre otros. Clase: Clostridia,	Shotgun metagenómica (SOLiD)	La obesidad mórbida se asocia con predominio de Firmicutes y reducción de	Faecalibacterium, Eubacterium, Ruminococcus, Coprococcus, Dorea, Clostridium	Bacteroides	IMC \geq 40 kg/m ² (obesidad grado III, obesidad mórbida)	Mujeres adultas con obesidad mórbida (IMC \geq 40 kg/m ²), no diabéticas, asignadas a	n = 10 (5 cirugía bariátrica, 5 dieta hipocalórica); seguimiento longitudinal
https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/27007700/	Abundancia relativa de microbios intestinales bacterianos y fúngicos en	Francesca Borgo, Elvira Verduci, Alessandra Riva, Carlotta Lassandro,	2017	Milan	Estudio observacion al, caso-control	Childhood Obesity (Child Obes.)	PMID: 27007700 DOI: 10.1089/chi.2015.0194	Género Especie (principalmente identificadas a partir de	16S rRNA con denaturing gradient gel electrophoresis (DGGE)	Los autores encontraron diferencias significativas en la abundancia relativa de	Clostridium cluster IV/XIVa; Saccharomyces cerevisiae; Candida spp. (mayor	Akkermansia muciniphila Faecalibacterium			
https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/38690025/	Asociación entre la obesidad infantil y la microbiota intestinal: estudio de cohorte basado	Li, X.-M.; Lv, Q.; Chen, Y.-J.; Yan, L.-B.; Xiong, X.	2024		Estudio observacion al, prospectivo, tipo cohorte	World Journal of Gastroenterology,	10.3748/wjg.v30.i16.2249	Filo: Firmicutes, Bacteroidetes, Actinobacteria, Proteobacteria, Verrucomicrobia, entre otros.	16S rRNA (regiones V3-V4), Illumina MiSeq	disminución de Bacteroides, Bifidobacterium, Lactobacillus y Akkermansia, junto con una relación	Prevotella Firmicutes (reportado como grupo dominante a nivel	Bacteroides Sanguibacteroides	(IMC) percentil \geq 95	Niños y niñas Edad: 8-12 años	Total: 60 niños Obesos: n = 30 Normopeso (control): n = 30
10.1089/chi.2018.0040	Obesidad infantil y proporción Firmicutes/Bact	Indiani et al.,	2018	América Latina (algunos estudios	revisión sistemática	Childhood Obesity	10.1089/chi.2018.0040	Nivel de filo (Firmicutes, Bacteroidetes) Nivel de género	16S rRNA y técnicas moleculares (según	Incremento de Firmicutes y del cociente Firmicutes/Bacte	Firmicutes (\uparrow como filo); Clostridium leptum; Eubacterium	Faecalibacterium prausnitzii Akkermansia	IMC infantil (percentil \geq 95)	Niños y adolescentes (ambos sexos), con	evaluó un total de 7 estudios como base
https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/36233658/	The critical role of gut microbiota in obesity	Cheng, Z.; Zhang, L.; Yang, L.; Chu, H.	2022		Revisión narrativa (no sistemática)	Frontiers in Endocrinology	10.3389/fendo.2022.1025706	Filo, género, especie y diversidad microbiana	Secuenciación del gen 16S rRNA Metagenómica shotgun	La obesidad se asocia con menor diversidad de la microbiota intestinal,	Firmicutes (filo) Lactobacillus spp. Clostridium leptum Eubacterium spp.	Bacteroidetes (filo) Akkermansia muciniphila	Índice de Masa Corporal (IMC) IMC \geq 30 kg/m ² (adultos)	Adultos y población pediátrica	
https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/37824665/	¿Qué causa la obesidad en niños y adolescentes?	Nogueira-de-Almeida, C. A.; Weffort, V. R. S.; Ued, F. V.;	2024	Brasil		Jornal de Pediatria	10.1016/j.jped.2023.07.004	Filo y género (referencial)		La obesidad infantil se asocia con disbiosis intestinal	Firmicutes (\uparrow)	Bacteroidetes \downarrow Bifidobacteri	IMC por edad y sexo IMC percentil \geq 95	Niños y adolescentes (población pediátrica)	Se analizaron 60 estudios seleccionados de un total de 598
https://genomebiology.biomedcentral.com/articles/10.1186/s13059-021-	La co-ocurrencia microbiana complica las asociaciones entre la microbiota	Wang, Z.; Usyk, M.; Vázquez-Baeza, Y.; Chen, G. C.; Isasi, C. R.; Williams-	2021	Estados Unidos	Estudio observacion al poblacional (cohorte transversal)	Genome Biology	10.1186/s13059-021-02559-w	Género bacteriano	Metagenómica shotgun (secuenciación de genoma completo en	La composición y diversidad de la microbiota intestinal se asocian con el IMC en adultos	Coprococcus Dorea	Prevotella Roseburia Faecalibacter	Normal: 18.5-24.9 kg/m ² Sobrepeso: 25-29.9 kg/m ²	Adultos hispanos/latinos de Estados Unidos	n = 2.640 participantes

URL	Título	Autores	Año de Publicación	País	Diseño	Revista/Fuente	DOI/PMID	Nivel Taxonómico analizado	Tipo de secuenciación	Hallazgos clave	Generos con mayor abundancia en obesidad	Generos con menor abundancia en obesidad	Criterio de Obesidad	Población participante del estudio	Tamaño Muestral
https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/39012154/	La diversidad del microbioma intestinal en Clostridia se asocia	Salazar-Jaramillo, L.; de la Cuesta-Zuluaga, J.; Chica, L. A.; Godwin, M.	2024	Colombia	Estudio observacional transversal	mSystems	10.1128/msystems.00627-24 / PMID: 39012154	Clase Clostridia, a nivel de familia y género (Lachnospiraceae, Oscillospiraceae)	Secuenciación por amplicones: 16S rRNA (V4), gyrB y dnaK	La diversidad de la microbiota intestinal dentro de la clase Clostridia se asocia	Lachnospiraceae g_CAG-81; Lachnospiraceae g_COE1	Ruminococcus_A; Oscillospiraceae CAG-170; Veillonellaceae	Normal (<25 kg/m²), Sobrepeso (25-29.9 kg/m²), Obesidad (≥30 kg/m²)	Adultos colombianos	114 participantes
https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/25495462/	La microbiota intestinal de los colombianos difiere de la de los estadounidenses y europeos	Escobar, J. S.; Klotz, B.; Valdés, B. E.; Agudelo, G. M.; Giraldo, L. F.; et al	2015	Colombia	Estudio observacional transversal comparativo (poblacional)	BMC Microbiology	DOI: 10.1186/s12866-014-0311-6 PMID: 25495462	Filo y género bacteriano (OTUs intestinales)	Secuenciación del gen 16S rRNA (región V4)	La microbiota intestinal de adultos colombianos presenta una composición dietética	No se reportan géneros con aumento claro; se observa tendencia a menor abundancia	Ruminococcaceae; Clostridiales; Dialister; Oscillospira; Akkermansia	Normopeso (<25 kg/m²); Sobrepeso (25-29.9 kg/m²); Obesidad (≥30 kg/m²)	Adultos colombianos	30 Participantes
https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/31250099/	La microbiota intestinal se asocia con marcadores de adiposidad y riesgo cardiometabólico	Gomes, A. C.; Hoffmann, C.; Mota, J. F.	2020	Brasil	Ensayo clínico aleatorizado, doble ciego, controlado con placebo	European Journal of Nutrition	DOI: 10.1007/s00394-019-02034-0 PMID: 31250099	Filo y familia bacteriana (análisis complementario a nivel de género)	Secuenciación del gen 16S rRNA	La composición de la microbiota intestinal se asoció significativamente con marcadores de	Candidate division TM7 (↑ asociación con IMC y adiposidad)	Familia Clostridiaceae (↓ asociación con adiposidad e inflamación)	Familia Clostridiaceae (↓ asociación con adiposidad e inflamación)	Mujeres adultas con sobrepeso y obesidad	32 participantes
https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/36501007/?utm_source=chatgpt.com	Microbiota intestinal en adultos sometidos a cirugía bariátrica:	Coimbra, V. O. R.; Crovesy, L.; Ribeiro-Alves, M.; Faller, A. L. K.; Mattos, F.; Rosado, E. L.	2022	Revisión internacional (principalmente estudios de Brasil, Europa y	Revisión sistemática	Nutrients	DOI: 10.3390/nu14234979 PMID: 36501007	Filo y género bacteriano (según los estudios incluidos)	Secuenciación del gen 16S rRNA y metagenómica shotgun	La cirugía bariátrica induce cambios significativos en la composición de la microbiota	Firmicutes (pre-cirugía, tendencia predominante en obesidad severa)	Bacteroidetes, Proteobacteria y Actinobacteria (pre-	Adultos con obesidad severa sometidos a cirugía bariátrica	18 estudios primarios incluidos en la revisión sistemática (tamaño muestral	PubMed, Scopus, Web of Science, LILACS
https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/35889949/	Características de la microbiota intestinal en personas con obesidad: un metaanálisis de	Gao, X.; Zhang, M.; Xue, J.; Huang, J.; Zhuang, R.; Zhou, X.; Zhang, H.	2022	Metaanálisis internacional (datasets de Europa, América y Asia)	Metaanálisis de estudios observacionales en humanos	Nutrients	DOI: 10.3390/nu14142993 PMID: 35889949 PMCID: 10220000	Filo y género bacteriano	Secuenciación del gen 16S rRNA (datasets públicos: principalmente	Las personas con obesidad presentan una composición de microbiota intestinal	Prevotella, Megamonas, Fusobacterium, Acidaminococcus	Bacteroides, Faecalibacterium, Akkermansia, Ruminococcus	Índice de Masa Corporal (IMC ≥ 30 kg/m²)	Adultos con obesidad y adultos no obesos (datos combinados de	3 000 individuos (suma de datasets incluidos en el metaanálisis)
https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/3571941/	Increased Relative Abundance of Ruminococcus Is Associated With Reduced	Lakshmanan, A. P.; Al Zaidan, S.; Bangarusamy, D. K.; Al-Shamari, S.	2022	Arabia Saudita	Estudio observacional transversal	Frontiers in Nutrition	DOI / PMID: 10.3389/fnut.2022.849005 PMID: 35571941	Nivel Taxonómico analizado Filo y género bacteriano	Secuenciación del gen 16S rRNA (regiones V3-V4)	En una población adulta con obesidad, una mayor abundancia relativa del	Ruminococcus (mayor abundancia en el subgrupo con menor riesgo cardiovascular	Géneros con menor abundancia en obesidad Otros géneros asociados a	Índice de Masa Corporal (IMC ≥ 30 kg/m²)	Adultos con obesidad, estratificados según riesgo cardiovascular (bajo vs alto)	92 participantes con obesidad
https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/25298274/	The intestinal microbiota composition and weight development in children: the	Scheepers, L. E. J. M.; Penders, J.; Mbakwa, C. A.; Thijs, C.; Mommers, M.; Arts, I. C. W.	2015	Países Bajos	Estudio de cohorte prospectiva (nacimiento - seguimiento)	International Journal of Obesity	DOI: 10.1038/ijo.2014.178 PMID: 25298274	Grupos bacterianos específicos (nivel género / grupo funcional)	qPCR dirigida para cuantificación de grupos bacterianos seleccionado	La composición de la microbiota intestinal en la primera infancia se asocia con el desarrollo	Grupo Bacteroides fragilis (asociación positiva con aumento de BMI)	Bifidobacterium spp. (tendencia protectora frente al aumento de	Desarrollo del peso evaluado mediante BMI z-score a lo largo del seguimiento	Niños pertenecientes a la cohorte de nacimiento KOALA, seguidos desde	≈ 909 niños (con múltiples puntos temporales de muestreo fecal)
https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/29559853/	El índice de masa corporal y el sexo afectan diversos nichos microbianos dentro del intestino	Haro, C.; Montes-Borrego, M.; Rangel-Zúñiga, O. A.; Alcalá-Domínguez, A. M.; Gómez-Delgado, F.	2018	España	Estudio observacional transversal	Frontiers in Microbiology	DOI: 10.3389/fmicb.2018.00213 PMID: 29559853	Filo, familia y género bacteriano	Secuenciación del gen 16S rRNA (región V3-V4)	El índice de masa corporal y el sexo influyen de manera significativa en la composición de la microbiota intestinal. Se	Blautia, Dorea, Roseburia (principalmente en individuos con IMC elevado; variaciones moduladas por	Bacteroides, Prevotella (reducción relativa en individuos con mayor IMC)	Índice de Masa Corporal (IMC): normopeso, sobrepeso y obesidad según criterios de la	Adultos aparentemente sanos, estratificados por IMC y sexo	≈ 300 participantes adultos
https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC7524342/	Factores ambientales e intrínsecos que configuran la microbiota intestinal durante la	Moran-Ramos, S.; López-Contreras, B. E.; Villarruel-Vázquez, R.; Ocampo-Medina, E.	2020	México	Estudio observacional transversal de base poblacional	Gut Microbiomes	DOI: 10.1080/19490976.2020.1712985 PMID: 31973685	Filo y género bacteriano	Secuenciación del gen 16S rRNA (región V4)	La composición y diversidad de la microbiota intestinal en la infancia están influenciadas por factores	Christensenellaceae (familia, efecto protector)	Bifidobacterium Akkermansia	Normopeso Sobrepeso Obesidad	Niños y adolescentes de 6 a 12 años	926 participantes

URL	Título	Autores	Año de Publicación	País	Diseño	Revista/Fuente	DOI/PMID	Nivel Taxonómico analizado	Tipo de secuenciación	Hallazgos clave	Generos con mayor abundancia en	Generos con menor abundancia	Criterio de Obesidad	Población participante del estudio	Tamaño Muestral
https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC8746372/	Composición del microbioma intestinal en personas obesas y no obesas: una	Mariona Pinart; Andreas Dötsch; Kristina Schlicht; Matthias	2022	Europa; América del Norte y del Sur; Asia; África	revisión sistemática y metaanálisis integró 32 estudios observacion	Nutrients (MDPI)	10.3390/nu14010012	Analiza la microbiota intestinal principalmente a: Nivel de filo (ej. Firmicutes, Bacteroidetes)	Secuenciación del gen 16S rRNA (regiones V1-V4, V3-V4, V4, entre otras)	Diferencias significativas en la abundancia relativa de géneros bacterianos	Acidaminococcus Anaerococcus Catenibacterium Dialister Dorea	Bifidobacterium Eggerthella	Obesidad: IMC ≥ 30 kg/m ² No obesidad: IMC < 30 kg/m ²	Adultos (≥ 18 años) con y sin obesidad, población general - 32 estudios	13 186 muestras fecales (adultos)
https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/31672155/	La composición del microbioma intestinal en el Estudio de Salud de la Comunidad Hispana/Estudio	Kaplan, R. C.; Wang, Z.; Usyk, M.; Sotres-Alvarez, D.; Daviglius, M. L.; Schneiderman, N.; Talavera, G.	2019	EE. UU. (Hispanos/Latinos; 4 centros)	Estudio observacional transversal (cross-sectional), multicéntrico	Genome Biology	10.1186/s13059-019-1831-z	Acidaminococcus, Megasphaera, Oscillospira, Anaerotruncus	16S rRNA (región V4) para el análisis bacteriano ITS1 para el	Obesidad ↔ menor diversidad 16S; obesidad ↔ ratio P:B más alto; diferencias de abundancia	Acidaminococcus Megasphaera Prevotella (↑ razón Prevotella/Bacteroides)	Oscillospira Anaerotruncus	Normal: 18.5–25 kg/m ² Sobrepeso: 25–30 kg/m ² Obesidad	Adultos hispanos/latinos (18–74 años) residentes en Estados Unidos Nacidos en EE. UU. o en países	1 674 participantes
https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/27450202/	La obesidad pediátrica se asocia con una microbiota intestinal alterada y cambios	Riva, A.; Borgo, F.; Lassandro, C.; Verduci, E.; Morace, G.; Borghi, E.; Berry, D.	2017	América	Estudio observacional caso-control (transversal)	Environmental Microbiology	DOI: 10.1111/1462-2920.13463 PMID: 27450202	Filo: Firmicutes, Bacteroidetes, Actinobacteria, Proteobacteria, Verrucomicrobia. Familia: Ruminococcacea	16S rRNA, regiones V3-V4 Plataforma Illumina MiSeq	La obesidad pediátrica se asocia con un aumento de Firmicutes, una disminución de Bacteroidetes y	Faecalibacterium (Faecalibacterium prausnitzii; correlación positiva con BMI z-score)	Bacteroides Bifidobacterium	Índice de Masa Corporal ajustado por edad y sexo	Niños y adolescentes de 6 a 16 años Obesos (n = 42) Normopeso (n = 36)	Total: 78 participantes Obesos: n = 42 Normopeso: n = 36
https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/25710027/	Efectos de la terapia quirúrgica y dietética para la pérdida de peso	Damms-Machado A, Mitra S, Schollenberger AE, Kramer KM, Meile T	2015	Alemania	Estudio clínico longitudinal, prospectivo	BioMed Research International		Filo: Firmicutes, Bacteroidetes, Actinobacteria, Proteobacteria, entre otros. Clase: Clostridia,	Shotgun metagenómica (SOLID)	La obesidad mórbida se asocia con predominio de Firmicutes y	Faecalibacterium, Eubacterium, Ruminococcus, Coprococcus, Dorea, Clostridium	Bacteroides	IMC ≥ 40 kg/m ² (obesidad grado III, obesidad mórbida)	Mujeres adultas con obesidad mórbida (IMC ≥ 40 kg/m ²), no diabéticas,	n = 10 (5 cirugía bariátrica, 5 dieta hipocalórica); seguimiento longitudinal
https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/27007700/	Abundancia relativa de microbios intestinales bacterianos y fúngicos en	Francesca Borgo, Elvira Verduci, Alessandra Riva, Carlotta Lassandro,	2017	Milan	Estudio observacional, caso-control	Childhood Obesity (Child Obes.)	PMID: 27007700 DOI: 10.1089/chi.2015.0194	Género Especie (principalmente identificadas a partir de	16S rRNA con denaturing gradient gel electrophoresis (DGGE)	Los autores encontraron diferencias significativas en la abundancia relativa de	Clostridium cluster IV/XIVa; Saccharomyces cerevisiae; Candida spp. (mayor	Faecalibacterium			
https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/38690025/	Asociación entre la obesidad infantil y la microbiota intestinal: estudio de cohorte basado	Li, X.-M.; Lv, Q.; Chen, Y.-J.; Yan, L.-B.; Xiong, X.	2024		Estudio observacional, prospectivo, tipo cohorte	World Journal of Gastroenterology,	10.3748/wjg.v30.i16.2249	Filo: Firmicutes, Bacteroidetes, Actinobacteria, Proteobacteria, Verrucomicrobia, entre otros.	16S rRNA (regiones V3-V4), Illumina MiSeq	disminución de Bacteroides, Bifidobacterium, Lactobacillus y Akkermansia, junto con una relación	Prevotella Firmicutes (reportado como grupo dominante a nivel	Bacteroides Sanguibacteroides	(IMC) percentil ≥ 95	Niños y niñas Edad: 8-12 años	Total: 60 niños Obesos: n = 30 Normopeso (control): n = 30
10.1089/chi.2018.0040	Obesidad infantil y proporción Firmicutes/Bacteroidetes	Indiani et al.,	2018	América Latina (algunos estudios)	revisión sistemática	Childhood Obesity	10.1089/chi.2018.0040	Nivel de filo (Firmicutes, Bacteroidetes) Nivel de género	16S rRNA y técnicas moleculares (según	Incremento de Firmicutes y del cociente Firmicutes/Bacteroidetes	Firmicutes (↑ como filo); Clostridium leptum; Akkermansia	Faecalibacterium prausnitzii Akkermansia	IMC infantil (percentil ≥ 95)	Niños y adolescentes (ambos sexos), con	evaluó un total de 7 estudios como base
https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/36233658/	The critical role of gut microbiota in obesity	Cheng, Z.; Zhang, L.; Yang, L.; Chu, H.	2022		Revisión narrativa (no sistemática)	Frontiers in Endocrinology	10.3389/fendo.2022.1025706	Filo, género, especie y diversidad microbiana	Secuenciación del gen 16S rRNA Metagenómica shotgun	La obesidad se asocia con menor diversidad de la microbiota intestinal,	Firmicutes (filo) Lactobacillus spp. Clostridium leptum Eubacterium spp.	Bacteroidetes (filo) Akkermansia muciniphila	Índice de Masa Corporal (IMC) IMC ≥ 30 kg/m ² (adultos)	Adultos y población pediátrica	
https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/37824665/	¿Qué causa la obesidad en niños y adolescentes?	Nogueira-de-Almeida, C. A.; Weffort, V. R. S.; Ued, F. V.;	2024	Brasil		Jornal de Pediatria	10.1016/j.jped.2023.07.004	Filo y género (referencial)		La obesidad infantil se asocia con disbiosis intestinal	Firmicutes (↑)	Bacteroidetes ↓ Bifidobacterium	IMC por edad y sexo IMC percentil > 95	Niños y adolescentes (población pediátrica)	Se analizaron 60 estudios seleccionados de un total de 598
https://genomebiology.biomedcentral.com/articles/10.1186/s13059-021-059-021-1	La co-ocurrencia microbiana complica las asociaciones entre la microbiota	Wang, Z.; Usyk, M.; Vázquez-Baeza, Y.; Chen, G. C.; Isasi, C. R.; Williams-	2021	Estados Unidos	Estudio observacional poblacional (cohorte transversal)	Genome Biology	10.1186/s13059-021-02559-w	Género bacteriano	Metagenómica shotgun (secuenciación de genoma completo en	La composición y diversidad de la microbiota intestinal se asocian con el IMC en adultos	Coprococcus Dorea	Prevotella Roseburia Faecalibacter	Normal: 18.5–24.9 kg/m ² Sobrepeso: 25–29.9 kg/m ²	Adultos hispanos/latinos de Estados Unidos	n = 2.640 participantes

Anexo B

Tabla 0-1 – Anexo B

Nivel taxonómico	Taxón	Obesidad	No obesidad	Población	Fuente	Nivel taxonómico	Taxón	Obesidad	No obesidad	Población
Filo	Firmicutes	42–73 % (adultos) / 72.1 ± 12.1 % (niños) ↑	35–56 % (adultos) / 60.9 ± 14.1 % (niños)	Adultos y pediátrica	Pinart 2022; Riva 2017; Li 2024; Indiani 2018	Género	Coprococcus	≈ 2.1 % ↑	≈ 1.3 %	Adultos
Filo	Bacteroidetes	8–31 % (adultos) / 16.6 ± 11.8 % (niños) ↓	11–36 % (adultos) / 30.0 ± 12.6 % (niños)	Adultos y pediátrica	Pinart 2022; Riva 2017; Li 2024; Indiani 2018	Género	Dorea	≈ 3.8 % ↑	≈ 2.5 %	Adultos
Relación	Firmicutes/Bacteroidetes	↑ Relación aumentada	↓ Relación menor	Pediátrica	Indiani 2018	Género	Prevotella	≈ 4.0 % ↓	≈ 5.8 %	Adultos
Filo	Actinobacteria	0.04–1.2 %	0.5–2.3 %	Adultos	Pinart 2022	Género	Roseburia	≈ 1.9 % ↓	≈ 3.1 %	Adultos
Filo	Proteobacteria	0.3–1.5 %	4.2–4.5 %	Adultos	Pinart 2022	Género	Faecalibacterium	≈ 4.7 % ↓	≈ 6.2 %	Adultos
Filo	Verrucomicrobia	↓ (niños)	↑ (niños)	Pediátrica	Li 2024; Indiani 2018	Nivel taxonómico	Taxón	Abundancia relativa (%)	Población	Fuente
Género	Bacteroides	10.5 ± 7.1 % (niños) ↓ / ↓ (~20–40 % poblacional adultos)	21.4 ± 12.2 % (niños) ↑	Adultos y pediátrica	Riva 2017; Kaplan 2019	Filo	Firmicutes	≈ 45–55 %	Pediátrica (6–12 años)	Moran-Ramos 2020
Género	Prevotella	↑ (~15–30 % poblacional)	↓	Adultos	Kaplan 2019	Filo	Bacteroidetes	≈ 30–40 %	Pediátrica	Moran-Ramos 2020
Género	Faecalibacterium	>1 % (↑ correlación con BMI z-score)	>1 %	Pediátrica	Riva 2017; Indiani 2018	Filo	Proteobacteria	≈ 5–10 %	Pediátrica	Moran-Ramos 2020
Género	Subdoligranulum	>1 %	>1 %	Pediátrica	Riva 2017	Filo	Actinobacteria	≈ 3–6 %	Pediátrica	Moran-Ramos 2020