



UNIVERSIDAD
CATÓLICA
DE CUENCA

UNIVERSIDAD CATÓLICA DE CUENCA

Comunidad Educativa al Servicio del Pueblo

UNIDAD ACADÉMICA DE SALUD Y BIENESTAR

CARRERA DE MEDICINA

**MODULACIÓN DE LA MICROBIOTA INTESTINAL EN
EL TRATAMIENTO DE LA OBESIDAD. REVISIÓN
SISTEMÁTICA**

**PROYECTO DE TITULACIÓN PREVIO A LA OBTENCIÓN DEL
TÍTULO DE MÉDICA**

AUTOR: SABRINA LIZBETH URGILES CALDERÓN

DIRECTOR: BQF. GABRIELA DEL ROSARIO CORDERO CORDERO, MGS

AZOGUES - ECUADOR

2025

DIOS, PATRIA, CULTURA Y DESARROLLO



UNIVERSIDAD CATÓLICA DE CUENCA

Comunidad Educativa al Servicio del Pueblo

UNIDAD ACADÉMICA DE SALUD Y BIENESTAR

CARRERA DE MEDICINA

MODULACIÓN DE LA MICROBIOTA INTESTINAL EN EL
TRATAMIENTO DE LA OBESIDAD. REVISIÓN SISTEMÁTICA

**PROYECTO DE TITULACIÓN PREVIO A LA OBTENCIÓN DEL
TÍTULO DE MÉDICA**

AUTOR: SABRINA LIZBETH URGILES CALDERÓN

DIRECTOR: BQF. GABRIELA DEL ROSARIO CORDERO CORDERO, MGS

AZOGUES - ECUADOR

2025

DIOS, PATRIA, CULTURA Y DESARROLLO

Declaratoria de Autoría y Responsabilidad

Sabrina Lizbeth Urgiles Calderón portador(a) de la cédula de ciudadanía N° **0350091617**. Declaro ser el autor de la obra: **“Modulación de la microbiota intestinal en el tratamiento de la obesidad. Revisión sistemática”**, sobre la cual me hago responsable sobre las opiniones, versiones e ideas expresadas. Declaro que la misma ha sido elaborada respetando los derechos de propiedad intelectual de terceros y eximo a la Universidad Católica de Cuenca sobre cualquier reclamación que pudiera existir al respecto. Declaro finalmente que mi obra ha sido realizada cumpliendo con todos los requisitos legales, éticos y bioéticos de investigación, que la misma no incumple con la normativa nacional e internacional en el área específica de investigación, sobre la que también me responsabilizo y eximo a la Universidad Católica de Cuenca de toda reclamación al respecto.

Azogues, **10 de junio de 2025**



Firma electrónica emitida por:
**SABRINA LIZBETH
URGILES CALDERON**

F:

Sabrina Lizbeth Urgiles Calderón

C.I. 0350091617

CERTIFICADO DE DIRECTOR DE TESIS

BQF. GABRIELA DEL ROSARIO CORDERO CORDERO, MGS.

DOCENTE DE LA CARRERA DE MEDICINA

De mi consideración:

Yo, Gabriela del Rosario Cordero Cordero, certifico que el presente trabajo de titulación, denominado “Modulación de la microbiota intestinal en el tratamiento de la obesidad. Revisión sistemática”, realizado por la estudiante Sabrina Lizbeth Urgiles Calderón, con documento de identidad 0350091617, previo a la obtención del título de Médica, ha sido asesorado, orientado, supervisado y revisado durante su ejecución bajo mi tutoría en todo el proceso, por lo que certifico que el presente documento fue desarrollado siguiendo los parámetros impuestos y se sujeta a las normas éticas de investigación que exige la Universidad Católica de Cuenca, por lo que está expedito para su presentación y sustentación ante el respectivo tribunal.

Azogues, 10 de junio de 2025



F:

BQF. Gabriela del Rosario Cordero Cordero, Mgs.

C.I. 0104467758

Modulación de la microbiota intestinal en el tratamiento de la obesidad. Revisión

Sistemática

Sabrina Lizbeth Urgiles Calderón, Gabriela del Rosario Cordero Cordero

Universidad Católica de Cuenca, sabrina.urgiles@est.ucacue.edu.ec

Resumen

Las investigaciones sobre la relación entre microbiota intestinal y obesidad han incrementado en las últimas décadas. El primer vínculo que se estableció fue en estudios en ratones, a partir de ahí los investigadores han determinado una relación entre las intervenciones dietéticas y la composición de la microbiota, demostrando que la modulación puede aumentar la población de microorganismos benéficos y provocar cambios en el peso corporal, proporcionando un enfoque terapéutico potencial para la obesidad, un trastorno metabólico que se ha convertido en una crisis de salud pública, cuya prevalencia se ha triplicado desde 1975 y continúa aumentando significativamente, por ello, el objetivo general de este estudio es abordar la modulación de la microbiota intestinal como tratamiento de la obesidad. Para ello se realizó una revisión sistemática de tipo cualitativo utilizando el método PRISMA, mediante la búsqueda de artículos científicos originales en diferentes bases de datos, de los últimos 5 años, en idioma español o inglés. Se analizaron los datos recopilados de diferentes estudios, en los cuales se examinó el tipo de intervención realizada y los efectos producidos en los pacientes, principalmente en sus parámetros antropométricos y bioquímicos, así como el impacto en la microbiota intestinal, por lo tanto se ha concluido que, las diferentes dietas y el consumo de prebióticos y probióticos pueden modificar la composición de la microbiota intestinal, y esta ser usada como tratamiento para la obesidad al mejorar y controlar ciertas medidas antropométricas y valores bioquímicos como la glucosa y el perfil lipídico.

Palabras clave: microbiota intestinal, obesidad, dieta, probióticos, prebióticos

Modulation of the Gut Microbiota in the Treatment of Obesity: A Systematic Review

Abstract

Research on the relationship between gut microbiota and obesity has significantly increased in recent decades. The first connection was established through studies in mice; researchers have identified a relationship between dietary interventions and microbiota composition. These studies have demonstrated that modulation of the gut microbiota can increase the population of beneficial microorganisms and lead to changes in body weight, providing a potential therapeutic approach for obesity, a metabolic disorder that has become a public health crisis. Since 1975, the prevalence of obesity has tripled and continues to rise significantly. Therefore, this study aims to explore gut microbiota modulation as a treatment for obesity. A qualitative systematic review was conducted following PRISMA guidelines, involving the selection of original scientific articles published within the last five years, in Spanish or English, from various academic databases. Data were extracted and analyzed from multiple studies focusing on the type of intervention applied and its effects on patients, particularly with anthropometric and biochemical parameters, as well as its impact on gut microbiota composition. The findings suggest that different diets, as well as the intake of prebiotics and probiotics, can alter the composition of the gut microbiota, which in turn may be used as a treatment strategy for obesity by improving and regulating anthropometric measures and biochemical markers, such as glucose levels and lipid profiles.

Keywords: gut microbiota, obesity, diet, probiotics, prebiotics

ÍNDICE

Índice	V
Introducción	1
Metodología	3
Resultados	4
Discusión	18
Conclusión	26
Referencias.....	29

Introducción

Durante las últimas décadas, las investigaciones sobre el papel de la microbiota intestinal en la regulación de la obesidad han incrementado rápidamente. A inicios del siglo XXI, se realizaron estudios en ratones tanto delgados como obesos, siendo los primeros en establecer un vínculo causal entre la composición microbiana y un fenotipo obeso, que posteriormente se corroboró en humanos. Inicialmente se descubrió que los ratones libres de gérmenes presentaban una resistencia contra la obesidad inducida por los hábitos dietéticos, incluso ante una dieta rica en grasas. Así pues, al llevar a cabo un trasplante fecal de ratones criados convencionalmente o genéticamente obesos a aquellos libres de gérmenes, dio como resultado un mayor aumento de peso. A partir de ello, una serie de estudios han demostrado la estrecha relación que existe entre la microbiota y los cambios en el peso corporal, lo cual evidencia que su composición difiere en individuos obesos y delgados (1–3).

A medida que los ensayos clínicos continúan corroborando la importancia de esta relación, se ha despertado interés en los mecanismos que pueden modular la microbiota intestinal para rectificar el estado de desequilibrio de la misma, también conocido como disbiosis. Entre los factores que provocan cambios en la composición taxonómica se ha establecido que los patrones dietéticos desempeñan un papel fundamental en su remodelación y pueden alterar de forma drástica su estructura incluso en tan solo 24 horas. Por ello, los datos proponen que hasta el 57% de la diversidad microbiana se explica solamente por la dieta, comparado con el 12% atribuido a la variación genética (3).

Las intervenciones dietéticas dirigidas a corregir la alteración de la microbiota observada en la obesidad o posterior a una dieta desequilibrada, proporcionan beneficios para la salud de los pacientes al prevenir el exceso de adiposidad o ayudar en la regulación del peso corporal. No obstante, la modulación puede ser positiva o negativa de acuerdo

a los factores dietéticos. Aquellas personas que han aplicado una dieta con restricción de grasas o carbohidratos, han experimentado una pérdida de peso que se asocia con un enriquecimiento genético de las especies bacterianas del intestino y una reducción del grado de inflamación sistémica crónica. Debido a esto, centrarse en la microbiota intestinal para incrementar la cantidad de los microorganismos benéficos se puede considerar un potencial enfoque terapéutico para la obesidad (1,2,4).

Después de las consideraciones anteriores, se debe destacar que la obesidad se ha convertido en uno de los desafíos más grandes en lo que respecta a la salud a nivel global y a su vez, es una crisis de salud pública, cuya prevalencia ha incrementado su valor tres veces desde 1975. Según datos de la Organización Mundial de la Salud (OMS), en el año 2016, un porcentaje del 39% de adultos tenían sobrepeso, mientras que un 13% presentaba obesidad. Así también, de acuerdo a la Organización Panamericana de la Salud (OPS), en el mismo año, se estimó una prevalencia de obesidad en la población adulta correspondiente al 28% en la región de las Américas, siendo la más alta entre todas las que conforman la OMS. Frente a dichas cifras, se ha implementado programas de prevención y tratamiento de obesidad, sin embargo, los resultados siguen siendo bastante limitados y se requieren nuevas estrategias para abordar esta problemática de forma efectiva (3,5,6).

Debido a esto, el esfuerzo por estudiar y comprender la microbiota intestinal en relación con esta patología ha aumentado, y consecuentemente lo ha hecho el interés en la modulación de la misma como una estrategia efectiva y segura para reducir el riesgo de obesidad y mejorar la salud metabólica, pero sobre todo más accesible y económica en comparación con otros enfoques de tratamiento para perder peso (1,2).

Por esta razón, la importancia de realizar una revisión sistemática sobre dicho tema, radica en la utilidad de esta investigación como fuente de información tanto para estudiantes, así como para profesionales de la salud, especialmente aquellos que forman parte del manejo multidisciplinario de la obesidad, quienes, con los conocimientos actualizados sobre un potencial tratamiento para esta patología, podrían considerarla como una alternativa para mejorar la condición de sus pacientes.

Objetivos

Objetivo General

- Abordar la modulación de la microbiota intestinal como tratamiento de la obesidad.

Objetivos específicos

- Reconocer los enfoques moduladores de la microbiota intestinal y sus principales efectos.
- Relacionar los cambios en el peso corporal de los pacientes y la composición de la microbiota intestinal.
- Identificar el nivel de eficacia de la modulación de la microbiota intestinal en el tratamiento de la obesidad.

Metodología

La presente revisión sistemática será de tipo cualitativo, descriptivo, retrospectivo, con un enfoque de teoría fundamentada, utilizando el método PRISMA se realizará una búsqueda de artículos científicos indexados en bases de datos, considerando estudios clínicos, ensayos clínicos, ensayos clínicos controlados aleatorizados, publicados en el periodo 2019-2023, en idioma español y/o inglés, empleando las palabras claves “microbiota intestinal”, “obesidad”, “dieta”, “prebióticos”, “probióticos”, así como

también “gut microbiota”, “obesity”, “diet”, “prebiotics”, “probiotics”, y sus combinaciones utilizando el comando booleano AND, para lo cual se consultará en distintas bases de datos, tales como Pubmed (109), Scopus (662), Web of Science (326) y Taylor & Francis (233). Además, se considerará las referencias bibliográficas encontradas en los diferentes artículos seleccionados. Para la traducción de los documentos en inglés se utilizará DeepL Translate.

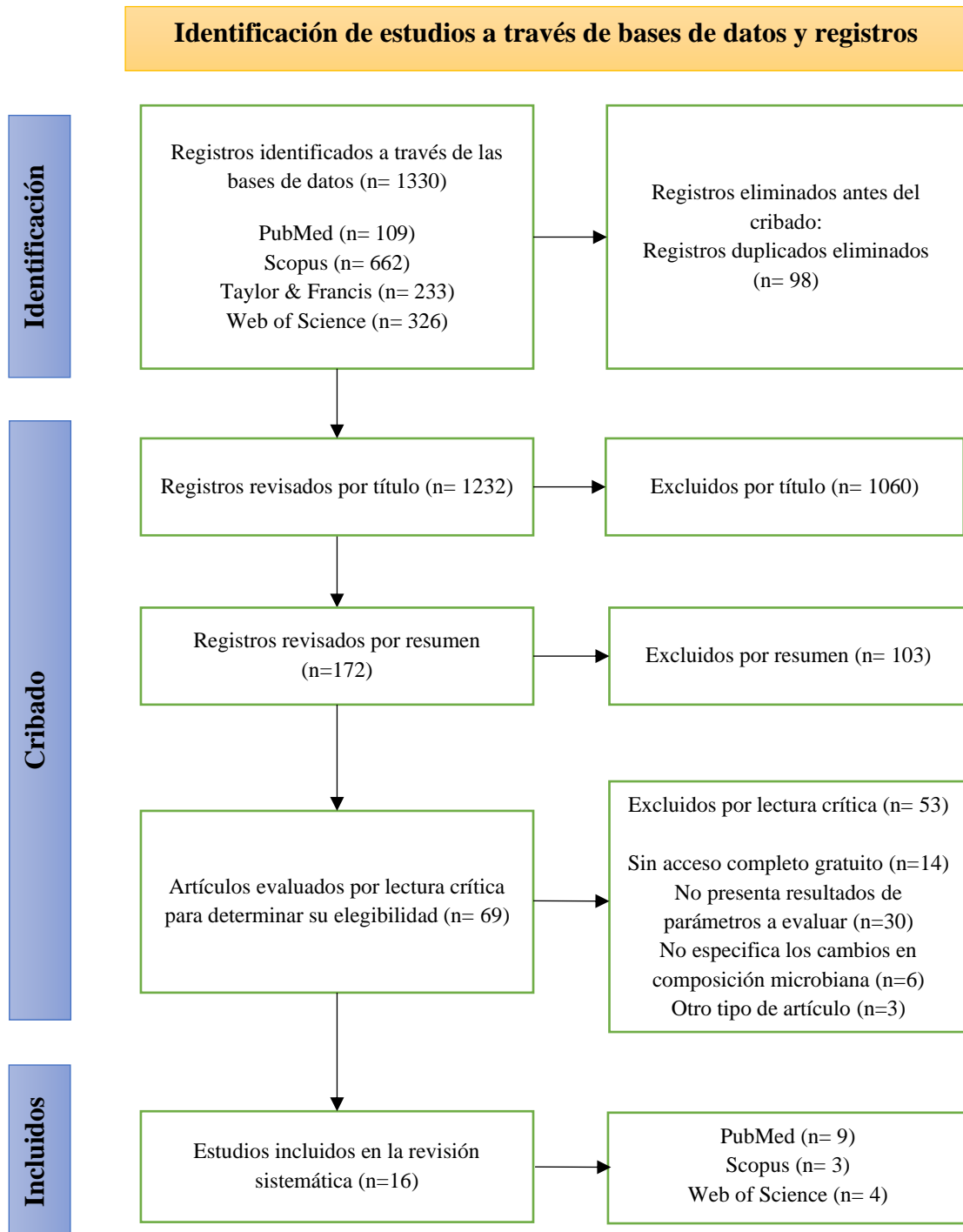
Los criterios de inclusión fueron artículos científicos originales relacionados con el tema, tales como estudios clínicos, ensayos clínicos, ensayos clínicos controlados aleatorizados, la fecha de publicación debía corresponder al periodo comprendido entre 2019 y 2023, idioma español y/o inglés, y artículos que presentaban los resultados con el valor p. Los criterios de exclusión abarcaban tesis de pre y posgrado, actas de congresos, informes de investigación, memorias, proyectos, patentes, cartas al editor, fecha de publicación menor al 2019, idioma diferente al español y/o inglés, artículos que no incluían el valor p y estudios realizados en animales.

Resultados

Las bases de datos empleadas para la búsqueda de información fueron las siguientes: PubMed, Scopus, Taylor & Francis y Web of Science. La estrategia de búsqueda se basó en utilizar las palabras clave y operadores booleanos, incluyendo: *gut microbiota* AND *diet* AND *treatment of obesity*. Tras los criterios de inclusión, se encontraron un total de 1330 publicaciones, de los cuales se eliminaron 98 duplicados. Posteriormente, se revisaron por título 1232 artículos, excluyendo 1060 que no abordaron la temática propuesta, continuando con el cribado por resumen, de los 172 evaluados se eliminaron 103. De tal manera, 69 documentos fueron seleccionados para la lectura crítica del texto completo, de los cuales 30 no presentaron resultados de los parámetros a evaluar, incluyendo valor p, 14 no tuvieron acceso completo gratuito, 6 no especificaron los

cambios que se producían en la composición de la microbiota intestinal y 3 correspondieron a otro tipo de artículo diferente a los mencionados en los criterios de inclusión, obteniéndose un total de 16 estudios que fueron incluidos en la revisión sistemática, tal y como se muestra en la figura 1.

Figura 1. Diagrama de flujo PRISMA



Se observó que el 56.23% de las publicaciones pertenecen a la base de datos PubMed, 25% a Scopus y 18.75% a Web of Science. Con respecto a las revistas, el 100% se publicaron en revistas internacionales, tales como: The American Journal of Clinical Nutrition, Gut, Clinical Nutrition, Metabolites, The Journal of clinical endocrinology and metabolism, Journal of Personalized Medicine, European Journal of Nutrition, Nutrients, Frontiers in Nutrition, Molecular Nutrition & Food Research, European Journal of Nutrition, Diabetes and Metabolism Journal, World Journal of Gastroenterology, y Frontiers in Endocrinology. En cuanto al año de publicación, el 25% fue en 2020, el 37.5% en 2021, el 18.75% en 2022 y el mismo porcentaje en 2023. Además, los artículos también se caracterizaron por los autores, la población de estudio, el tipo de intervención y los efectos de cada una sobre la salud del paciente, tal como se muestra en la tabla 1.

Tabla 1. Características de los estudios seleccionados.

Nº	AUTOR (ES) Y AÑO	POBLACIÓN DE ESTUDIO	TIPO DE INTERVENCIÓN	IMPACTO EN MICROBIOTA	CAMBIOS EN EL PACIENTE	PRE INTERVENCIÓN	POST INTERVENCIÓN	VALOR P
1	Muralidharan J, Moreno-Indias I, Bulló M, Lopez JV, Corella D, Castañer O, Vidal J, Atzeni A, Fernandez-García JC, Torres-Collado L, Fernández-Carrión R, Fito M, Olbeyra R, Gomez-Perez AM, Galiè S, Bernal-López MR, Martínez-Gonzalez MA, Salas-Salvadó J, Tinahones FJ. (2021)	362 participantes (188 mujeres y 174 hombres, IMC ≥ 27 y ≤ 40 kg/m ² , edad 55 a 75 años)	Dieta mediterránea (n=183) durante 12 meses	No se observaron cambios en la diversidad α . 7 de los 15 géneros que redujeron su abundancia relativa pertenecían a la familia Lachnospiraceae. Se observó un cambio significativo en la abundancia relativa de miembros pertenecientes al filo Firmicutes: Haemophilus, Butyricoccus, Eubacterium hallii y Ruminiclostridium 5 se redujeron y Coprobacter, Ruminococcáceas NK4A214 y las bacterias no cultivadas (del orden Rhodospirillales) aumentaron. Si bien hubo reducciones en la abundancia relativa de Dorea, Roseburia y Coprococcus (todos reportados como productores de SCFA de la familia Lachnospiraceae), observamos dentro del mismo grupo un aumento selectivo en otros como el grupo Lachnospiraceae NK4A136 y Ruminococcaceae (UCG-003, UCG-002). También observamos que algunos géneros (Lachnospira, grupo Lachnospiraceae NK4A136 y Alistipes) cambiaron en la misma dirección. También se observó un aumento significativo en la proporción Bacteroidetes/Firmicutes (B/F) pero sin cambios en la relación Prevotella/Bacteroides (P/B).	IMC, kg/m ²	33,4	-1,6	<0,001
					Peso corporal, kg	89,7	-4,2	<0,001
					Circunferencia de la cintura, cm	110,7	-5	<0,001
					Glucosa en ayunas, mg/dL	104,0	-5,0	<0,001
					Colesterol total, mg/dL	203,0	-1,0	0,767
					Colesterol HDL, mg/dL	46,0	3,0	0,012
					Colesterol LDL, mg/dL	116,0	1,0	0,577
					Triglicéridos, mg/dL	46,0	-19,0	0,028
2	Meslier V, Laiola M, Roager HM, De Filippis F, Roume H, Quinquis B, Giacco R, Mennella I, Ferracane R, Pons N, Pasolli E, Rivellese A, Dragsted LO, Vitaglione P, Ehrlich SD, Ercolini D. (2020)	82 participantes (43 mujeres y 39 hombres, IMC promedio $31,1 \pm 4,5$ kg/m ² , edad 43 ± 12 años)	Dieta mediterránea (n=43) durante 8 semanas	La riqueza microbiana general se mantuvo. Ruthenibacterium lactatiformans, Flavonifractor plautii, Parabacteroides merdae, Ruminococcus torques y Ruminococcus gnavus se redujeron significativamente, junto con Streptococcus thermophilus. Cinco miembros del clado Faecalibacterium prausnitzii se enriquecieron, junto con varios miembros de los taxones Roseburia, Clostridiales y Lachnospiraceae. Además, niveles iniciales significativamente más altos de varias especies de Bacteroides (incluidos B. uniformis y B. vulgatus) y niveles menores de Prevotella sp. y P. copri.	IMC, kg/m ²	$30,9 \pm 3,8$	$30,5 \pm 3,6$	0,4
					Peso corporal, kg	$87,1 \pm 12,4$	$86,0 \pm 12,2$	0,42
					Circunferencia de la cintura, cm	$105,8 \pm 12,1$	$104,8 \pm 10,8$	0,75
					Masa grasa, kg	$26,1 \pm 7,0$	$25,6 \pm 6,1$	0,53
					Glucosa en ayunas, mmol/L	$5,20 \pm 0,58$	$5,31 \pm 0,47$	0,36
					Colesterol total, mmol/L	$4,85 \pm 1,01$	$4,64 \pm 1,01$	0,24
					Colesterol HDL, mmol/L	$1,24 \pm 0,26$	$1,19 \pm 0,23$	0,35
					Colesterol LDL, mmol/L	$3,03 \pm 0,86$	$2,91 \pm 0,84$	0,4
Triglicéridos, mmol/L	$1,25 \pm 0,56$	$1,17 \pm 0,54$	0,52					

3	Vitale M, Giacco R, Laiola M, Della Pepa G, Luongo D, Mangione A, Salamone D, Vitaglione P, Ercolini D, Rivellese AA. (2021)	29 participantes (15 mujeres y 14 hombres, IMC entre 25 y 35 kg/m ² , edad 20 a 60 años)	Dieta mediterránea (n=16) durante 8 semanas.	Se produjeron variaciones significativas en los taxones microbianos como resultado de la intervención. Se observó un aumento significativo en la diversidad alfa en el grupo MedD. Curiosamente, entre otros encontramos una disminución significativa en la abundancia relativa de Ruminococcus torques, Coprococcus comes, Streptococcus gallolyticus y Flavonifractor plautii, y un aumento significativo en la abundancia relativa de Intestinimonas butyriciproducens y Akkermansia muciniphila en el grupo Med-D tras 8 semanas de intervención.	IMC, kg/m ²	28.9 ± 2.3	28.9 ± 2.4	0,831
					Peso corporal, kg	82.2 ± 11.7	82.3 ± 12.0	0,824
					Circunferencia de la cintura, cm	97.1 ± 8.9	97.2 ± 8.9	0,852
					Colesterol total, mg/dL	190 ± 43	179 ± 43	0.071
					Colesterol HDL, mg/dL	46 ± 7	44 ± 6	0.812
					Colesterol LDL, mg/dL	123 ± 38	114 ± 38	0.041
					Triglicéridos, mg/dL	98 ± 43	101 ± 45	0,862
4	Deledda A, Palmas V, Heidrich V, Fosci M, Lombardo M, Cambarau J, Lai A, Melis M, Loi E, Loviselli A, Manzin A, Velluzzi F. (2022)	12 participantes (6 mujeres y 6 hombres, IMC ≥28 kg/m ² , edad 45 y 65 años)	Dieta mediterránea (DM) bajo en calorías (grupo MEDI: n= 5) y dieta cetogénica muy baja en calorías VLCKD (grupo KETO: n=6) durante 3 meses.	No se obtuvieron diferencias estadísticamente significativas en la diversidad. En cuanto al grupo KETO, los resultados mostraron que después de tres meses, 22 taxones microbianos se elevaron significativamente y 10 se agotaron significativamente. El filo Verrucomicrobiota fue identificado como el principal biomarcador en KETO, junto con sus miembros Verrucomicrobiae, Verrucomicrobianes, Akkermansiaceae y Akkermansia; mientras que dentro del filo Firmicutes las asociaciones más fuertes estuvieron relacionadas con el orden Christensenellales y la familia Christensenellaceae. Al mismo tiempo, el filo Actinobacteroidota se redujo significativamente; mientras que, dentro del filo Firmicutes, los géneros pertenecientes a la familia Lachnospiraceae (Agathobacter, Anaerostipes, Fusicatenibacter y Dorea), a la familia Ruminococcaceae (Subdoligranulum) y los géneros Barnesiella y Butyricimonas (pertenecientes al filo Bacteroidota y al orden Bacteroidales), los géneros del grupo torques Lachnospiraceae y X Ruminococcus (pertenecientes al filo Firmicutes y a la familia Lachnospiraceae) se redujeron significativamente. En cuanto al grupo MEDI, observamos el filo Actinobacteroidota fue identificado como el único taxón que aumentó después de tres meses; también se relacionaron fuertes asociaciones con el filo Firmicutes.	IMC, kg/m ²	MEDI: 30.2 ± 4.2 KETO: 35.3 ± 4.3	29.1 ± 4.8 30.0 ± 3.4	0.02 <0.0001
					Peso corporal, kg	MEDI: 86.7 ± 16.8 KETO: 95.2 ± 15.2	83.6 ± 18.3 80.9 ± 12.3	0.02 <0.0001
					Circunferencia de la cintura, cm	MEDI: 109 ± 8.6 KETO: 115.8 ± 6.6	104.3 ± 9.5 103.5 ± 7.8	0.004 <0.0002
					Glucosa en ayunas, mg/dL	MEDI: 133.8 ± 10.2 KETO: 127.7 ± 29.4	140.6 ± 23.5 102.8 ± 17.5	0.57 0.08
					Colesterol total, mg/dL	MEDI: 219.2 ± 11.6 KETO: 215.5 ± 66.3	210.2 ± 20.7 168 ± 40.7	0.36 0.08
					Colesterol HDL, mg/dL	MEDI: 53.4 ± 9.2 KETO: 48.7 ± 11.9	59.6 ± 8.4 48.8 ± 9.1	0.16 0.9
					Colesterol LDL, mg/dL	MEDI: 139.8 ± 12.8 KETO: 137.3 ± 57.0	124.2 ± 12.4 103.6 ± 39.1	0.09 0.13
Triglicéridos, mg/dL	MEDI: 130.4 ± 73.1 KETO: 146.3 ± 82.7	131.6 ± 96.4 62.5 ± 19.4	0.92 0.08					

5	Gutiérrez-Repiso, C; Molina-Vega, M; Bernal-López, MR; Garrido-Sánchez, L; García-Almeida, JM; Sajoux, I; Moreno-Indias, I; Tinahones, FJ. (2021)	61 participantes (34 mujeres y 27 hombres, IMC \geq 28 kg/m ² , edad 30 y 70 años)	MedDiet: grupo de Dieta Mediterránea (n = 21) durante 6 meses; VLCKD: grupo de dieta cetogénica muy baja en calorías (n = 18) durante 2 meses.	Solo la intervención MedDiet produjo un aumento en la diversidad α . A nivel familiar, encontramos un microbioma central común compartido por las intervenciones que comprende 10 familias: Bacteroidaceae, Ruminococcaceae, Lachnospiraceae, Porphyromonadaceae, Desulfovibrionaceae, Sutterellaceae, Rikenellaceae, Eubacteriaceae, Clostridiaceae y Coriobacteriaceae. Sólo Clostridiaceae aumentó significativamente su abundancia con MedDiet y VLCKD, mientras que Porphyromonadaceae y Rikenellaceae aumentaron significativamente con VLCKD. La familia Bacteroidaceae disminuyó su abundancia en VLCKD. Lachnospiraceae aumentó significativamente su abundancia en MedDiet en comparación con VLCKD. A nivel de género, el microbioma central común después de las intervenciones comprendía 9 géneros: Bacteroides, Faecalibacterium, Bilophila, Alistipes, Parabacteroides, Eubacterium, Ruminococcus, Blautia y Clostridium. Solo Alistipes y Parabacteroides aumentaron significativamente su abundancia mientras que Lactobacillus disminuyó en VLCKD. Cuando analizamos los cambios en este microbioma central a través de las intervenciones, encontramos que Bacteroides disminuyó su abundancia en VLCKD, mientras que Ruminococcus disminuyó en VLCKD en comparación con MedDiet. El aumento de parabacteroides fue significativamente mayor en VLCKD en comparación con MedDiet. A nivel de especie, el microbioma central común después de las intervenciones comprendía cinco especies: Faecalibacterium prausnitzii, Bilophila wadsworthia, Bacteroides vulgatus, Bacteroides uniformis y Parabacteroides distasonis. Solo P. distasonis aumentó su abundancia en VLCKD.	IMC, kg/m ²	MEDI: 33,4 (3,3) VLCKD: 33,0 (1,4)	30,6 (3,3) 28,5 (1,3)	< 0,001 < 0,001
					Peso corporal, kg	MEDI: 88,1 (11,2) VLCKD: 93,1 (10,2)	80,3 (10,9) 80,2 (7,4)	< 0,001 < 0,001
					Circunferencia de la cintura, cm	MEDI: 112,0 (8,1) VLCKD: 110,4 (6,5)	104,2 (8,1) 97,8 (6,6)	< 0,001 < 0,001
					Glucosa en ayunas, mg/dL	MEDI: 106,2 (18,9) VLCKD: 87,2 (9,4)	100,3 (10,3) 83,1 (9,2)	< 0,05 < 0,05
					Colesterol total, mg/dL	MEDI: 213,3 (32,6) VLCKD: 203,9 (31,6)	198,2 (35,6) 185,8 (30,0)	< 0,05 < 0,05
					Colesterol HDL, mg/dL	MEDI: 51,3 (12,7) VLCKD: 53,5 (13,1)	56,2 (13,2) 53,2 (12,7)	< 0,05 < 0,05
					Colesterol LDL, mg/dL	MEDI: 131,1 (31,6) VLCKD: 125,4 (30,5)	118,0 (33,6) 116,0 (27,3)	< 0,05 < 0,05
Triglicéridos, mg/dL	MEDI: 155,1 (45,2) VLCKD: 137,1 (63,2)	119,7 (46,3) 83,1 (23,9)	< 0,01 < 0,01					
6	Basciani S, Camajani E, Contini S, Persichetti A, Risi R, Bertoldi L, Strigari L, Prossomariti G, Watanabe M, Mariani S, Lubrano	48 participantes (29 mujeres y 19 hombres, IMC entre 30 y 40 kg/m ² , edad 50 y 70 años)	Dietas cetogénicas bajas en calorías (VLCKD) con proteína de suero (WPG) (n=16), VLCKD con proteína vegetal (VPG) (n=16) y	La abundancia relativa de Firmicutes disminuyó significativamente y la de Bacteroidetes aumentó proporcionalmente 45 días después del inicio de las VLCKD. La abundancia relativa media de Proteobacteria también aumentó, mientras que la de Actinobacteria disminuyó (datos no mostrados). Con el tiempo, la abundancia relativa de Bacteroidetes aumentó y la abundancia de Firmicutes disminuyó significativamente, independientemente del tipo de dieta, con la única excepción en el VPG, en el que el aumento	IMC, kg/m ²	WPG: 35,8 \pm 5,0 VPG: 36,1 \pm 4,3 APG: 35,7 \pm 3,7	32,6 \pm 4,8 32,9 \pm 4,0 32,8 \pm 3,7	0.035 0.020 0.016
					Peso corporal, kg	WPG: 102,02 \pm 12,04 VPG: 102,10 \pm 12,36 APG: 98,36 \pm 14,49	94,05 \pm 11,43 94,08 \pm 11,92 91,72 \pm 14,48	0.032 0.041 0.106
					Circunferencia de la cintura, cm	WPG: 110,0 \pm 9,4 VPG: 108,2 \pm 8,5 APG: 105,3 \pm 9,1	102,8 \pm 8,4 102,5 \pm 7,6 99,1 \pm 10,2	0.014 0.031 0.040

8	Kahleova H, Rembert E, Alwarith J, Yonas WN, Tura A, Holubkov R, Agnello M, Chutkan R, Barnard ND. (2020)	168 participantes (143 mujeres y 25 hombres, IMC entre 28 y 40 kg/m ² , edad 25 a 75 años)	Dieta vegana baja en grasas (n=84) durante 16 semanas	La diversidad α , que es la medida de la diversidad microbiana dentro de cada muestra, permaneció sin cambios en el grupo vegano. La abundancia relativa de Bacteroidetes aumentó de manera insignificante. La proporción de Firmicutes a Bacteroidetes no cambió significativamente en ninguno de los grupos. La abundancia relativa de <i>Faecalibacterium prausnitzii</i> aumentó en el grupo vegano, y una menor disminución en la abundancia relativa de <i>Bacteroides fragilis</i> lo que hace que el efecto del tratamiento sea positivo.	IMC, kg/m ²	32,6 ± 3,7	30,5	<0,001
					Peso corporal, kg	92,9	86,5	<0,001
					Masa grasa, kg	39,8	35,7	<0,001
9	Aldubayan MA, Mao X, Laursen MF, Pigsborg K, Christensen L, Roager HM, Nielsen DS, Hjorth MF, Magkos F. (2023)	82 participantes (56 mujeres y 26 hombres, IMC ≥27 pero <40 kg/m ² , edad entre 18 y 65 años)	Dieta de origen vegetal (n=82) y un subgrupo recibió 20 g/d de inulina (ITF) + fructooligosacáridos (n=21) durante 10 semanas	Observamos una disminución en la riqueza de la microbiota intestinal en toda la cohorte. La abundancia relativa entre el inicio y el final del ensayo aumentó para Ruminococcaceae y Bifidobacteriaceae y disminuyó para Lachnospiraceae. Estos cambios fueron impulsados en gran medida por la suplementación de la ITF. Además, la abundancia relativa de Erysipelotrichaceae y Coriobacteriaceae se redujo en toda la cohorte. Hubo un aumento significativo en el filo Actinobacteria en el grupo de prebióticos ITF. A nivel de género, la suplementación con prebióticos ITF resultó en un aumento significativo en la abundancia relativa de <i>Bifidobacterium</i> y <i>Faecalibacterium</i> ; este último pareció aumentar a expensas de <i>Collinsella</i> en el subgrupo ITF y en todos los sujetos. Se detectó un aumento significativo en la abundancia relativa de especies de <i>Faecalibacterium prausnitzii</i> (<i>F. prausnitzii</i>) en el subgrupo de prebióticos ITF. Todos los cambios desde el inicio hasta el final del ensayo en el grupo de control no fueron significativos y no se observaron diferencias significativas entre los subgrupos, excepto el cambio en <i>F. prausnitzii</i> .	IMC, kg/m ²	TODOS: 96 ± 16 ITF: 96,7 ± 14 CONTROL: 101 ± 14	-1,0 ± -1,0 -1,1 ± 0,2 -1,2 ± 0,2	<0,01 <0,01 <0,01
					Peso corporal, kg	TODOS: 32 ± 3,5 ITF: 32,5 ± 3,4 CONTROL: 33 ± 3,8	-3,2 ± 3,1 -3,3 ± 0,7 -3,7 ± 0,7	<0,01 <0,01 <0,01
					Circunferencia de la cintura, cm	TODOS: 102 ± 11 ITF: 104 ± 9,6 CONTROL: 105 ± 11	-2,2 ± 3,3 -2,7 ± 0,8 -2,6 ± 0,8	<0,01 <0,01 <0,01
					Masa grasa, kg	TODOS: 38,5 ± 9 ITF: 40 ± 9,5 CONTROL: 40 ± 9	-2,0 ± 2,3 -2,3 ± 0,6 -2,4 ± 0,6	<0,01 <0,01 <0,01
					Glucosa en ayunas, mg/dL	TODOS: 94,0 ± 9,0 ITF: 95,3 ± 8,7 CONTROL: 95,2 ± 10,5	-1,4 ± 5,8 -0,2 ± 1,3 -0,9 ± 1,3	<0,05 >0,05 >0,05
					Colesterol total, mmol/L	TODOS: 4,9 ± 0,9 ITF: 4,7 ± 0,8 CONTROL: 4,9 ± 1,0	-0,3 ± 0,5 -0,2 ± 1,0 -0,3 ± 1,0	<0,01 >0,05 <0,01
					Colesterol HDL, mmol/L	TODOS: 1,4 ± 0,3 ITF: 1,3 ± 0,3 CONTROL: 1,24 ± 0,24	-0,06 ± 0,15 -0,10 ± 0,03 -0,05 ± 0,03	<0,01 <0,01 >0,05
					Colesterol LDL, mmol/L	TODOS: 3,0 ± 0,8 ITF: 2,8 ± 0,7 CONTROL: 3,3 ± 0,8	-0,16 ± 0,44 -0,04 ± 0,08 -0,24 ± 0,07	<0,01 >0,05 <0,01
					Triglicéridos, mmol/L	TODOS: 1,0 ITF: 1,1 CONTROL: 1,1	-4,4 1,4 3,3	>0,05 >0,05 >0,05

10	Benítez-Páez A, Hess AL, Krautbauer S, Liebisch G, Christensen L, Hjørth MF, Larsen TM, Sanz Y; MyNewGut consortium. (2021)	80 participantes (IMC promedio de 32,8 ± 3,9 kg/m2, adultos)	Fibra prebiótica: 10 g día-1 de inulina + dieta de restricción calórica (-500 kcal/día) (n=39) durante 12 semanas	No se observaron cambios en la diversidad y riqueza de la microbiota. De las identificadas con precisión a nivel de especie, encontramos una reducción predominante de especies de Bacteroides como B. cellulosilyticus, B. timonensis y B. fragilis. Además, Ruminococcus torques y Roseburia intestinalis también disminuyeron. Globalmente, el régimen de restricción calórica indujo un aumento de las especies de Bifidobacterium longum. Cuando se evaluó el suplemento entre puntos temporales, detectamos que Bifidobacterium adolescentis y Parabacteroides distasonis se vieron potenciados por la fibra. El efecto de la suplementación con fibra aumentó la abundancia de P. distasonis por igual en hombres y mujeres.	IMC, kg/m2	32,8 ± 3,9	30,7 ± 3,9	<0.001
					Peso corporal, kg	95.5 ± 16.9	89.4 ± 16.7	<0.001
					Circunferencia de la cintura, cm	103.9 ± 10.7	98.2 ± 11.1	<0.001
					Masa grasa, kg	40.4 ± 9.4	35.6 ± 9.6	<0.001
					Glucosa en ayunas, mmol/L	5.79 ± 1.24	5.44 ± 0.37	<0.001
					Colesterol total, mmol/L	5.19 ± 0.85	4.92 ± 0.89	0.016
					Colesterol HDL, mmol/L	1.31 ± 0.27	1.23 ± 0.25	0.008
					Colesterol LDL, mmol/L	3.22 ± 0.79	3.08 ± 0.79	0.069
					Triglicéridos, mmol/L	1.44 ± 0.60	1.36 ± 0.70	0.264
11	Lundby-Hess A, Benítez-Páez A, Blædel T, Larsen LH, Iglesias JR, Madera C, Sanz Y, Larsen TM; MyNewGut Consortium. (2020)	86 participantes (55 mujeres y 31 hombres, IMC de 28 a 45 kg/m2, edad entre 18 y 60 años)	Fibra prebiótica 20 g/día (10 g de fructanos tipo inulina de raíz de achicoria, Fibroline® Instant, y 10 g de maltodextrina resistente a la digestión derivada del maíz, Fibersol® - 2) + dieta de restricción calórica (-500 kcal/día) (n=42) durante 12 semanas	No tuvo influencia en diversidad α . La mayor variación relacionada con el sexo se observó en el género Paraprevotella, que fue significativamente más abundante en hombres que en mujeres. Los géneros Bilophila, Hungatella, Acetanaerobacterium y Faecalibaculum mostraron las mayores asociaciones positivas significativas con el IMC basal. Los géneros Parabacteroides y Bifidobacterium fueron potenciados específicamente por la ingesta de fibra, que ejerció un efecto opuesto sobre los géneros Bilophila y Ruminococcus.	IMC, kg/m2	33,0 ± 3,78	30,9 ± 3,87	<0,0001
					Peso corporal, kg	95,4 ± 16,7	89,3 ± 16,4	<0,0001
					Circunferencia de la cintura, cm	103,8 ± 10,5	98,1 ± 10,8	<0,0001
					Masa grasa, kg	40,3 ± 9,11	35,6 ± 9,24	<0,0001
					Glucosa en ayunas, mmol/L	5,77 ± 1,20	5,46 ± 0,37	<0,0001
					Colesterol total, mmol/L	5,24 ± 0,86	4,94 ± 0,85	<0,0001
					Colesterol HDL, mmol/L	1,33 ± 0,26	1,24 ± 0,25	<0,001
					Colesterol LDL, mmol/L	3,27 ± 0,81	3,09 ± 0,76	<0,0001
					Triglicéridos, mmol/L	1,41 ± 0,59	1,35 ± 0,68	<0,0001

12	Sohn M, Jung H, Lee WS, Kim TH, Lim S. (2023)	100 participantes (43 mujeres y 57 hombres, IMC ≥ 25 a < 30 kg/m ² , edad 30 y 55 años)	2 cápsulas/día de probiótico <i>L. plantarum</i> (LMT1-48), cada cápsula contenía 1×10^{10} UFC de LMT1-48, (n=50) durante 12 semanas	Indujo una mayor riqueza y diversidad microbiana. A nivel de filo, la administración de LMT1-48 aumentó significativamente la prevalencia de Actinobacteria y Firmicutes, pero disminuyó significativamente la prevalencia del filo Bacteroidetes. La relación de abundancia relativa de Firmicutes y Bacteroidetes (relación F/B) fue de 0,53 al inicio del estudio y aumentó a 0,80 después de 12 semanas. Otros filos menos prevalentes no fueron alterados. El género <i>L.</i> , tendió a aumentar tras la suplementación con LMT1-48, pero no de forma significativa debido a la elevada variación. En cambio, la abundancia de <i>L. sakei</i> aumentó significativamente en el grupo LMT1-48 en comparación con el grupo placebo. La abundancia del género <i>Oscillibacter</i> aumentó significativamente después de la administración de LMT1-48. Del género <i>Oscillibacter</i> , la familia <i>Oscillospiraceae</i> y las especies de <i>Oscillibacter ruminantium</i> también aumentaron significativamente.	IMC, kg/m ²	27,3 \pm 1,5	27,0 \pm 1,7	0.006
					Peso corporal, kg	76,6 \pm 9,4	75,7 \pm 9,2	0.022
					Circunferencia de la cintura, cm	92,1 \pm 6,5	91,3 \pm 6,2	0.005
					Glucosa en ayunas, mg/dL	98,6 \pm 7,1	98,1 \pm 8,4	0,674
					Colesterol total, mg/dL	208,9 \pm 33,2	208,0 \pm 38,6	0,831
					Colesterol HDL, mg/dL	53,0 \pm 12,8	55,5 \pm 12,7	0,992
					Colesterol LDL, mg/dL	132,8 \pm 25,9	131,6 \pm 30,1	0,806
					Triglicéridos, mg/dL	153,3 \pm 97,1	132,7 \pm 80,3	0,246
13	Pagliai, G; Comán, MM; Baldi, S; Dinu, M; Nannini, G; Ruso, E; Curini, L; Colombini, B; Lotti, S; Pallecchi, M; Di Gloria, L; Bartolucci, G. (2023)	40 participantes (20 mujeres y 20 hombres, IMC ≥ 25 kg/m ² , edad entre 18 y 65 años)	1 cápsula/día de cepa probiótica <i>Lactiplantibacillus plantarum</i> IMC 510® en una concentración de 15 mil millones de células vivas (UFC/cápsula) (n=20) durante 3 meses.	No se informaron diferencias significativas en los diferentes índices de diversidad alfa. La suplementación con probióticos resultó en la disminución de los géneros <i>Hafnia-Obesumbacterium</i> y <i>Romboutsia</i> y en el aumento del género <i>Succiniclasicum</i> . La condición de obesidad se asoció con una mayor proporción Firmicutes/Bacteroidota (F/B). En este contexto, nuestros resultados ponen en evidencia una disminución cercana a la significación en el ratio F/B en los sujetos del grupo probiótico al final de la intervención.	IMC, kg/m ²	30,8 \pm 3,8	30,5	0,032
					Peso corporal, kg	90 \pm 10,4	89,3	0,026
					Circunferencia de la cintura, cm	104,7 \pm 13,1	103,8	0,043
					Masa grasa, kg	31,4 \pm 9,5	30,5	0,075
					Glucosa en ayunas, mg/dL	98,7 \pm 16,7	94,8	0,033
					Colesterol total, mg/dL	193,3 \pm 29,4	194,2	0,871
					Colesterol HDL, mg/dL	56,6 \pm 19,4	54,4	0,122
					Colesterol LDL, mg/dL	117,3 \pm 24,9	120,3	0,604
Triglicéridos, mg/dL	106,0 \pm 45,8	99,9	0,308					

14	Rahayu ES, Mariyatun M, Putri Manurung NE, Hasan PN, Therdtatha P, Mishima R, Komalasari H, Mahfuzah NA, Pamungkaningtyas FH, Yoga WK, Nurfiana DA, Liwan SY, Juffrie M, Nugroho AE, Utami T. (2021)	60 participantes (36 mujeres y 24 hombres, IMC \geq 25 kg/m ² , edad 35 y 56 años)	1 g de leche desnatada en polvo que contenía el probiótico <i>L. plantarum</i> Dad-13 de 2×10^9 UFC (n=30) durante 90 días.	Los resultados mostraron una mayor riqueza y diversidad microbiana. El número de Bacteroidetes aumentó significativamente, y el número de Firmicutes disminuyó significativamente. La población de Verrucomicrobia disminuyó significativamente. No se encontraron cambios significativos en los filos de Cyanobacteria, Elusimicrobia, Lentisphaerae y Synergistetes. En el filo Firmicutes, el género Coprococcus experimentó una disminución significativa, inversamente proporcional al género Roseburia, que experimentó un aumento significativo. No se observaron diferencias significativas en los géneros Clostridium y Ruminococcus. En el filo Bacteroidetes, los géneros Bacteroides y Prevotella aumentaron significativamente. En el filo Actinobacteria, el género Brevibacterium disminuyó significativamente y mostró una disminución significativa en el género Collinsella. El género Phyllobacterium del filo Proteobacteria aumentó significativamente, mientras que no se encontraron cambios en Succinivibrio y Sphingomonas. Mientras tanto, la abundancia del género Akkermansia en el filo Verrucomicrobia disminuyó significativamente.	IMC, kg/m ²	33,10 \pm 6,15	32,57 \pm 5,01	0,04
					Peso corporal, kg	84,54 \pm 17,62	83,14 \pm 14,71	0,04
					Colesterol total, mg/dL	194,93 \pm 37,64	192,20 \pm 36,55	0,46
					Colesterol HDL, mg/dL	40,33 \pm 9,77	40,00 \pm 9,28	0,69
					Colesterol LDL, mg/dL	141,43 \pm 32,17	136,97 \pm 33,12	0,18
					Triglicéridos, mg/dL	151,50 \pm 63,92	166,83 \pm 75,02	0,16
15	Sohn M, Na GY, Chu J, Joung H, Kim BK, Lim S. (2022)	81 participantes (49 mujeres y 32 hombres, IMC entre 25 y 30 kg/m ² , edad 20 y 65 años)	Probióticos dos asignaciones diarias de 2×10^9 UFC de <i>Lactobacillus plantarum</i> K50 (un total de 4×10^9 UFC / día) (n=41) durante 12 semanas.	La diversidad microbiana no presentó diferencias. A nivel de filo, disminuyó significativamente la abundancia de Actinobacteria. Aumentó significativamente la abundancia de <i>L. plantarum</i> . Entre los géneros del orden Lactobacillales, la abundancia de Enterococcus, que estaba inversamente relacionada con el estado de obesidad, aumentó significativamente en el LPK. La abundancia relativa del orden Lactobacillales fue similar entre los grupos. Sin embargo, la composición de los géneros cambió de manera diferente, lo que resultó en una diferencia significativa entre grupos. Específicamente, la abundancia de Enterococcus hirae aumentó significativamente en el grupo LPK.	IMC, kg/m ²	27,1 \pm 1,5	27,0 \pm 1,7	0,572
					Peso corporal, kg	74,6 \pm 9,9	74,2 \pm 10,0	0,726
					Circunferencia de la cintura, cm	93,2 \pm 5,6	91,3 \pm 4,9	0,093
					Masa grasa, kg	28,0 \pm 4,3	27,1 \pm 3,3	0,257
					Glucosa en ayunas, mg/dL	97,5 \pm 10,8	94,5 \pm 6,3	0,154
					Colesterol total, mg/dL	209,4 \pm 34,4	203,5 \pm 30,9	0,113
					Colesterol HDL, mg/dL	59,2 \pm 13,3	59,6 \pm 13,3	0,609
					Colesterol LDL, mg/dL	129,3 \pm 24,0	128,7 \pm 25,6	0,847
Triglicéridos, mg/dL	135,4 \pm 115,8	114,5 \pm 65,9	0,784					

16	Mo, SJ; Lee, K; Hong, HJ; Hong, DK; Jung, SH; Park, SD; Calza, JJ; Lee, JL. (2022)	59 participantes (13 mujeres y 46 hombres, IMC $\geq 23,0$ y $< 35,0$ kg/m ² , edad > 19 y ≤ 65 años)	1 cápsula/día de probióticos <i>L. curvatus</i> HY7601 y <i>L. plantarum</i> KY1032 (5×10^9 unidades formadoras de colonias (UFC) cada una) (n=30) durante 12 semanas.	La abundancia relativa después de la intervención aumentó significativamente para los miembros del filo Actinobacteria (p. ej., el género <i>Bifidobacterium</i>), así como para <i>Verrucomicrobia</i> (p. ej., el género <i>Akkermansia</i>). Además, la abundancia relativa después de la intervención disminuyó significativamente para los miembros del filo Firmicutes (p. ej., el género <i>Ruminococcoides</i>) y <i>Proteobacteria</i> (p. ej., la familia <i>Sutterellaceae</i> y <i>Desulfovibrionaceae</i> ; el género <i>Desulfovibrio</i>). Hubo un aumento estadísticamente significativo en el valor de cambio de abundancia relativa de <i>B. adolescentis</i> , <i>B. longum</i> y <i>A. muciniphila</i> . Por el contrario, el valor de cambio de abundancia relativa de <i>Collinsella aerofaciens</i> , <i>Faecalibacterium prausnitzii</i> y <i>Prevotella copri</i> disminuyó significativamente.	IMC, kg/m ²	26,87 \pm 0,52	26,73 \pm 0,51	<0,001
					Peso corporal, kg	79,21 \pm 2,19	78,74 \pm 2,12	0,001
					Circunferencia de la cintura, cm	93,99 \pm 1,88	93,58 \pm 1,93	0,007
					Masa grasa, kg	21,86 \pm 1,3	21,58 \pm 1,31	0,043
					Colesterol total, mg/dL	215,93 \pm 6,47	215,33 \pm 7,81	0,501
					Colesterol HDL, mg/dL	52,5 \pm 2,59	52,1 \pm 2,93	0,527
					Colesterol LDL, mg/dL	148,8 \pm 6,47	153,3 \pm 8,03	0,139
					Triglicéridos, mg/dL	140,87 \pm 16,48	157,93 \pm 17,66	0,563

Discusión

La modulación de la microbiota intestinal se ha considerado una estrategia terapéutica para las personas con sobrepeso y obesidad, según lo evidenciado en los diferentes estudios clínicos revisados, los cuales investigaron los cambios que se pueden producir en la composición microbiana, así como, a nivel de las variables antropométricas y bioquímicas relacionadas con el exceso de peso, como resultado de ciertas intervenciones dietéticas.

Un estudio realizado por Muralidharan et al. (7) indica que la dieta mediterránea provocó una pérdida de aproximadamente 4.2 kg en pacientes con sobrepeso y obesidad, de igual forma hubo una disminución del IMC, la circunferencia de la cintura y los niveles de glucosa y triglicéridos, además, reveló un aumento significativo en el HDL. Por otra parte, Meslier et al. (8) evidenció que, con el mismo patrón dietético, los participantes no presentaron cambios en las medidas antropométricas, pero si mostraron una reducción en el colesterol total y HDL, sin cambios en los resultados de glucosa.

Asimismo, Vitale et al. (9) reportó una disminución del LDL posterior a la intervención, mientras que, los triglicéridos incrementaron en comparación con las mediciones basales, por otro lado, el HDL y la glucosa plasmática no presentaron variación alguna, sin embargo, después de la comida mediterránea se observó una disminución de los niveles de glucosa postprandial, sin variaciones significativas en el peso corporal. Por lo tanto, se puede mencionar que los resultados al aplicar esta dieta son controversiales, produce cambios variables en los pacientes, ya sea a nivel del perfil lipídico o de la glucosa, con resultados clínicamente poco significativos en la pérdida de peso.

Por el contrario, la dieta cetogénica muy baja en calorías (VLCKD) ha demostrado diferencias notables respecto a la anterior. Según Deledda et al. (10), los pacientes que siguieron esta dieta lograron una mayor pérdida de peso (-14.3 kg aproximadamente), importantes reducciones de IMC y del perímetro de la cintura; así como, la glucosa plasmática y el estado lipídico presentaron niveles descendientes, aunque no fueron estadísticamente significativos. Mientras que en otro estudio de Gutierrez-Repiso et al. (11) informó una disminución significativa en el peso, el IMC, la circunferencia de la cintura y los valores de los triglicéridos en ambas dietas, aunque la VLCKD mostró una reducción mayor en estas variables, incluyendo una reducción significativa en la cantidad de colesterol total. Estos resultados sugieren que esta intervención dietética induce mejoras en el estado antropométrico y metabólico de forma más pronunciada, siendo más efectiva que la dieta mediterránea en términos de tratar la obesidad.

Además, Basciani et al. (12) comparó los efectos de las VLCKD basadas en diferentes fuentes de proteínas: proteína de suero, proteína vegetal y proteína animal. Se observó una reducción en el peso corporal, el IMC y la circunferencia de la cintura en todos los participantes, aunque la variación de los kilogramos en el grupo de proteína animal no fue estadísticamente significativa. Igualmente, se registró una disminución en los niveles de glucosa en ayunas, excepto en aquellos que utilizaron proteína vegetal. Así también, en todos los grupos se reconoció una reducción sustancial en los niveles de colesterol total, LDL y triglicéridos. Estos hallazgos indican que las VLCKD con ingesta de diferentes fuentes de proteínas pueden ser efectivas para la pérdida de peso y la mejora de la salud metabólica, aunque algunas diferencias en los resultados pueden depender de la fuente de proteínas utilizada.

En cambio, un estudio de Cuevas-Sierra et al. (13) ha analizado dos tipos de dietas diferentes, una moderadamente alta en proteínas y otra baja en grasas, encontrando que

todos los participantes, reflejaron una disminución significativa de un promedio de 9.35 kg en ambos grupos, así como en las variables de IMC, el perímetro de la cintura, la grasa total, la glucosa plasmática, el colesterol total y el LDL, esto demostró una semejanza en la efectividad de ambas dietas para la pérdida de peso y los efectos beneficiosos en los parámetros metabólicos.

Por su parte, Kahleova et al. (14) reportó que un enfoque dietético basado en la dieta vegana baja en grasas indujo una pérdida significativa del peso corporal (-5.9 kg), atribuible a la reducción principalmente de la masa grasa, indicando su capacidad para corregir las medidas antropométricas, aunque los autores no realizaron un análisis bioquímico. Comparativamente con una dieta de origen vegetal, Aldubayan et al. (15) informó que todos estos participantes disminuyeron su peso aproximadamente 3.2 kg, así como cambios favorables en la circunferencia de la cintura y a su vez en la masa grasa, además, presentó mejoras significativas en la glucosa plasmática y el perfil lipídico en todos los individuos, de manera específica en el colesterol total y LDL, dando a entender que las dietas basadas en plantas podría ser una alternativa a considerar como estrategia para tratar o prevenir la obesidad. Sin embargo, al añadir un prebiótico compuesto de fibra inulina y fructooligosacáridos a dicha intervención dietética se observó que los valores de HDL bajaron significativamente en este subgrupo, pero no experimentaron beneficios extras, evidenciando una pérdida de peso similar al resto de participantes.

En relación con los prebióticos, existen ensayos clínicos que han utilizado de igual manera la fibra de inulina, pero con una dieta de restricción calórica (-500 kcal/día). Si bien es cierto, los estudios realizados por Benítez-Páez et al. (16) y Lundby-Hess et al. (17) en sus intervenciones observaron la disminución de las medidas antropométricas en toda la población, más no se pudo identificar si el uso de la fibra influyó en los resultados. Del mismo modo, al hablar de los niveles de glucosa y de lípidos, sus valores fueron

menores tanto en el grupo de intervención como en el de control. En consecuencia, el uso de prebióticos como la inulina, no proporciona un beneficio adicional en la pérdida de peso o los parámetros metabólicos.

Con respecto al consumo de probióticos, las especies que pueden combatir la obesidad pertenecen al grupo de *Lactobacillus* y *Bifidobacterium*. Por esto, varios autores han estudiado la repercusión de administrar cepas probióticas de *Lactobacillus plantarum* a pacientes con exceso de peso. Según Sohn et al. (18), en su investigación realizada en el 2023 la ingesta dietética provocó una ligera pérdida de 0.9 kg en un tiempo estimado de 3 meses y un patrón decreciente similar en el IMC y la circunferencia de la cintura, en tanto que, los niveles de triglicéridos bajaron, pero no de manera significativa, mientras que, los valores de glucosa no se vieron alterados. En ese mismo sentido, Pagliai et al. (19) observó que el peso corporal disminuyó 0.7 kg, de igual manera los valores del IMC, el perímetro de la cintura y la masa grasa, presento ligeras variaciones, esto se acompañó de una mejora en los niveles de glucosa sanguínea, no obstante, no se evidenciaron cambios en los demás parámetros bioquímicos.

Por su parte, Rahayu et al. (20) con el uso de la misma especie probiótica, reportó que el peso corporal y el IMC, fueron significativamente menores a los valores iniciales, con una pérdida de 1.4 kg, sin embargo, los niveles del perfil lipídico no presentaron variaciones significativamente favorables. En cambio, otro estudio de Sohn et al. (21) realizado en 2021 demostró que el IMC, el peso corporal, la masa grasa y la circunferencia de la cintura no presentaron cambios significativos, a pesar de que, los valores de colesterol total y triglicéridos mostraron un patrón decreciente, esto tampoco presento una diferencia significativa.

Con base en la misma forma, un estudio realizado por Mo et al. (22), en el cual combinó *L. plantarum* con *L. curvatus*, reflejó una disminución estadísticamente significativa de las medidas antropométricas, con una reducción de 0.47 kg de peso, al igual que, observó valores menores de circunferencia de la cintura y masa grasa, sin cambios significativos en las variables metabólicas.

En cuanto a la microbiota intestinal, se ha revelado que una menor diversidad y riqueza de la misma, se correlaciona inversamente con el estado inflamatorio de un individuo, de tal forma que, estos cambios se asocian con la obesidad. Por ello, al analizar la composición microbiana después de las diferentes intervenciones dietéticas, se pudo encontrar varios hallazgos así como: (7).

Al hablar de la dieta mediterránea según Muralidharan et al. (7) no provocó cambios en la riqueza y uniformidad de la microbiota intestinal, resultados semejantes se observan en el estudio realizado por Meslier et al. (8). Por otro lado, está la investigación realizada por Vitale et al. (9), quién, en sus resultados demuestran un aumento en la abundancia de la composición taxonómica. Como consecuencia de esto, los participantes que recibieron este enfoque dietético, no presentaron una variación significativa en el peso corporal, pero reflejaron una reducción del filo Firmicutes, el cual se encuentra enriquecido en los pacientes obesos y tiene la capacidad de recolectar una mayor cantidad de energía, cuyo exceso neto contribuiría a este trastorno metabólico.

Dentro de este filo, se encuentra la familia Lachnospiraceae, en donde la disminución de sus especies *Phascolarbacterium* y *Coprococcus*, se asoció positivamente con las medidas antropométricas y bioquímicas, tanto el colesterol total como los triglicéridos, pero con una correlación negativa con el HDL, mientras que el género *Roseburia* aumentó después de la ingesta de los alimentos recomendados en la dieta y presentó efectos

antiinflamatorios. En el mismo filo, también se evidencia una disminución de la familia Ruminococcaceae, con predominio de *R. torques* y *R. gnavus*, los cuales poseen propiedades proinflamatorias. A su vez, se redujo el filo de Bacteroidetes, esencialmente los Parabacteroidetes, los cuales presentan una reducción directamente proporcional con los niveles de triglicéridos. Se conoce que las variaciones microbianas están relacionadas con el grado de adherencia de los pacientes al patrón dietético (7–9).

De igual forma, los resultados de la dieta cetogénica baja en calorías revelaron que no hubo cambios significativos en la riqueza del número de especies de la microbiota intestinal. Sin embargo, en estos participantes destacó el aumento del filo Verrucomicrobiota con sus miembros microbianos beneficiosos, entre los que se encuentra *Akkermansia*, el cual se considera un importante biomarcador de la homeostasis a nivel intestinal, dado que promueve la integridad del intestino al estimular la renovación de la mucosa, en especial la especie *A. muciniphila* que contribuye a un estado metabólico saludable, así como a cambios favorables a nivel antropométrico (10,11).

Por el contrario, con esta misma dieta cetogénica se reportó una disminución en ciertos taxones microbianos que previamente se han relacionado con la obesidad, como el filo Actinobacteria y Firmicutes. Dentro de este último, las familias de Lachnospiraceae y Ruminococcaceae (*R. torques*) se redujeron significativamente, de manera que proporcionó un beneficio para el paciente por su capacidad para modular la inflamación intestinal, sin embargo, la familia Christensenellaceae incrementó su abundancia, lo cual se correlaciona negativamente con el peso corporal, la circunferencia de la cintura, la masa grasa y la dislipidemia, pero de forma positiva con una mejoría en el metabolismo de la glucosa. En cambio, el filo Bacteroidetes aumentó su número de especies, en este

caso Parabacteroides y Alistipes mostrando una relación inversamente proporcional con el IMC, la masa grasa y el perímetro de la cintura (10–12).

A su vez, estos cambios en Firmicutes y Bacteroidetes, pueden ser influenciados por el tipo de proteína que se utiliza en la intervención, por ello, Basciani et al. (12) demostró que la proteína de suero y la vegetal ocasionó un mayor descenso de la composición microbiana del filo Firmicutes en comparación con la de origen animal, mientras que, solamente la proteína de suero fue capaz de incrementar potentemente el porcentaje de Bacteroidetes.

En lo que respecta a la dieta moderadamente alta en proteínas, Cuevas-Sierra et al. (13) informó que esta intervención redujo la diversidad microbiana, particularmente en el filo Firmicutes, en donde la disminución Phascolarbacterium y Dielma proporcionaron efectos beneficiosos para el paciente, debido a que la presencia de estos géneros se relacionó con un incremento de la inflamación a nivel intestinal. En cambio, una dieta baja en grasas desencadenó un aumento en la riqueza de la composición taxonómica de la microbiota intestinal, así pues, los pacientes experimentaron un incremento del orden Lactobacillales, un grupo que contiene numerosos probióticos intestinales que pueden favorecer la salud del paciente y pertenecen de igual forma al filo Firmicutes. Cabe resaltar que no se observaron cambios comunes en la composición de la microbiota en ambos grupos de voluntarios.

Por su parte, las dietas basadas en plantas, como el ensayo clínico que utilizó una intervención vegana, no provocaron un enriquecimiento de la microbiota intestinal, pero ayudaron a mantener estables los niveles de filo Bacteroidetes, puesto que el género Bacteroides no disminuyó tanto como en el grupo de control, lo cual se relacionó con una mayor pérdida de peso corporal y masa grasa. Adicionalmente, se reportó un aumento de

Faecalibacterium prausnitzii, perteneciente al filo Firmicutes, que se correlacionó de forma negativa con los cambios antropométricos y con el parámetro bioquímico, HDL. Dicha especie también aumento en la dieta vegetariana con suplementación de inulina, resaltando sus propiedades antiinflamatorias, no obstante, en ninguno de estos estudios se pudo correlacionar de forma clara los cambios en la abundancia de *Faecalibacterium prausnitzii* con las variaciones clínicas de los pacientes (14,15).

En los prebióticos, no hubo cambios en la riqueza de la microbiota intestinal. Dentro del filo Bacteroidetes, disminuyó el género *Bacteroides* que se asocia con regularidad a la adiposidad, esta variación podría predecir la pérdida de peso, en cambio, los *Parabacteroides* incrementaron, lo que refleja un efecto antiobesidad, mejora la disfunción metabólica, modula el metabolismo de la glucosa e induce la saciedad. En conjunto con este último hallazgo, como resultado de la ingesta de la fibra prebiótica en ambos estudios, se observó un aumento el género de *Bifidobacterium*, con potenciales efectos beneficiosos, mismo que pertenece al filo de Actinobacteria. Por su parte, los Firmicutes disminuyeron su abundancia, específicamente ciertas especies con potenciales efectos proinflamatorios, no obstante, la elevación del género *Clostridial* se relacionó negativamente con el peso y los lípidos, sobre todo los triglicéridos (16,17).

Así pues, no hubo una correlación evidente entre las medidas antropométricas y las diferencias en cuanto a la estructura microbiana posterior a la intervención con prebióticos. Se debe tener en cuenta que una ingesta más alta y diversa de fibra puede favorecer una mayor diversidad de la microbiota intestinal en comparación con la administración de un tipo de fibra aislada que induce lo contrario al promover el crecimiento de ciertos taxones específicos para metabolizar la fibra (16,17).

Con respecto a los probióticos, dos de los cinco estudios analizados, no presentaron diferencias en la estructura ni en la abundancia de bacterias después de consumir la cepa de *L. plantarum*, mientras que los estudios realizados por Sohn et al. (18), Rahayu et al. (20) y Mo et al. (22) demostraron una mayor riqueza y diversidad microbiana. La mayoría de estudios indicó una disminución del filo Actinobacteria, el cual está relacionado con la disminución de peso en los voluntarios con sobrepeso/obesidad. Así también, se redujo la abundancia del filo Firmicutes que se relaciona con una mayor recolección de energía, en este caso dicha variación se correlacionó negativamente con el peso corporal, sin embargo, dentro de este grupo, el género *Oscillibacter* y *Enterococcus* aumentaron en aquellas intervenciones que evidenciaron una disminución de los triglicéridos (18–22).

En conjunto, todos estos hallazgos proporcionan evidencia de que los enfoques dietéticos, así como los prebióticos y probióticos, pueden modificar la composición y diversidad de la microbiota intestinal con un impacto positivo en diferentes parámetros clínicos de individuos con obesidad o sobrepeso. Sin embargo, es importante reconocer la complejidad y variabilidad que presenta la misma, por lo cual se requieren más investigaciones a futuro para establecer de forma clara su relación con este trastorno metabólico, los efectos de estos mecanismos moduladores en un seguimiento a largo plazo, e incluso con otros tipos de patrones dietéticos que no se han estudiado lo suficiente hasta ahora.

Conclusión

En los últimos años, se ha propuesto la modulación de la microbiota intestinal como una potencial alternativa terapéutica para enfermedades metabólicas como la obesidad, por ello, desde la realización de estudios en animales, hasta llevarlos a cabo en humanos, se ha intentado determinar las mejores estrategias dietéticas para mejorar la integridad de

la microflora y revertir la disbiosis que se produce como consecuencia de dichos trastornos, lo cual se ha evidenciado después de analizar los diferentes estudios clínicos.

En los marcos de las observaciones anteriores, para tratar el sobrepeso o la obesidad se ha distinguido ciertos enfoques moduladores como las intervenciones dietéticas, entre ellas, se puede destacar la dieta cetogénica muy baja en calorías ya que tiene la capacidad de reducir notablemente el peso corporal, el IMC, la circunferencia de la cintura y ciertas variables bioquímicas como la glucosa y el perfil lipídico. Por otra parte, están los prebióticos como la inulina que no demostraron beneficios adicionales en las medidas antropométricas de pacientes sometidos a una restricción calórica y, por último, el consumo de diferentes cepas del probiótico *Lactobacillus plantarum*, ya sea solo o en combinación, que a pesar de no presentar cambios significativos en el estado metabólico, llega a producir una ligera pérdida de peso corporal, que sumado a la reducción de la circunferencia de la cintura podría tener consecuencias favorables al hablar del pronóstico de las personas con exceso de peso, debido a su asociación con enfermedades metabólicas que se relacionan con la obesidad.

Es evidente entonces, que un menor enriquecimiento de la composición taxonómica de la microbiota intestinal, se relaciona con un estado de obesidad. Además, existen ciertos filos microbianos cuyas variaciones son favorables para los resultados de los pacientes. Así pues, en la dieta cetogénica muy baja en calorías, que presentó la mayor pérdida de peso, se asoció con un aumento del filo Verrumicrobiota y de Bacteroidetes, sobre todo con la proteína de suero, a su vez, disminuyeron los filos Actinobacteria y Firmicutes, siendo más notable el cambio de este último con proteínas de suero y vegetal. Seguidamente, la dieta moderadamente alta en proteínas también proporcionó cambios en el peso y redujo la diversidad microbiana a expensas de los Firmicutes, mientras que la dieta baja en grasas enriqueció la composición microbiana. Por su parte, la dieta que

vegana que dio como resultado una pérdida considerable de peso, no aumentó la diversidad de las especies, pero impidió la disminución perjudicial del filo Bacteroidetes. Con respecto a los prebióticos, aunque no demostraron cambios antropométricos significativos, la microbiota intestinal experimentó variaciones favorables dentro del filo Bacteroidetes, así como un aumento de Bifidobacterium y disminución de Firmicutes. Por último, los probióticos, a pesar de las ligeras reducciones que provocó en las variables antropométricas, aumentaron la riqueza y diversidad microbiana, con una disminución del porcentaje de Firmicutes.

Por ello, se puede concluir que varios de estos mecanismos moduladores son capaces de inducir distintos cambios en la salud de los pacientes con obesidad, sin embargo, la dieta cetogénica muy baja en calorías ha demostrado ser la intervención más eficaz en la disminución de ciertos parámetros, tanto antropométricos, así como bioquímicos, además de presentar variaciones en la mayoría de filos microbianos, incrementando aquellas especies que son favorables para los pacientes, por lo cual, es una de las mejores estrategias dietéticas observadas en esta revisión, que puede ser considerada para el tratamiento de la obesidad de acuerdo a las necesidades de cada persona.

Referencias

1. Geng J, Ni Q, Sun W, Li L, Feng X. The links between gut microbiota and obesity and obesity related diseases. *Biomedicine & Pharmacotherapy*. 1 de marzo de 2022;147:112678.
2. Cuevas-Sierra A, Ramos-Lopez O, Riezu-Boj JI, Milagro FI, Martinez JA. Diet, Gut Microbiota, and Obesity: Links with Host Genetics and Epigenetics and Potential Applications. *Adv Nutr*. enero de 2019;10(Suppl 1):S17-30.
3. Green M, Arora K, Prakash S. Microbial Medicine: Prebiotic and Probiotic Functional Foods to Target Obesity and Metabolic Syndrome. *International Journal of Molecular Sciences*. enero de 2020;21(8):2890.
4. Sergeev IN, Aljutaily T, Walton G, Huarte E. Effects of Synbiotic Supplement on Human Gut Microbiota, Body Composition and Weight Loss in Obesity. *Nutrients*. 15 de enero de 2020;12(1):222.
5. OMS. Organización Mundial de la Salud. 2021 [citado 26 de mayo de 2023]. Obesidad y sobrepeso. Disponible en: <https://www.who.int/es/news-room/fact-sheets/detail/obesity-and-overweight>
6. Abarca-Gómez L, Abdeen ZA, Hamid ZA, Abu-Rmeileh NM, Acosta-Cazares B, Acuin C, et al. Worldwide trends in body-mass index, underweight, overweight, and obesity from 1975 to 2016: a pooled analysis of 2416 population-based measurement studies in 128.9 million children, adolescents, and adults. *The Lancet*. diciembre de 2019;390(10113):2627-42.
7. Muralidharan J, Moreno-Indias I, Bulló M, Lopez JV, Corella D, Castañer O, et al. Effect on gut microbiota of a 1-y lifestyle intervention with Mediterranean diet

- compared with energy-reduced Mediterranean diet and physical activity promotion: PREDIMED-Plus Study. *Am J Clin Nutr.* 1 de septiembre de 2021;114(3):1148-58.
8. Meslier V, Laiola M, Roager HM, De Filippis F, Roume H, Quinquis B, et al. Mediterranean diet intervention in overweight and obese subjects lowers plasma cholesterol and causes changes in the gut microbiome and metabolome independently of energy intake. *Gut.* julio de 2020;69(7):1258-68.
 9. Vitale M, Giacco R, Laiola M, Della Pepa G, Luongo D, Mangione A, et al. Acute and chronic improvement in postprandial glucose metabolism by a diet resembling the traditional Mediterranean dietary pattern: Can SCFAs play a role? *Clin Nutr.* febrero de 2021;40(2):428-37.
 10. Deledda A, Palmas V, Heidrich V, Fosci M, Lombardo M, Cambarau G, et al. Dynamics of Gut Microbiota and Clinical Variables after Ketogenic and Mediterranean Diets in Drug-Naïve Patients with Type 2 Diabetes Mellitus and Obesity. *Metabolites.* 2022;12(11):1-37.
 11. Gutierrez-Repiso C, Molina-Vega M, Bernal-Lopez MR, Garrido-Sanchez L, Garcia-Almeida JM, Sajoux I, et al. Different Weight Loss Intervention Approaches Reveal a Lack of a Common Pattern of Gut Microbiota Changes. *J Pers Med.* febrero de 2021;11(2):109.
 12. Basciani S, Camajani E, Contini S, Persichetti A, Risi R, Bertoldi L, et al. Very-Low-Calorie Ketogenic Diets With Whey, Vegetable, or Animal Protein in Patients With Obesity: A Randomized Pilot Study. *J Clin Endocrinol Metab.* 9 de enero de 2020;105(9):2939-49.

13. Cuevas-Sierra A, Romo-Hualde A, Aranaz P, Goni L, Cuervo M, Martínez JA, et al. Diet- and sex-related changes of gut microbiota composition and functional profiles after 4 months of weight loss intervention. *Eur J Nutr.* septiembre de 2021;60(6):3279-301.
14. Kahleova H, Rembert E, Alwarith J, Yonas WN, Tura A, Holubkov R, et al. Effects of a Low-Fat Vegan Diet on Gut Microbiota in Overweight Individuals and Relationships with Body Weight, Body Composition, and Insulin Sensitivity. A Randomized Clinical Trial. *Nutrients.* 24 de septiembre de 2020;12(10):2917.
15. Aldubayan MA, Mao X, Laursen MF, Pigsborg K, Christensen LH, Roager HM, et al. Supplementation with inulin-type fructans affects gut microbiota and attenuates some of the cardiometabolic benefits of a plant-based diet in individuals with overweight or obesity. *Front Nutr.* 25 de abril de 2023;10:1108088.
16. Benítez-Páez A, Hess AL, Krautbauer S, Liebisch G, Christensen L, Hjorth MF, et al. Sex, Food, and the Gut Microbiota: Disparate Response to Caloric Restriction Diet with Fiber Supplementation in Women and Men. *Mol Nutr Food Res.* abril de 2021;65(8):e2000996.
17. Lundby-Hess A, Benítez-Páez A, Blædel T, Larsen LH, Iglesias JR, Madera C, et al. The effect of inulin and resistant maltodextrin on weight loss during energy restriction: a randomised, placebo-controlled, double-blinded intervention. *Eur J Nutr.* septiembre de 2020;59(6):2507-24.
18. Sohn M, Jung H, Lee WS, Kim TH, Lim S. Effect of *Lactobacillus plantarum* LMT1-48 on Body Fat in Overweight Subjects: A Randomized, Double-Blind, Placebo-Controlled Trial. *Diabetes and Metabolism Journal.* 2023;47(1):92-103.

19. Pagliai G, Coman MM, Baldi S, Dinu M, Nannini G, Russo E, et al. Effects of the probiotic *Lactiplantibacillus plantarum* IMC 510® on body composition, biochemical parameters, gut microbiota composition and function, and clinical symptoms of overweight/obese subjects. *Frontiers in Nutrition*. 2023;10:1142527.
20. Rahayu ES, Mariyatun M, Putri Manurung NE, Hasan PN, Therdtatha P, Mishima R, et al. Effect of probiotic *Lactobacillus plantarum* Dad-13 powder consumption on the gut microbiota and intestinal health of overweight adults. *World J Gastroenterol*. 7 de enero de 2021;27(1):107-28.
21. Sohn M, Na GY, Chu J, Joung H, Kim BK, Lim S. Efficacy and Safety of *Lactobacillus plantarum* K50 on Lipids in Koreans With Obesity: A Randomized, Double-Blind Controlled Clinical Trial. *Front Endocrinol (Lausanne)*. 2021;12:790046.
22. Mo SJ, Lee K, Hong HJ, Hong DK, Jung SH, Park SD, et al. Effects of *Lactobacillus curvatus* HY7601 and *Lactobacillus plantarum* KY1032 on Overweight and the Gut Microbiota in Humans: Randomized, Double-Blinded, Placebo-Controlled Clinical Trial. *Nutrients*. junio de 2022;14(12):2484.

AUTORIZACIÓN DE PUBLICACIÓN EN EL REPOSITORIO INSTITUCIONAL

Sabrina Lizbeth Urgiles Calderón portador(a) de la cédula de ciudadanía N° **0350091617**. En calidad de autor/a y titular de los derechos patrimoniales del proyecto de titulación **“Modulación de la microbiota intestinal en el tratamiento de la obesidad. Revisión sistemática”** de conformidad a lo establecido en el artículo 114 Código Orgánico de la Economía Social de los Conocimientos, Creatividad e Innovación, reconozco a favor de la Universidad Católica de Cuenca una licencia gratuita, intransferible y no exclusiva para el uso no comercial de la obra, con fines estrictamente académicos y no comerciales. Autorizo además a la Universidad Católica de Cuenca, para que realice la publicación de éste proyecto de titulación en el Repositorio Institucional de conformidad a lo dispuesto en el artículo 144 de la Ley Orgánica de Educación Superior.

Azogues, **10 de junio de 2025**



Firmado electrónicamente por:
**SABRINA LIZBETH
URGILES CALDERON**

F:

Sabrina Lizbeth Urgiles Calderón

C.I. 0350091617