



**BENEMÉRITA UNIVERSIDAD
AUTÓNOMA DE PUEBLA
FACULTAD DE MEDICINA**

SECRETARÍA DE INVESTIGACIÓN Y ESTUDIOS DE POSGRADO

MAESTRÍA EN CIENCIAS MÉDICAS E INVESTIGACIÓN

TESIS

**FILOS DE LA MICROBIOTA INTESTINAL: *FIRMICUTES*, *BACTEROIDETES*,
ACTINOBACTERIA Y *PROTEOBACTERIA* ENTRE SUJETOS CON OBESIDAD,
SOBREPESO Y NORMOPESO: REVISIÓN SISTEMÁTICA**

**QUE PARA OBTENER EL GRADO DE
MAESTRO EN CIENCIAS MÉDICAS E INVESTIGACIÓN**

PRESENTA

ZELIMIR AKIRA YAMAMOTO

DIRECTORES

M.C. CHERYL ZILAHY DÍAZ BARRIENTOS

D.C. IRMA DEL CARMEN ZAMORA GINEZ

D.C. BLANCA GUADALUPE BAEZ DUARTE

PUEBLA, PUEBLA, MÉXICO

DICIEMBRE, 2022

DIRECTORES DE TESIS



M.C. CHERYL ZILAHY DÍAZ BARRIENTOS



D.C. IRMA DEL CARMEN ZAMORA GINEZ



D.C. BLANCA GUADALUPE BAEZ DUARTE

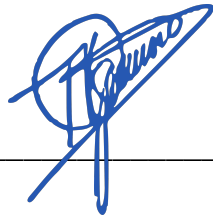


MAESTRÍA EN CIENCIAS MÉDICAS E INVESTIGACIÓN

REVISORES DE TESIS



D.C. LUIS GUILLERMO VÁZQUEZ DE LARA CISNEROS



M.C. TERESITA ROMERO OGAWA



M.C. VERÓNICA ANUETTE MAYORAL GARCÍA



MAESTRÍA EN CIENCIAS MÉDICAS E INVESTIGACIÓN

Agradecimientos

Me siento profundamente agradecido con el Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología por su valioso apoyo, que me ha posibilitado continuar con los estudios y el desarrollo de la presente investigación a lo largo del posgrado en Ciencias Médicas e Investigación, teniendo como número de apoyo a 771513.

Agradezco a la Facultad de Medicina y la Maestría en Ciencias Médicas e Investigación por sus valiosas enseñanzas que me permitieron mejorar en mi formación tanto académico como personal.

Agradezco a la Dra. Díaz Barrientos Cheryl Zilahy por su dirección de la tesis de maestría en Ciencias Médicas e Investigación a lo largo del curso. Expreso mi gratitud a la Dra. Irma del Carmen Zamora Ginez y Dra. Blanca Guadalupe Báez Duarte por sus apoyos y tiempo por hacer posible el desarrollo de la presente tesis, además de sus paciencias a pesar de algunas dificultades por el idioma que aún sigo teniendo.

Agradezco a la Dra. Verónica Anuette Mayoral García por sus enseñanzas y la calidez con la que ha resuelto mis dudas, y me facilitó el aprendizaje cuando lo necesité. También agradezco al Dr. Luis Guillermo Vázquez de Lara Cisneros por su valioso tiempo y paciencia que ha tenido con mis dudas durante las asesorías, posibilitándome una mejor comprensión sobre los temas de estudio.

Agradezco a la Dra. Teresita Romero Ogawa por brindarme su consejo, apoyo y comprensión ante mis situaciones personales; muchas gracias Dra.

Quiero agradecer también a mis compañeras del posgrado. Reconozco en ellas unas excelentes personas. Con Karen Texcucano Aguilar, Paulina Sosa Munguía, Dianelly López Torres, Sandra Olivera Hernández y Karla Godínez

Bolaños por ser compañeras y amigas con quienes poder contar en momentos difíciles, pudiéndonos apoyar mutuamente.

Finalmente agradezco a mi pareja Andrea Cristina Díaz Loyo por confiarme, acompañarme, escucharme y apoyarme constantemente en distintos aspectos de mi vida, motivándome a seguir esforzarme constantemente para ser una mejor versión de mí mismo, incluso durante mi estancia en Posgrado en Ciencias Médicas e Investigación.

Dedicatoria

Dedico el presente trabajo de investigación a la comunidad científica dedicada a el área de ciencias de la salud, a mi madre Akiko Yamamoto, abuela Yoshiko Yamamoto, abuelo Kojiro Yamamoto, y a mi pareja Andrea Cristina Díaz Loyo, quienes me han apoyado y mostrado estar orgullosos de la persona quien soy hoy en día, y de mis logros a lo largo de la vida.

Resumen

Introducción: La microbiota intestinal (MI) es un conjunto de microorganismos colonizadores del intestino humano; influye sobre la salud a nivel fisiológico, inmunológico y neurológico; su funcionamiento depende del balance entre los microbios que la componen y la cantidad de estos; al perder dicho balance, la MI podría promover al desarrollo de obesidad, asociada con múltiples enfermedades. Esta revisión sistemática tuvo como objetivo describir a los filos predominantes de la MI, entre *Firmicutes*, *Bacteroidetes*, *Actinobacteria* y *Proteobacteria* en sujetos con obesidad, sobrepeso y normopeso, de acuerdo con las pautas de Ítems de Reportes Preferidos para Revisión Sistemática y Metaanálisis 2020, mediante la búsqueda de artículos correspondientes entre los años 2017 a marzo de 2022 en plataformas de publicaciones científicas como PubMed, SCOPUS, EBSCO y Web of Science.

Objetivo: Describir la predominancia de los filos de la microbiota intestinal entre *Firmicutes*, *Bacteroidetes*, *Actinobacteria* y *proteobacteria* en los sujetos con obesidad, sobrepeso y normopeso mediante una revisión sistemática.

Metodología: Se realizó una revisión sistemática de carácter descriptivo, procedimiento, observacional y retrolectivo, a partir de artículos científicos publicados desde enero del año 2017 hasta marzo del año 2022 sobre la microbiota intestinal y reporten sobre los filos de estos mediante datos obtenidos a partir de los estudios de laboratorio con secuenciación de ARNr 16S, a partir de distintas plataformas digitales de publicaciones científicas, siendo PubMed, Web of Science, Scopus y EBSCO.

Resultados: Se han recolectado 662 artículos, de los cuales se incluyeron 22 en la revisión, obteniendo un total de 1164 sujetos, de quienes 433 (36.94%) tuvieron normopeso, 254 (21.82%) sobrepeso y 477 (40.97%) obesidad; en el grupo de normopeso predominaron en orden descendiente los filos: *Firmicutes*, *Bacteroidetes*, *Actinobacteria* y *Proteobacteria*; en el grupo con sobrepeso fueron:

Firmicutes, Bacteroidetes, Proteobacteria y *Actinobacteria*; mientras que en el grupo con obesidad: *Firmicutes, Bacteroidetes, Actinobacteria* y *Proteobacteria*. Con los hallazgos previos se concluyó que, el filo *Firmicutes* predominó sobre *Bacteroidetes* en el ser humano; además, *Proteobacteria* y *Actinobacteria* son otros de los filos predominantes hallados después de los mencionados.

Conclusiones: Globalmente, predominaron en orden descendiente el filo *Firmicutes* seguido de *Bacteroidetes, Actinobacteria* y *Proteobacteria*. Tanto en los grupos de sujetos con normopeso y obesidad predominaron en orden descendiente los filos: *Firmicutes, Bacteroidetes, Actinobacteria* y *Proteobacteria*; en grupo de sujetos con sobrepeso predominaron en orden descendiente: *Firmicutes, Bacteroidetes, Proteobacteria* y *Actinobacteria*.

Palabras clave: Microbiota intestinal, obeso, sobrepeso y normopeso.

Índice	
Capítulo 1	1
1. Antecedentes generales	1
OBESIDAD, SOBREPESO Y NORMOPESO	1
Fisiopatología de la obesidad	1
Diagnóstico de la obesidad y el sobrepeso	3
El índice de masa corporal e índice de circunferencia abdominal	3
LA MICROBIOTA EN EL SER HUMANO	5
La microbiota intestinal	6
Origen de la microbiota intestinal en el ser humano	8
La microbiota intestinal en distintas etapas de vida	9
Identificación de la microbiota intestinal	10
Variaciones de la microbiota intestinal por obtención de muestra	14
Beneficios de la microbiota intestinal	15
Fisiopatología de la microbiota	17
Factores que modifican la microbiota intestinal	19
2. Antecedentes específicos	25
La microbiota intestinal, sobrepeso y obesidad	25
Predominancia de los filos de la microbiota intestinal en sujetos normopesos, con sobrepeso y obesos	26
Capítulo 2	29
3. Planteamiento del problema	29
4. Hipótesis	31
5. Objetivos	32
5.1. Objetivo general	32
5.2. Objetivos particulares.....	32
6. Metodología	33
6.1. Diseño del estudio	33
6.2. Ubicación espacio-tiempo.....	33
6.3. Marco muestral.....	34
6.3.1. Tamaño de la muestra	34

6.3.2. Selección de la muestra	35
6.3.3. Definición de muestra	35
6.4. Criterios de selección	35
6.4.1. Criterios de inclusión	35
6.4.2. Criterios de exclusión	36
6.4.3. Criterios de eliminación	36
6.4.4 Diseño y tipo de muestreo	36
6.5. Definición de las variables y escalas de medición	36
6.6. Técnicas y procedimientos	37
6.7. Análisis estadístico.....	40
7. Resultados	41
8. Discusión	52
9. Conclusión.....	57
Capítulo 3.....	59
10. Sesgos y limitaciones.....	59
11. Fortalezas.....	59
12. Perspectivas	59
13. Aportaciones para la población mexicana.....	60
14. Bibliografía.....	61
15. Anexos	73
Anexo 1A. Tabla de variables	73
Anexo 1B.	74
Anexo 2. Aspectos éticos	74
Anexo 3. Instrumento para la lectura crítica y la evaluación de estudios epidemiológicos transversales (Berra et al., 2008).	75
Anexo 4. Declaración PRISMA 2020.	82
Anexo 5. Cronograma de actividades	85
Anexo 6. Logística	85
Anexo 7. Palabras claves y sintaxis empleados para la búsqueda de artículos en distintas plataformas digitales.	86
Anexo 8. Formato de recolección de datos.	87

Anexo 9. Motivos de exclusiones de los estudios.	88
Anexo 10. Plataforma PubMed	91
Anexo 11. Plataforma EBSCO	91
Anexo 12. Plataforma Web of Science	92
Anexo 13. Plataforma SCOPUS	92
Anexo 14. Justificación	93

Lista de cuadros (páginas)

- **Cuadro 1.** Valores de índice de circunferencia abdominal para definir obesidad en distintas poblaciones (4).
- **Cuadro 2.** Palabras claves y sintaxis empleados para la búsqueda de artículos en distintas plataformas digitales (41).
- **Cuadro 3.** Filos predominantes de la microbiota intestinal reportados por distintos autores (42).
- **Cuadro 4.** Orden de predominancia de filos de acuerdo con el porcentaje de artículos (46).
- **Cuadro 5.** Análisis de la calidad de los estudios incluidos (48).
- **Cuadro 6.** Conclusiones de los distintos autores de artículos incluidos. (54).

Lista de figuras (páginas)

- **Figura 1.** Cambios en la microbiota intestinal asociado a las edades (10).
- **Figura 2.** Representación del gen ARNr 16S y sus nueve regiones hipervariables y regiones constantes (13).
- **Figura 3.** Disbiosis de la microbiota intestinal inducida por alcohol. Siglas: EHA (enfermedad hepática alcohólica), HBV (virus de hepatitis tipo B), EHM (encefalopatía hepática mínima) (22).
- **Figura 4.** Cambio en la microbiota intestinal asociada a cirugía bariátrica.

La cirugía bariátrica (CB) se ha asociado con el incremento en variedad de las especies de microbiota intestinal, como en sus números (25).
- **Figura 5.** Proporciones de filos de la microbiota intestinal entre sujetos normopesos y obesos (27).

Lista de abreviaturas

- ADN: ácido desoxirribonucleico.
- AGCC: ácidos grasos de cadena corta.
- ARN: ácido ribonucleico.
- ARNr: ácido ribonucleico ribosomal.
- CB: cirugía bariátrica.
- EHA: enfermedad hepática alcohólica.
- EHM: encefalopatía hepática mínima.
- ICA: índice de circunferencia abdominal.
- IDF: Federación Internacional de Diabetes (por sus siglas en inglés).
- IMC: índice de masa corporal.
- MI: microbiota intestinal.
- PRISMA 2020: Pautas de Ítems de Reportes Preferidos para Revisión Sistemática y Metaanálisis 2020 (por sus siglas en inglés).

Capítulo 1

1. Antecedentes generales

OBESIDAD, SOBREPESO Y NORMOPESO

Uno de los problemas sanitarios más importantes de nuestra era es la obesidad, definida como enfermedad crónica con aumento excesivo cuantitativo y cualitativo del tejido adiposo corporal, mientras que el sobrepeso es un estado de peso corporal superior a lo considerado como sano con relación a la talla y peso corporal en el sujeto; actualmente, estos son definidos y diagnosticados principalmente de forma cuantitativa por los valores del índice de masa corporal (IMC), el cual considera la talla y peso corporal del individuo, y no por su morbilidad (49, 69, 10). La prevalencia de adultos con obesidad a nivel mundial es de 500 millones, mientras que de sobrepeso son 1400 millones aproximadamente, y en México, la prevalencia combinada de obesidad y sobrepeso reportado durante el año 2020 en adultos fue de 72.5% (32).

Fisiopatología de la obesidad

La obesidad es causada comúnmente por la ingesta calórica excesiva con relación a lo necesario para la demanda de vida diaria acorde a cada individuo; la energía calórica excedente será almacenada en el cuerpo posteriormente en forma de triglicéridos dentro del tejido adiposo que se ubica a nivel subcutáneo y alrededor de los órganos, resultando así en hipertrofia e hiperplasia de estos; la caloría excesiva también se almacena en forma de glucógeno, principalmente en el hígado y músculo, además de otros sitios como cerebro, corazón y eritrocitos (2, 39, 69).

El adipocito hipertrofiado posee ciertas características funcionales con implicaciones negativas para la salud del individuo: saturación del adipocito que causa daño en los órganos mediante la lipotoxicidad concomitante por el depósito ectópico de triglicéridos en otros tejidos, disminución de sensibilidad a la insulina, hipoxia, aumento de estrés oxidativa intracelular, perturbación en perfil secretador de leptina y adiponectina, además del aumento de apoptosis como autofagia, resultando en inflamación del mismo, y generación de señales adversas como citoquinas pro-inflamatorias emitidas por macrófagos M1 del tejido adiposo, resultando en inflamación sistémica de bajo grado (69).

Existen diferentes factores de riesgo relacionados con el desarrollo de la obesidad, entre ellos se encuentran los factores genéticos y los factores ambientales; por ejemplo, los hábitos dietéticos, sedentarismo, problemas de sueño, factores neuroendocrinos, tabaquismo, medicaciones, factores reproductores y la microbiota intestinal (MI) (19). Además, la resistencia a insulina secundaria a obesidad implica un desbalance en niveles hormonales, inmunológicos, cambio en la MI y su producción de ácidos grasos, entre otros, por lo que, la presencia de obesidad podría implicar distintos problemas para la salud (19, 62).

Tanto la obesidad como el sobrepeso conllevan al desarrollo de varios problemas sanitarios como la hipertensión arterial, dislipidemia y resistencia a la insulina, que podrían causar la enfermedad coronaria, desarrollo de cáncer, infarto cerebral isquémico, diabetes mellitus tipo 2, y contribuye a la generación tanto de discapacidad, como de mortalidad temprana (1, 32).

Diagnóstico de la obesidad y el sobrepeso

Para diagnosticar a la obesidad se emplea comúnmente el IMC de 30 Kg/m² o mayor; esta se subdivide en 3 grados: grado I (30 – 34.9 Kg/m²), II (35 – 39.9 Kg/m²) y III (> 40 Kg/m²); también se considera que hay obesidad cuando la circunferencia abdominal mide ≥90cm en hombres, y ≥80cm en mujeres de acuerdo a la Norma Oficial Mexicana empleando al índice de circunferencia abdominal (ICA), mientras que, el sobrepeso comprende un estado anatómico con IMC de 25 a 29.9 Kg/m², y normopeso una IMC entre 18.5 a 24.9 Kg/m²; por lo que, cada índice posee valores específicos para los diagnósticos (32).

El índice de masa corporal e índice de circunferencia abdominal

El IMC es la medida antropométrica más ampliamente adoptada; tiene la función de medir indirectamente a la cantidad del tejido adiposo corporal, y se ha determinado que posee una correlación “satisfactoria” mediante la evaluación realizada con tomografía computarizada, resonancia magnética nuclear, rayos X, entre otros, mientras que, la circunferencia abdominal es un parámetro enfocado en medir al riesgo de presentar complicaciones a nivel metabólico y cardiovascular (23, 55). El ICA es controvertido debido a que existen autores quienes afirman su superioridad sobre el IMC como predictor de adiposidad corporal, (94) o, lo contradicen (95).

El ICA permite estimar la cantidad del tejido adiposo visceral, pero su uso se vuelve más complicado por tener valores de cortes específicos de acuerdo a distintas poblaciones, determinados previamente por estudios de cohorte regionales por distintas organizaciones, como se muestra en el cuadro 1 a continuación (73).

Cuadro 1. Valores de índice de circunferencia abdominal para definir obesidad en distintas poblaciones (73).

Población	Organización	Hombre	Mujer
Caucasoide.	Federación Internacional de Diabetes (IDF por sus siglas en inglés).	≥94 cm.	≥80 cm.
Caucásica.	Organización Mundial de la Salud.	≥94 cm (riesgo elevado). ≥102 cm (riesgo muy elevado).	≥80 cm (riesgo elevado) ≥88 cm (riesgo muy elevado).
Estados Unidos.	Asociación Estadounidense del Corazón.	≥102 cm.	≥88 cm.
Canadá.	Salud Canadá.	≥102 cm.	≥88 cm.
Europea.	Sociedad Europea de Cardiología.	≥102 cm.	≥88 cm.
Asiáticos (incluyendo japoneses).	IDF.	≥90 cm.	≥80 cm.
Japoneses.	Sociedad Japonesa de Obesidad.	≥85 cm.	≥90 cm.
China.	Fuerza de Tarea Cooperativa.	≥85 cm.	≥80 cm.
Medio Este, Mediterráneo.	IDF.	≥94 cm.	≥80 cm.
Africanos sub-Sahara.	IDF.	≥94 cm.	≥80 cm.
Central Étnico y Sudamérica.	IDF.	≥94 cm.	≥80 cm.

Existen otros métodos diagnósticos para la obesidad, como índice de cintura y cadera, siendo >0.90 para hombres, y >0.85 en mujeres; entre otros, tenemos a absorciometría dual de rayos X, bioimpedancia multifrecuencia y pletismografía por desplazamiento de aire; sin embargo, los datos de estos métodos son limitados debido a que poca cantidad de instituciones las ocupan (36). El estándar de oro para diagnosticar la obesidad y sobrepeso son la tomografía computarizada, e imagen por resonancia magnética, los cuales, permiten conocer la distribución del tejido adiposo y muscular en el cuerpo, pero, se consideran clínicamente poco prácticos debido a sus elevados costos implicados (96).

LA MICROBIOTA EN EL SER HUMANO

La microbiota se trata de un conjunto de células microbianas que colonizan al cuerpo humano en distintas áreas, y se estima que estas superan por 10 veces en números a las células del hospedador (4). La microbiota humana se divide en 2 categorías, siendo autóctona y alóctona; la microbiota autóctona es aquella que ha colonizado y mantenido un estado de simbiosis en el cuerpo humano a lo largo del tiempo, mientras que la microbiota alóctona se halla en cualquier sistema de manera transitoria, y no son características de esta; no contribuyen al hospedador de forma alguna (4).

La microbiota intestinal

La MI humana consiste en un conjunto de microorganismos que colonizan al intestino, y ha sido referida como un “órgano virtual” y “súper organismo” por influir a nivel fisiológico y biológico del hospedador; juega un papel importante en el desarrollo de síndromes metabólicos, regulación de homeostasis energética e inmunológica.(2430).

A principios del año 2000, el impacto de la MI sobre la salud no ha sido un tema al que se le daba mucha importancia, y fue hasta en el año 2018 cuando la percepción sobre el tema cambió drásticamente, comprendiéndose por la microbiota como un ecosistema biológico que produce una influencia recíproca con el hospedador. A la vez, durante el año 2018, se logró conocer a una gran variedad de microorganismos en el ser humano; no obstante, aún se desconocen varios aspectos funcionales de especies que conforman la MI y su relación con la enfermedad y la salud (72).

El ecosistema de la MI es variado y complejo, tanto a niveles del intestino delgado como del colon, con una cifra de aproximadamente 1,011 a 1,012 microorganismos por gramo del contenido intestinal; a nivel del íleon distal y en colon, el 95% de estos son de tipo anaeróbicos (1). Además, la cantidad de genes en conjunto de la MI, superan al del ser humano por 150 veces aproximadamente, basándose en análisis de secuenciación de ácidos ribonucleicos ribosomales (ARNr) 16S ubicados en la subunidad pequeña (ARNr 16S) (11).

Existen 3 dominios biológicos de la MI humana de acuerdo con la filogenia molecular basada en ARNr 16S, siendo bacteria, eucaria y archaea; el dominio

bacteria es el predominante en el intestino humano, varía entre 500 a 1000 especies, y el 90% de la microbiota fecal pertenece a los filos *Bacteroidetes* con especies como *bacteroides*, *prevotella*, *rikenella*, ente otros, y *Firmicutes*, con especies como *clostridium*, *faecalibacterium*, *eubacterium*, entre otros; el dominio eucaria comprende a organismos unicelulares como fungis, amebas y parásitos, siendo cestodos, helmintos y nemátodos; en dominio archaea, la especie del género *Methanobrevibacter smithii* es el predominante en el intestino humano (1, 97).

Debido a la poca capacidad oxidativa en el tracto intestinal, hay un incremento cuantitativo enorme de microbios en este segmento; a nivel de yeyuno, predominan las bacterias del género *Streptococcus* y a nivel ileocecal es donde más abundan las bacterias bacilares de filo *Streptococcaceae* y *Firmicutes*; la gran mayoría de estos son anaeróbicos estrictos, no formadoras de esporas, y Gram positivo (1).

Los microorganismos de filo *Bacteroidetes* y *Firmicutes* como la microbiota predominante en el intestino humano, fermentan a los componentes alimenticios, convirtiéndolos en ácidos grasos de cadena corta (AGCC) (29). Otros autores confirman que, 60 a 65% del filo en el intestino pertenecen a *Firmicutes* y *Bacteroidetes* entre 20 a 25%, *Proteobacteria* de 5 a 10% y *Actinobacteria* en 3% (60). También hay autores quienes refieren que, es importante el balance de la microbiota en su composición, debido a que su alteración podría dar lugar a anomalías como desórdenes metabólicos que promueven al desarrollo del sobrepeso, obesidad, proceso inflamatorio sistémico crónico leve, entre otros (24).

Origen de la microbiota intestinal en el ser humano

La MI en el ser humano tiene como origen la colonización en el producto a nivel intrauterino durante el tercer trimestre gestacional y ocurre a través del líquido amniótico que contiene a *Fusobacterias*, *Bacteroidetes* y *Firmicutes*, provenientes de la placenta (25). Otros autores mencionan que la composición de la MI al momento del nacimiento tiene una estrecha relación con el método de concepción, ya sea vía canal de parto o cesárea; el nacimiento vía canal de parto se asocia fuertemente con un elevado perfil de *Bacteroidetes* y bajo en *Firmicutes*, mientras que, nacimiento por cesárea se asocia con un incremento cuantitativo de *Enterococos*, *Clostridio* y elevada proporción de *Firmicutes* comparado con *Bacteroidetes*, lo cual implica mayor posibilidad de desarrollar obesidad durante la infancia y posteriormente (47).

En la leche materna incluso se han identificado a más de 250 especies de microorganismos que llegan por vía enteromamaria al recién nacido (3). Posteriormente, durante la estancia intrahospitalaria, en los recién nacidos predominan los *Lactobacillus* y *Bifidobacterium* (29). Durante los primeros 2 años postnatales, los alimentos ingeridos influyen en la formación de la MI, determinando la predominancia de especies simbióticas como lactobacilos y bifidobacteria o la de especies patógenas como clostridios y *Staphylococcus* (25).

La microbiota intestinal en distintas etapas de vida

La composición de la MI varía según las etapas de la vida desde el nacimiento, clasificándose en infancia, adultez y tercera edad; en un estudio comparativo se ha mostrado que la infancia se asocia con una menor cantidad de microbios intestinales, y entre estos, resalta la cantidad de *Clostridium leptum* y *Clostridium coccooides*; en adultos los que más resaltaron en proporción son *Bacteroidetes* y *Firmicutes*, mientras que, en personas de la tercera edad abundaron los *Bacteroidetes* y *Escherichia Coli*; la razón de *Firmicutes* y *Bacteroidetes* han sido de 0.4 en infancia, 10.9 en adultos y 0.6 en tercera edad, con $p < 0.05$ (41).

La composición bacteriana de la MI en humanos permanecerá similar a partir de los 3 años de edad hasta la vejez salvo presencias de factores que pudieran perturbar en su composición; no obstante, aún continúan los cambios en la MI con relación a la edad, en donde la dominancia del filo *Bifidobacterium* cambiará posteriormente por *Firmicutes* y *Bacteroidetes*, sin un punto de establecimiento claro para la finalización de dicho cambio en infantes (12).

La mayoría de los estudios sobre la MI relacionados con los adultos mayores fueron realizados en sujetos con edades a partir de los 60, 65 y 70 años, pero se desconoce un punto de corte para establecer un cambio de la MI relacionado con la vejez; en su estudio reportan que un cambio notorio en composición de la MI en sus participantes ($n = 367$) entre 0 a 104 años de edad ha ocurrido en aquellos con 70 años de edad a mayor, con un aumento relativo en los filios *Bacteroidetes* y *Proteobacteria* como se muestra en la figura 1 (50).

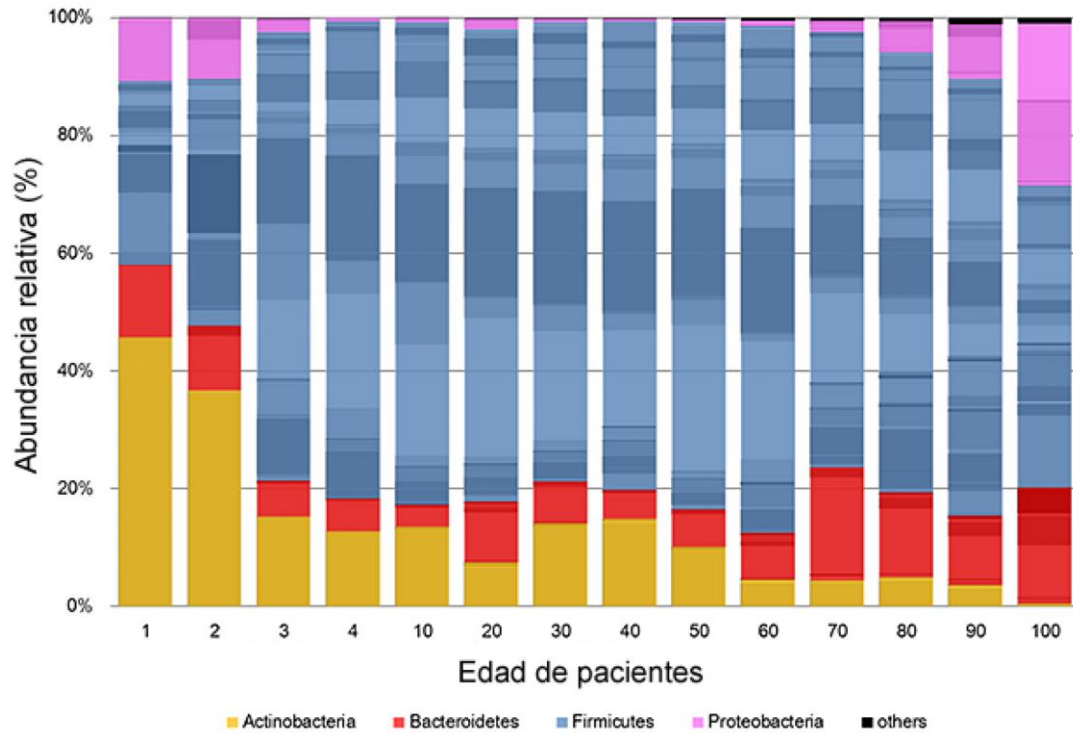


Figura 1. Cambios en la microbiota intestinal asociado con las edades (50).

Identificación de la microbiota intestinal

Para poder identificar a la MI, se requiere inicialmente de muestras; una forma de obtener la muestra es por biopsia de un segmento intestinal, y esta es particularmente útil cuando el objetivo se enfoca en analizar la interacción entre la MI y hospedero; sin embargo, dicha biopsia se obtiene mediante endoscopia, implicando preparaciones previas al procedimiento como lavado intestinal, siendo capaz de alterar la composición de la MI; otra muestra que se emplea es fecal, siendo lo más común, pudiendo suplir la necesidad de obtener biopsia del colon

para caracterizar la MI, además de ser la zona en donde más se concentra la MI (63).

El adecuado manejo de la muestra fecal previo al siguiente paso que es la extracción de ácidos desoxirribonucleico (ADN) bacteriano para identificar a la MI en los estudios de laboratorio es crucial, pues, existen factores capaces de alterar los resultados como la contaminación de la muestra por materiales extraños provenientes del medio ambiente (polvo u otros materiales orgánicos), además de la temperatura y el tiempo de almacenamiento prolongado, siendo mayor a 3 días a temperatura de 4°C sin congelar posteriormente, podría provocar un sobrecrecimiento de bacterias; el almacenamiento de la muestra fecal preferentemente se realiza a – 80°C inmediatamente a la obtención (67).

Existen distintos métodos para la extracción del ADN bacteriano, siendo una de ellas, mediante lisis en las muestras fecales, realizables por varios kits disponibles comercialmente, pero estas son capaces de modificar los resultados posteriormente; los procedimientos de lisis son variados, siendo mecánicos, químicos, térmicos y enzimáticos, además de aquellos con funciones para aislar al ADN de manera específica, como columna de giro y perlas magnéticas; los kits para extracción del ADN fecal más ampliamente manejados son: “QIAamp Stool Mini Kit” y “QIAamp PowerFecal DNA Kit (denominado formalmente “MO BIO’s PowerFecal DNA Isolation Kit)””; los kits utilizan de forma secuenciada a distintos métodos de extracción para ADN, siendo el uso de perlas magnéticas, térmicas, centrifugado, entre otros (34). El proyecto de los Estándares Internacionales de la Microbioma Humana sugiere un procedimiento estandarizado para la extracción de ADN a partir de la muestra fecal humana, debido a que en la actualidad existen varios kits para dicho procedimiento; sin embargo, no existe aún un consenso sobre el método de extracción de ADN más efectivo (34).

El último paso para la identificación de la MI es la lectura de sus códigos genéticos; para ello, existe una base de datos computacional sobre secuencias de los nucleótidos microbianos, las cuales permiten identificar a la MI a partir de las lecturas del gen ARNr 16S (63). La secuenciación de ARNr 16S consiste en un proceso de reacción de la cadena de polimerasa para amplificar selectivamente a algunas de las regiones hipervariables del gen 16S (figura 2), siendo del V1 a V9 (42). Para ello, se emplean a distintos primers que permitan ampliar al ADN ribosomal bacteriano de interés para su posterior secuenciación, por lo que la selección del primer es un paso crítico para obtener los datos taxonómicos bacterianos (33).

La determinación de las regiones hipervariables más eficientes para la clasificación filogénica sigue en debate, y en su estudio *in silico* observaron que las regiones V4 a V6 podrían ser las menos susceptibles a sesgos de estimación de algunas especies de la comunidad microbiana por ser las mejores conservadas al momento de realizar la secuenciación con un “primer universal con resolución filogenética superior para el filo bacteriano” (75), sin embargo, no existe una región que permita identificar de manera consistente a todas las bacterias, por lo que, la combinación de regiones incrementa la precisión, además de que, las regiones V4 a V5 son particularmente las más adecuadas para estudiar a la microbiota intestinal por permitir la obtención de los resultados comparables entre distintas plataformas de secuenciación, y de proveer una elevada resolución de los aspectos taxonómicos de la microbiota; también menciona que, las regiones V6 a V9 se asocian con un nivel significativamente mayor de sesgo de identificación ante la secuenciación que entre las regiones V1 a V3 y V3 a V5 (20).

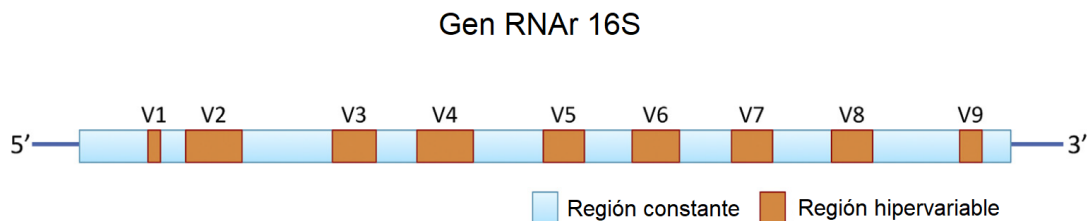


Figura 2. Representación del gen ARNr 16S y sus nueve regiones hipervariables y regiones constantes (63).

Los costos para realizar la caracterización taxonómica (de géneros) suelen ser bajos, por lo cual se popularizó y se prefiere al manejo de la secuenciación de ARNr 16S que sirve para ello; sin embargo, no existe un protocolo que establezca la manera de realizar dicha secuenciación (67). El fabricante Illumina dispone de equipo para ello, siendo MiSeq y HiSeq, las cuales son métodos de secuenciación de nueva generación y las más empleadas para los estudios de la MI en el mundo (63). La secuenciación de las regiones hipervariables V3 a V4 con MiSeq podría ser el diseño experimental más comúnmente empleado para representar a la MI por distintos autores; los primers que apuntan a las regiones V3 a V4 de ARNr 16S para MiSeq son: 16S-341F (5'-CCTACGGGNGGCWGCAG-3') y 16S-805R (5'-GACTACHVGGGTATCTAATCC-3') (33).

Debida a la limitada capacidad que poseen MiSeq (250 a 300 pares de bases de longitud) y HiSeq (150 pares de bases de longitud) para la secuenciación de los 1500 nucleótidos que conforman al ARNr 16S bacteriano, se consigue solamente la secuenciación de 1 o 2 regiones hipervariables adyacentes; no obstante, esto permite la cuantificación e identificación de la MI a nivel del género y por ende, al filo perteneciente; sin embargo, no es muy efectivo para clasificar a las bacterias a nivel de la especie, además de no permitir analizar las funciones biológicas de las especies de la MI (63).

Existen otros métodos de secuenciación, como SMART (single molecule real time sequencing, del inglés), el cual permite una lectura completa de ARNr 16S, pero no se ha popularizado su uso para la MI debido al elevado costo económico; otro método es la secuenciación metagenómica de Shotgun, capaz de secuenciar a todo el material genético sobre el ADN contenido en la muestra (microbioma), permitiendo así identificar las especies de la MI y caracterizar sus funciones biológicas; sin embargo, debido a que esto implica una elevada carga de información computacional a procesar, requiere un equipo de cómputo con elevada capacidad y además generar datos del metagenómicos es de elevado costo económico (63).

La reacción en cadena de polimerasa cuantitativa es otro método empleado para cuantificar a la MI e identificarla taxonómicamente mediante la secuenciación del gen ARNr 16S; en esta se manejan de manera retrocompatible a los datos del gen ARNr 16S obtenidos mediante la secuenciación de nueva generación, como referencia en su base de datos; este método también requiere de primers para evaluar a la MI, por ejemplo, primer 515F/806R para la región hipervariable V4 (21).

Variaciones de la microbiota intestinal por obtención de muestra

Aunque en menos ocasiones las muestras de la MI se obtienen de biopsias de distintos segmentos del intestino delgado, en estas se ha observado que, por no ser muestras fecales las cuales caracterizan a la MI del colon, varía la predominancia por filos de la MI observados; esto debido a que la mayor parte de la digestión y la absorción de los nutrientes, azúcares y grasas se llevan a cabo a

nivel del intestino delgado, por lo que el ambiente cambia significativamente para la MI (27).

Los filos de la MI predominantes hallados en muestras de biopsias duodenales son en orden descendiente: *Firmicutes*, *Proteobacteria*, *Actinobacteria* y *Fusobacteria* (77). Otros autores afirmaron que, *Proteobacteria*, *Firmicutes*, *Actinobacteria* y *Bacteroidetes* (78). También hubo autores que refirieron: *Fusobacteria*, *Proteobacteria*, *Firmicutes*, *Bacteroidetes* y *Actinobacteria* (79). En caso de muestra proveniente de yeyuno, *Bacteroidetes*, *Proteobacteria* y *Firmicutes* (27). En caso de muestra fecal, *Firmicutes*, *Bacteroidetes*, *Actinobacteria* y *Proteobacteria* (80).

Beneficios de la microbiota intestinal

La MI juega un papel importante en la salud y funciones fisiológicas del ser humano, como la modulación de la función inmunológica, digestión de los nutrientes provenientes de la dieta para la formación de metabolitos importantes para el cuerpo, como AGCC, que son grupos de ácidos grasos con menos de 6 átomos de carbono, derivados por la fermentación de fibras dietéticas indigeridas, abarcando al 95% de estos, el ácido propiónico, butírico, y acético (70, 6).

Los AGCC intervienen en el ser humano a nivel inmunológico con la expresión y diferenciación genética, proliferación, apoptosis, quimiotaxis de las células inmunitarias y contienen glucósido hidrolasas con el cual no cuenta el cuerpo humano, siendo indispensable para la hidrolización y fermentación de los

polisacáridos para poder ser aprovechados. Además, sirven como sustratos en el metabolismo, lipólisis y adipogénesis en el tejido adiposo y funcionan como moléculas de señalización entre el hospedador y la MI; por lo cual, la MI se vuelve un factor crucial para las funciones metabólicas (26).

La MI previene la colonización por patógenos mediante la modulación inmunitaria del hospedero, estimula a los macrófagos para la producción de pro-interleucina 1 beta, que se traduce en la producción de interleucina 1 beta la cual es una citoquina proinflamatoria capaz de reclutar a los neutrófilos para la eliminación de los patógenos (24).

Las bacterias comensales en el intestino humano modulan la función de las células T asesinas naturales para la secreción de citoquinas como Interleucinas 2, 4, 13, 17 y 21, factor de necrosis tumoral, interferón gamma, complementando así en la función de la barrera epitelial intestinal mientras mantienen a la homeostasis y previniendo una sobre-reacción inflamatoria; al haber ausencia de microbiota, las células de Paneth en el intestino disminuyen sus producciones de péptidos antimicrobianos, ocasionando la traslocación bacteriana (24).

Los microorganismos de filos como *Firmicutes* y *Actinobacteria* colaboran en el metabolismo del hospedador mediante la síntesis del ácido linoleico conjugado, el cual posee propiedades anti-obesidad, vitaminas K y B; la fermentación de los carbohidratos provenientes de la dieta es realizada por grupos de las bacterias *Bacteroides*, *Fecalibacterium*, *Bifidobacterium* y *Enterobacteria*, sintetizando así AGCC que podrán ser aprovechados en los órganos como se mencionó previamente; los AGCC además, sirven de moduladores en las células

enteroendocrinas para producir péptido YY, grelina (provenientes de células L del intestino), insulina y péptido similar al glucagón tipo 1 (24).

En estudios con animales se ha demostrado que la MI modula el funcionamiento inmunológico, estimula la maduración del tejido intestinal, el metabolismo del hospedador, promueve la absorción de nutrientes, la producción del moco intestinal, y de la inmunoglobulina A, demostrándose así, la existencia entre el estado de salud del hospedador y la MI (29).

Fisiopatología de la microbiota

Se denomina disbiosis al desbalance en composición de la MI, debido al uso de los medicamentos, hábitos dietéticos con abundante contenido graso, abundante contenido de azúcar, consumo de bebidas alcohólicas, entre otros; esto en consecuencia es capaz de influir negativamente al hospedador mediante la propensión al desarrollo de la enfermedad intestinal inflamatoria que se manifiesta como colitis ulcerosa, enfermedad de Crohn, síndrome del intestino irritable e incluso cáncer colorrectal; a nivel extraintestinal, se relaciona con alergias, asma, enfermedades cardíacas, síndrome metabólico, obesidad, diabetes tipo 2, entre otros (46, 40, 18).

Existen estudios en los que describen al estado de disbiosis; la bacteria *Faecalibacterium praunsnitzii*, del orden *Clostridia*, perteneciente al filo *Firmicutes*, está presente en el intestino de todos los sujetos sanos, por lo cual podría servir como biomarcador de un intestino en estado sano, ya que, se observó una

disminución cuantitativa de esta en sujetos quienes padecen de enfermedad de Crohn, además de una elevación concomitante de *Escherichia coli* (46). Para explicar lo previo, en estudios con ratones de laboratorio con enfermedad inflamatoria intestinal se observó una elevación de *E. coli* en la sección del intestino grueso, debido a la producción del nitrato que es un subproducto de la respuesta inflamatoria del hospedero por otro lado, en estudio con ratas se observó que *F. prausnitzii* ha sido productora de una proteína antiinflamatoria de 15 kilodaltons capaz de actuar a nivel de las células epiteliales del intestino, previniendo el desarrollo de colitis (46).

En un estudio con tamaño de muestra de n = 3409 sujetos, quienes fueron considerados como sanos tuvieron una correlación positiva con elevación cuantitativa del género *Coprococcus*, *Faecalibacterium*, *Lachnospira* y otros géneros no clasificados de la familia *Ruminococcaceae* y *Clostridiales*; dentro de estos, se sabe que, *Lachnospira* y *Faecalibacterium* son productoras de ácido butírico, el cual se conoce por su función antiinflamatoria, mientras que, el grupo de sujetos considerados como enfermos, tuvieron una correlación positiva con el aumento cuantitativo del género *Bacteroides*, *Sutterella*, *Ruminococcus*, *Megasphaera* y *Acidaminococcus* (40).

En una revisión, confirman que la ingesta alcohólica crónica es capaz de provocar la disbiosis; se observó en sujetos alcohólicos con cirrosis hepática un aumento cuantitativo de filo *Proteobacteria*, *Fusobactreria* y reducción del filo *Bacteroidetes*; para corroborar lo previo, revisaron a otro estudio en donde, reportan que el polifenol contenido en 100 mL de vino tinto consumido durante 20 días ha provocado un aumento cuantitativo de los filos *Firmicutes*, *Bacteroidetes*, *Proteobacteria* y *Fusobacteria*, comparado con el grupo control; no obstante, no fueron aclarados los efectos del alcohol puro sobre la MI (18).

Yamamoto, Z. A.;2022. Filos de la microbiota intestinal: Firmicutes, Bacteroidetes, Actinobacteria y Proteobacteria entre sujetos con obesidad, sobrepeso y normopeso: revisión sistemática.

En otra revisión sobre la MI y obesidad, refirieron a *Firmicutes* y *Verrucomicrobia* como los filos con correlación positiva al aumento de la masa grasa corporal, en donde existe disbiosis al haber un aumento cuantitativo anormal de estos, incluyendo a los géneros *Clostridium*, *Lactobacillus* y *Staphylococcus*, comparado con la proporción de *Bacteroidetes*, el cual es otro filo considerado como predominante en sujetos sanos (24).

Factores que modifican la microbiota intestinal

Existen varios factores capaces de modificar la composición y funcionamiento de la MI; los efectos de medicamentos sobre la MI son complejos y con varios puntos por aclarar aún, no obstante, se sabe que los antibióticos para los tratamientos de las enfermedades agudas y crónicas tienen el potencial de modificar la composición de la microbiota y alterar sus funciones induciendo un cambio en la interacción con el hospedador (11).

Los grados de correlación entre la MI y el sexo varían entre los estudios realizados en distintos países. Dominianni et al., consideran que las mujeres tuvieron menos cantidad de *Bacteroidetes* en comparación con los hombres ($p=0.001$) (16). Borgo et al., declararon que determinar la diferencia de la MI entre los grupos por sexo mediante el manejo de muestras fecales podría no proporcionar una conclusión clara, pero se observó una cantidad significativamente mayor del filo *Actinobacteria* en el grupo de mujeres ($p<0.05$) y de Lactobacillales ($p<0.05$) en comparación con el grupo de hombres (8). Kim et al., postularon que es complicada la obtención de los resultados sobre la diferencia de la MI por grupos de sexo por sí

solo, debido a la existencia de múltiples factores de confusión como las etapas de vida, hábitos dietéticos, infecciones y el uso de antibióticos (31).

La composición de la MI también depende mucho de las dietas, cosa que varía según las distintas poblaciones; en las dietas de Tanzania, que son ricas en fibra y muy baja en contenido graso, predominó el microorganismo del género *Prevotella*, que es capaz de recuperar la energía y nutrientes de fibras vegetales, siendo caso similar con etnias amazónicas de Brasil y Perú; en sociedades industrializadas con alto consumo de proteína y grasa, predomina *Bacteroidetes* (3).

Se cree que la dieta mexicana promedio suele tener una elevada cantidad de alimentos ultraprocesados con alto contenido en sodio y azúcares añadidos, panes dulces, bebidas azucaradas, dulces, carnes rojas, pescados, jugos, grasas saturadas, tortillas (de las cuales, se desconoce su producción si a base de granos refinados o enteros), legumbres (frijoles), chiles, frutas y condimentos (37, 74) Chávez-Carbajal et al. (98) reportaron en su estudio sobre la caracterización de la MI en la población mexicana que, aquellos con sobrepeso y obesidad tuvieron una disminución cuantitativa de *Bacteroides* ($p < 0.0001$) y una elevación de *Faecalibacterium* ($p = 0.0003$) en comparación con aquellos con normopeso.

Patterson et al., afirman que la cantidad de la MI varían con la dieta; como ejemplo, el aumento en cantidad de las bacterias del género *Bacteroides* se asocia con dietas basadas en carne, aumento del género *Prevotella* con dietas ricas en azúcares, pero bajos en proteínas y grasas; familias tanto *Lachnospiraceae* como *Ruminococcaceae* aumentan cuantitativamente con dietas ricas en polisacáridos de origen vegetal, los de género *Bifidobacterium* aumentan al haber dieta con bajo consumo de grasas en la dieta, *Faecalibacterium prausnitzii* aumenta con el

consumo de grasas saturadas, por tanto, la MI depende tanto de la cantidad como los componentes de la dieta (53).

La dieta tiene varios efectos sobre la salud; la ingesta de grasas poliinsaturadas (pescados), frutas, agua, verduras, sopas, entre otros, promueven a contrarrestar la inflamación sistémica y previene el desarrollo de las enfermedades metabólicas y, a su vez, favorece al desarrollo de la microbiota benéfica para la salud, mientras que la dieta con abundante contenido de azúcares, carnes y grasas saturadas, genera un desbalance en la composición de la microbiota, o disbiosis, causando una anomalía funcional de esta (53).

El tabaquismo se ha considerado también como un factor capaz de modificar a la MI induciendo a la disbiosis; no obstante, el mecanismo para ello no se conoce claramente, ya que la asociación entre el tabaquismo y la MI son observables de manera parcial, con distintos resultados por parte de distintos autores (64).

El embarazo es otro factor capaz de modificar a la MI, implicando cambios inmunológicos, metabólicos y hormonales; particularmente, los aumentos de estrógeno y progesterona modifican a nivel de crecimiento, metabólico y virulencia de las bacterias patógenas; como ejemplo, durante el embarazo existe una mayor susceptibilidad de infecciones por *Listeria monocytogenes*, capaz de ocasionar un parto pretérmino; además, se ha observado también que existe un aumento gradual del filo *Firmicutes* conforme progresa el período del embarazo; sin embargo, el tema sobre los efectos de la MI durante el embarazo es poco conocido aún (81).

De acuerdo con Engen et al., (18) la ingesta de alcohol puede generar disbiosis tanto a nivel cuantitativo por su aumento excesivo como cualitativo en la MI por sus composiciones, en donde la proporción del filo *Bacteroidetes* queda reducida y la de *Proteobacteria* abunda; a la vez, se comprobó que la disbiosis de la MI en los alcohólicos se asocia con una elevación de endotoxina sanguínea indicando que la disbiosis es un causante de la hiperpermeabilidad intestinal (figura 3).

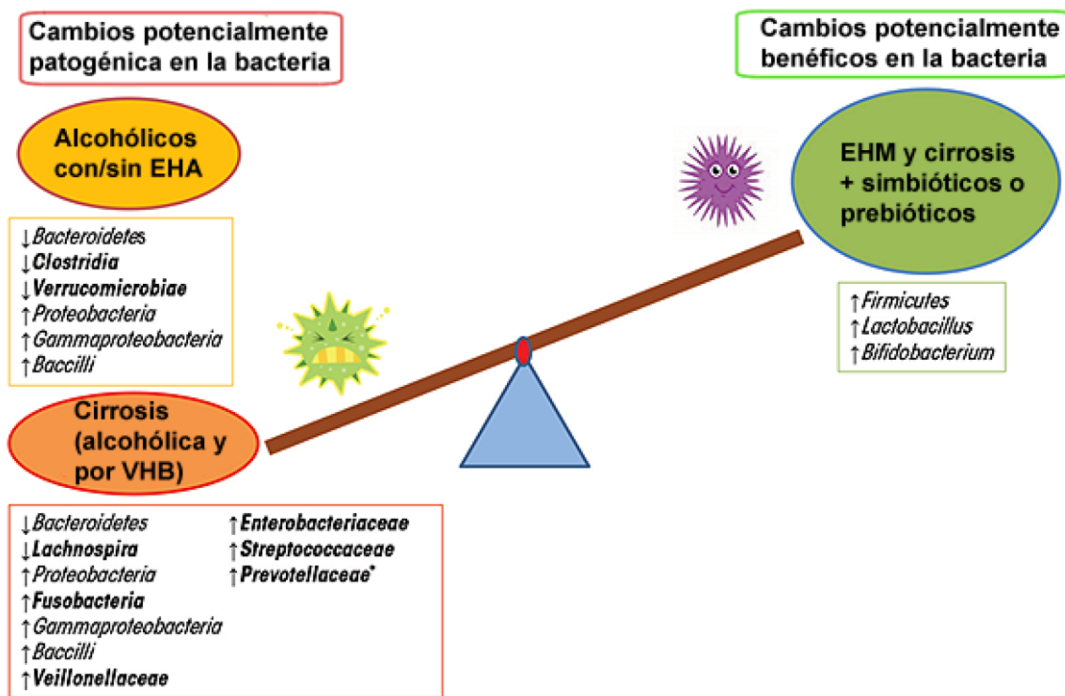


Figura 3. Disbiosis de la microbiota intestinal inducida por alcohol. Siglas: EHA (enfermedad hepática alcohólica), HBV (virus de hepatitis tipo B), EHM (encefalopatía hepática mínima) (18).

El consumo del alcohol propicia a la disbiosis a nivel del tracto gastrointestinal, pudiendo generar cambios patogénicos. La disbiosis presente en sujetos con

enfermedad hepática alcohólica, los sujetos con cirrosis hepática secundaria al virus de hepatitis tipo B, así como en los sujetos con cirrosis hepática secundaria a ingesta crónica del alcohol, las condiciones de disbiosis de la microbiota permanecen similares, mientras que, la administración de los probióticos ha servido para incrementar la proporción de especies de la microbiota simbiotes en sujetos que padecen cirrosis hepática o encefalopatía hepática mínima (18).

Existen también productos que pueden cambiar la composición de la MI de manera favorable para la salud del hospedador, siendo los probióticos y prebióticos; los probióticos son un conjunto de microorganismos que se administran vía oral para que colonicen a nivel intestinal, mientras que los prebióticos son un conjunto de productos alimentarios no digeribles por el ser humano y con capacidad de estimular selectivamente a la proliferación de los microbios intestinales considerados como benéficos para el hospedador (11).

González-Gallegos et al. (25), afirman en su ensayo que el tratamiento del sobrepeso y la obesidad en relación con la microbiota podría ser mediante el uso de probióticos; sin embargo, esto se complica debido a los alimentos disponibles en el mercado que contienen azúcares añadidos en altas cantidades y grasas, siendo recomendable, por lo tanto, una estrategia integral basada en los hábitos de la vida diaria, a nivel dietético, realización de actividades físicas y el uso de probióticos.

El trasplante de la microbiota fecal ha sido un tratamiento efectivo contra la infección por *Clostridium difficile*, pero tiene el potencial de cambiar a la MI en general; un caso particular fue el trasplante de la microbiota fecal proveniente de un sujeto con obesidad, que promovió a un incremento rápido de peso corporal en un paciente con bajo peso corporal (15).

Preveden et al. (56), mencionan que la MI es afectada también por enfermedades hepáticas, principalmente la cirrosis hepática crónica, debido a que estos tienen asociaciones con múltiples factores, siendo dietéticos, estados nutricionales, uso de antibióticos, consumo de alcohol; estos factores comprometen la secreción biliar.

Otros factores capaces de modificar a la MI son cualquier tipo de cirugía bariátrica (figura 4), siendo bypass gástrica en Y de Roux, banda gástrica ajustable, manga gástrica, entre otros, las cuales se realizan en sujetos obesos con IMC de $\geq 40\text{kg/m}^2$ o $\geq 35\text{kg/m}^2$ y con comorbilidades; modifican la composición de la MI a tal de “rescatar parcialmente a la microbiota intestinal de la disbiosis”, mejorando los aspectos funcionales o de composición de esta en variedades de especies y en sus números, pudiendo promover a la reducción del peso corporal y mejoría en aspectos metabólicos, entre otros. Liu et al. (35) afirman que los cambios en la MI debido a cirugía bariátrica suele ser notorio a los 3 meses postquirúrgico; este cambio se debe también a los cambios en la dieta implicados al momento (14).

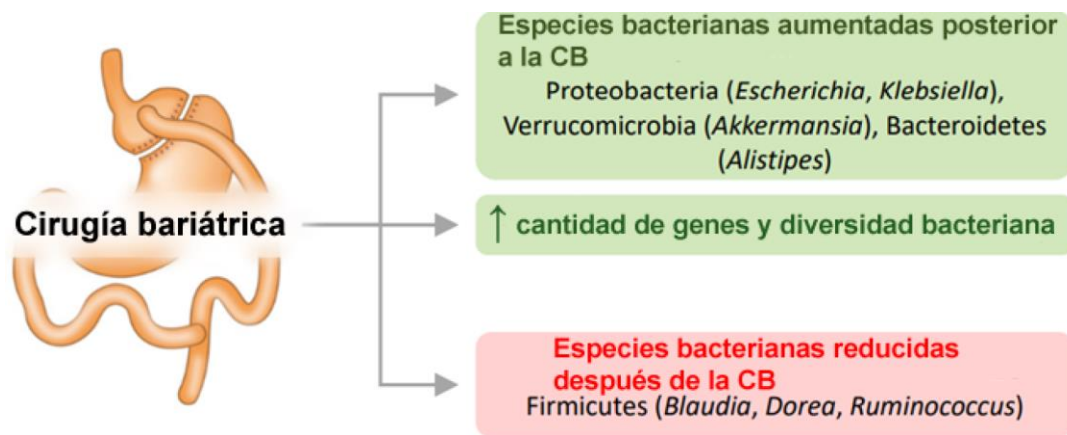


Figura 4. Cambio en la microbiota intestinal asociada a cirugía bariátrica.

La cirugía bariátrica (CB) se ha asociado con el incremento en variedad de las especies de microbiota intestinal, como en sus números. (14).

2. Antecedentes específicos

La microbiota intestinal, sobrepeso y obesidad

La alteración en composición de la MI es considerado como uno de los factores relacionados con el desarrollo del sobrepeso y la obesidad; tanto el sobrepeso como la obesidad implican un estado de alteración en la microbiota a comparación con la población sana y dicha alteración es capaz de modificar al funcionamiento de la barrera intestinal, permitiendo el paso de los componentes bacterianos como los lipopolisacáridos hacia la circulación sanguínea y así provocando la inflamación sistémica que promueve el desarrollo de la resistencia a insulina por la presencia de citoquinas inflamatorias capaces de alterar la señalización de los receptores de la insulina (24).

La dieta con abundante contenido de azúcares, carnes, grasas saturadas, bajo consumo de frutas, verduras y fibras vegetales suelen promover al estado de sobrepeso y obesidad, pudiendo alterar también la composición de la microbiota que, en los pacientes, consecuentemente incrementa el riesgo tanto de padecer resistencia a insulina como dislipidemia; el mantener dicha condición dará lugar al desarrollo de enfermedades cardiovasculares y diabetes mellitus tipo 2 (48, 53).

Predominancia de los filos de la microbiota intestinal en sujetos normopesos, con sobrepeso y obesos

Hasta el momento existen varios estudios sobre caracterización de la MI que describen a los filos en orden de predominancia entre sujetos normopesos, con sobrepeso y obesos, o de sujetos quienes serán sometidos a una maniobra capaz de modificar a la MI como administración de fármacos, cirugía bariátrica, regímenes dietéticos, entre otros (44). Los hallazgos sobre la MI varían entre los autores; entre los datos obtenidos a partir de estudios con animales de laboratorio se ha hallado en ratas obesas a una elevada cantidad de bacterias del filo *Firmicutes* y *Bacteroidetes* en comparación con ratas no obesas ($p < 0.01$), mientras que en otros estudios se asoció a la obesidad en ratas con el aumento cuantitativo de las bacterias de especies *Halomona* y *Sphingomonas* y reducción en *Bifidobacterium*; en los estudios de cohorte con seres humanos obesos y la relación con la microbiota, los resultados no han sido consistentes por las variaciones en los hallazgos ($p=0.25$) (1). En estudios comparativos de la MI entre sujetos con normopeso y obesidad de distintos autores se ha observado que en sujetos obesos la proporción de los filos *Bacteroides* estuvo reducida y la de *Firmicutes* elevada (58).

Kasai et al. (30) afirmaron en su estudio que existe una disminución importante en la proporción de filios *Bacteroidetes* en los grupos con sobrepeso y obesidad siendo de 23.28% en comparación con el 35.44% en los grupos con peso corporal normal ($p<0.05$); además de realizar comparaciones entre otros filios de la MI como se muestra en la figura 5.

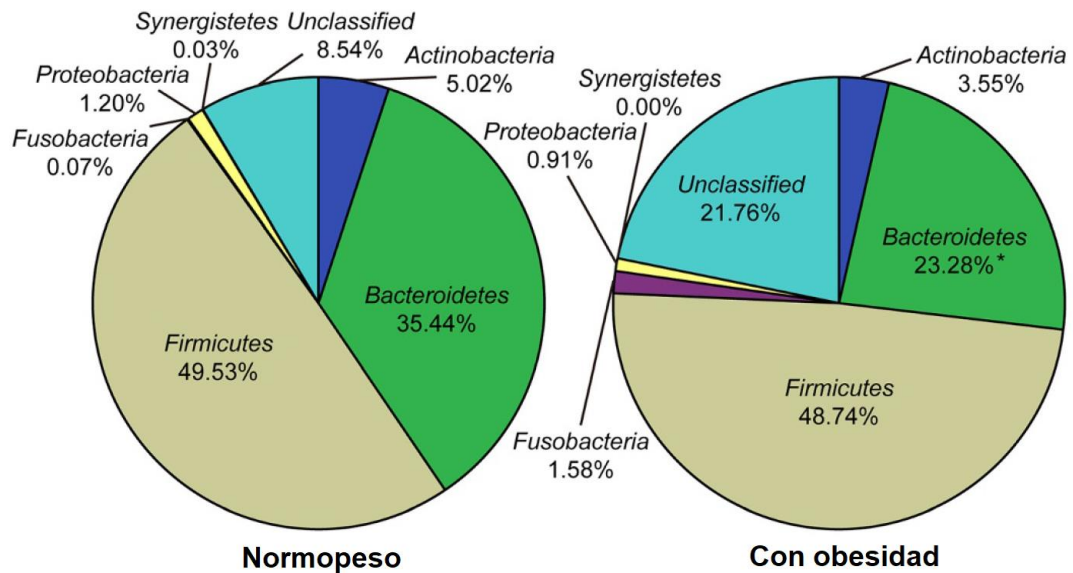


Figura 5. Proporciones de filios de la microbiota intestinal entre sujetos normopessos y obessos (15).

Gomes et al. (24), por su parte, afirman que una proporción elevada de filios *Firmicutes* en relación con *Bacteroidetes* se asocia con la obesidad infantil y mujeres obessos quienes padecen de síndrome metabólico; también, se ha observado que *Firmicutes* tiene una correlación positiva con el porcentaje de la masa grasa corporal; a su vez mencionan que la reducción del peso corporal en sujetos obessos ha producido una disminución en la proporción de *Firmicutes* en relación con *Bacteroidetes*.

Los autores Crovesy et al., mencionan en su revisión sistemática (RS) enfocada en evaluar la diferencia de la MI entre sujetos normopesos y obesos que los sujetos obesos tienden aparentemente a tener mayor cantidades de filo *Firmicutes* que *Bacteroidetes*, además de que estos filos representan al 90% de la MI en conjunto; a la vez, *Bacteroidetes* tiene una correlación positiva con el normopeso; concluyeron que los sujetos obesos no tienen la misma composición de la MI debido a que poseen mayor cantidad de filos *Firmicutes*, *Proteobacteria* y *Fusobacteria*, y menor cantidad de *Bacteroidetes* en comparación con sujetos normopesos (13). Castaner et al. (9) en su RS sobre perfiles de la MI con relación a la obesidad coinciden en que la obesidad se asocia con cambio en la MI, sin embargo, declararon que debido a diferencias en los factores tecnológicos como metodológicos empleados por distintos autores en sus estudios sobre la MI, se ve afectada la consistencia interna, pudiendo ser la causa de discordancia entre los resultados de estudios.

Mitev y Taleski (45), mencionan en su metaanálisis que la MI de los sujetos con obesidad es de considerarse como “la MI obesa” por tener menor cantidad de filo Bacteroidetes y mayor cantidad de filo Firmicutes que en sujetos normopesos debido principalmente a los factores dietéticos; además, la MI de sujetos obesos tiene mayor capacidad para extraer energía a partir de los alimentos que en sujetos normopesos; para reforzar lo dicho previamente, mencionan que existen estudios en donde se realizó colonización intestinal en ratones libres de gérmenes con la MI proveniente de ratones obesos y así aumentaron más del 50% de su masa grasa corporal a pesar de mantener la dieta basal.

Capítulo 2.

3. Planteamiento del problema

La obesidad es un aumento excesivo del tejido graso corporal secundario a la ingesta calórica excesiva con relación a lo necesario, y se asocia con múltiples problemas de salud a nivel mundial como el desarrollo de la hipertensión arterial, dislipidemia, resistencia a insulina, diabetes mellitus tipo 2, enfermedad coronaria, infarto cerebral isquémico y desarrollo de cáncer. Además, se ha reportado que, la obesidad es influida por factores como la microbiota intestinal de cada sujeto.

La microbiota intestinal es un conjunto de microorganismos que cumplen con funciones a niveles inmunológicas, metabólicas y endocrinológicas y su funcionamiento depende del equilibrio cuantitativo y cualitativo de los microbios que la componen; cuando se pierde dicho equilibrio, denominado disbiosis, la microbiota podrá tener efectos negativos sobre la salud como desórdenes metabólicos capaces de promover al desarrollo del sobrepeso, obesidad, proceso inflamatorio sistémico crónico leve, entre otros.

La microbiota intestinal ha sido un tema estudiado y discutido mundialmente; coinciden en que los filos predominantes en humanos son *Firmicutes*, *Bacteroidetes*, *Proteobacteria* y *Actinobacteria*; sin embargo, algunos estudios refieren que *Firmicutes* es el filo predominante en sujetos obesos, mientras que en sujetos normopesos predomina el filo *Bacteroidetes*, pero, otros estudios han demostrado lo contrario; es decir, hasta nuestro conocimiento no hay un acuerdo uniforme sobre qué filos predominan en dicho estado.

La importancia del filo *Firmicutes* es debido a que sintetiza el ácido linoleico conjugado, el cual posee propiedades anti-obesidad, además de sintetizar las vitaminas K y B; mientras que, la importancia del filo *Bacteroidetes* es debida a que fermenta a los carbohidratos provenientes de la dieta para sintetizar los ácidos grasos de cadena corta capaces de influir a nivel neuroendocrino; por lo que, dichas funciones podrían alterarse ante la disbiosis.

Yamamoto, Z. A.;2022. Filos de la microbiota intestinal: Firmicutes, Bacteroidetes, Actinobacteria y Proteobacteria entre sujetos con obesidad, sobrepeso y normopeso: revisión sistemática.

Por lo tanto, el orden de predominancia de la microbiota en sujetos obesos, con sobrepeso y normopesos aún no ha sido totalmente esclarecida; el conocer la predominancia de los filos de la microbiota intestinal en estos sujetos, mediante una revisión sistemática podría servir de aporte en el desarrollo de medidas terapéuticas de la disbiosis, para la corrección de la microbiota, por lo que se plantea la pregunta de investigación: ¿Qué filos de la microbiota intestinal *entre Firmicutes, Bacteroidetes, Actinobacteria y Proteobacteria* predominan en los sujetos obesos, con sobrepeso y normopeso?

Yamamoto, Z. A.;2022. Filos de la microbiota intestinal: Firmicutes, Bacteroidetes, Actinobacteria y Proteobacteria entre sujetos con obesidad, sobrepeso y normopeso: revisión sistemática.

4. Hipótesis

El filo predominante en los sujetos obesos y sobrepesos es *Firmicutes*, mientras que en sujetos normopesos predomina *Bacteroidetes*.

5. Objetivos

5.1. Objetivo general

Describir la predominancia de los filos de la microbiota intestinal entre *Firmicutes*, *Bacteroidetes*, *Actinobacteria* y *proteobacteria* en los sujetos con obesidad, sobrepeso y normopeso mediante una revisión sistemática.

5.2. Objetivos particulares

1.- Compilar a partir de estudios originales los datos ordinales sobre filos de la microbiota intestinal *Firmicutes*, *Bacteroidetes*, *Actinobacteria* y *Proteobacteria* en grupos de obesos, con sobrepeso y normopeso.

2.- Describir la predominancia de los filos de la microbiota intestinal compilados de los grupos de sujetos obesos, con sobrepeso y normopeso.

3.- Describir la predominancia de los filos de la microbiota intestinal entre grupos de sexo.

6. Metodología

6.1. Diseño del estudio

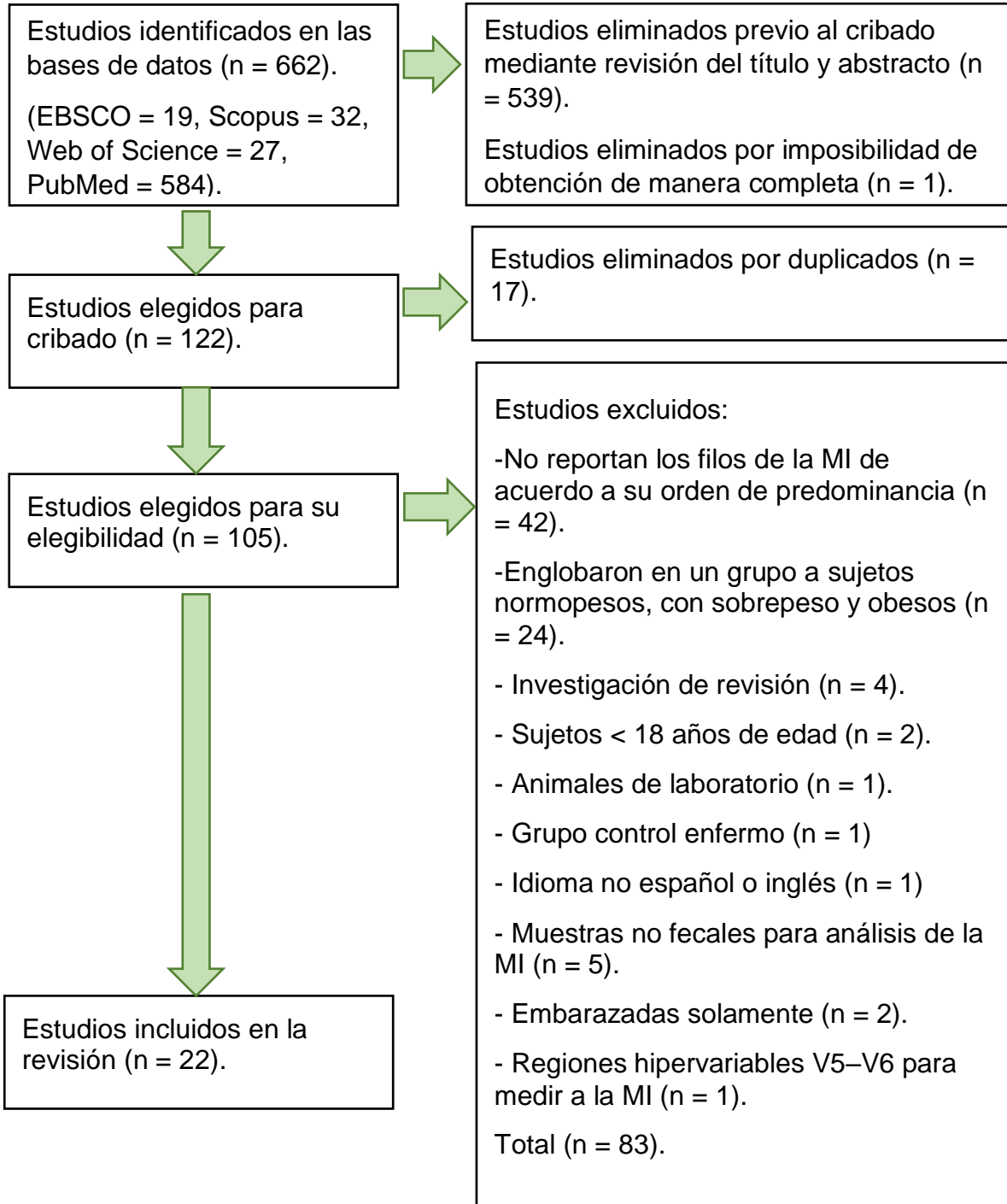
La presente revisión sistemática es una investigación descriptiva, procedimiento, observacional y retrolectivo.

6.2. Ubicación espacio-tiempo

Esta revisión se realizó en la Facultad de Medicina perteneciente a la Benemérita Universidad Autónoma de Puebla durante el período comprendido entre agosto de 2021 hasta julio del 2022. Tiene por número de registro de la Facultad de Medicina a: 930. La logística se muestra en el anexo 6 y los aspectos bioéticos en el anexo 2.

6.3. Marco muestral

6.3.1. Tamaño de la muestra



6.3.2. Selección de la muestra

La selección de muestra fue no aleatoria, y por conveniencia, conforme a los criterios de inclusión, exclusión y eliminación.

6.3.3. Definición de muestra

Artículos científicos publicados desde enero del año 2017 hasta marzo del año 2022 sobre la microbiota intestinal y reporten sobre los filos de estos mediante datos obtenidos a partir de los estudios de laboratorio con secuenciación de ARNr 16S.

6.4. Criterios de selección

6.4.1. Criterios de inclusión

- Artículos originales sobre la microbiota intestinal en sujetos obesos, con sobrepeso y normopesos.

- Artículos originales que contengan reporte de alguno de los siguientes filos: *Firmicutes*, *Bacteroidetes*, *Proteobacteria* y *Actinobacteria*.

- Artículos con reportes de los filos cuyos valores se obtuvieron a partir de muestras fecales mediante la secuenciación con análisis de regiones hipervariables entre V1 a V5.

- Artículos de texto completo.

- Artículos en idioma español e inglés.

- Artículos con grupo control, no sometidos a maniobras (cirugía bariátrica de cualquier tipo, medicaciones, métodos dietéticos, o administración de probióticos o prebiótico) que pudieran alterar a la microbiota intestinal.

- Artículos con criterios de exclusión, para sus grupos controles, de factores que pudieran alterar a la microbiota intestinal como: diarrea, cáncer de tracto gastrointestinal, enfermedad inflamatoria intestinal, Infección con virus de la

inmunodeficiencia humana, administración de antibióticos, antiparásitos o antifúngicos que tengan menos de un mes o 30 días desde la última administración.

6.4.2. Criterios de exclusión

- Artículos de estudio de la microbiota intestinal en animales.
- Artículos de revisiones, opiniones y resúmenes de congresos.
- Artículos que no contengan datos de los filos predominantes de la microbiota intestinal por cada grupo de estudio.
- Artículos que engloben cualquiera de los grupos de sujetos con normopeso, con sobrepeso y con obesidad en un solo grupo.
- Artículos cuyos sujetos de estudio sean menores de 18 años y mayores de 70 años de edad.

6.4.3. Criterios de eliminación

- Artículos duplicados
- Artículos que no se puedan obtener de manera completa.

6.4.4 Diseño y tipo de muestreo

El muestreo ha sido no probabilístico y a conveniencia.

6.5. Definición de las variables y escalas de medición

Las variables de la presente investigación son cuatro; presentados con mayores detalles en las tablas (anexo 1A y anexo 1B).

- Filos de la microbiota intestinal.
- Índice de masa corporal.
- Edad.
- Sexo.

6.6. Técnicas y procedimientos

Técnicas

- Búsqueda de artículos: utilización de plataformas para obtención de artículos especializados: PubMed (anexo 10), EBSCO (anexo 11), Web of Science (anexo 13) y SCOPUS (anexo 14) a través de palabras claves gut microbiota, human, obese, overweight y normal weight.
- Eliminación de artículos duplicados en Mendeley Desktop.
- Revisión por par de los artículos en plataforma de software Rayyan QCRI (51).
- Introducción de datos de variables en software Microsoft Excel.
- Evaluación de la calidad de estudios con el “Instrumento para la lectura crítica y la evaluación de estudios epidemiológicos transversales” (7).

Procedimientos

- Búsqueda de artículos

Se emplearon las palabras claves “gut microbiota”, “obese”, “overweight” y “normal weight” con operadores booleanos para la búsqueda sistematizada de los artículos originales en distintas plataformas digitales de publicaciones científicas, siendo PubMed, Web of Science, Scopus y EBSCO (anexo 7), correspondientes al rango de tiempo entre enero del año 2017 al marzo del año 2022.

- Eliminación de artículos duplicados

Se empleó al software Mendeley Desktop para una eliminación automatizada de los artículos duplicados.

- **Selección de estudios**

Las referencias y abstractos de los artículos arrojados por cada plataforma virtual se importaron al software Mendeley Desktop para la eliminación de duplicados. Se empleó software web gratuita Rayyan QCRI (51) que permite una selección semiautomatizada de los artículos empleando los datos de título y el abstracto. Una vez seleccionados los artículos, se leyeron de manera completa para determinar su inclusión y se eliminaron manualmente a los artículos duplicados que coincidieron entre las distintas plataformas de donde se extrajeron. Lo previo se realizó de manera independiente por el investigador Yamamoto A. Además, se evaluaron los artículos seleccionados mediante sesiones virtuales con las directoras de tesis para llegar a un acuerdo sobre su inclusión.

- **Extracción de datos**

Los datos obtenidos fueron autor, año de publicación, región correspondiente al estudio, tamaño de muestra, filos de la microbiota intestinal en orden descendente de predominancia correspondientes a los grupos de índice de masa corporal, sexo y edades. Estos datos se introdujeron en el software Microsoft Excel (anexo 8).

- **Evaluación de calidad de estudios**

Se empleó al “Instrumento para la lectura crítica y la evaluación de estudios epidemiológicos transversales” que consiste en 27 ítems, los cuales, evalúan: a) pregunta u objetivo de investigación; b) participantes; c) comparabilidad entre los grupos estudiados; d) definición y medición de las variables principales; e) análisis estadístico y confusión, f) resultados, g) conclusiones, validez externa y aplicabilidad de los resultados, h) conflicto de interés. A partir de los puntos previos se determinan sobre la calidad del estudio, siendo alta, media y baja (anexo 3) (7).

Estrategia de trabajo

El presente trabajo de investigación se realizó conforme a las pautas de Ítems de Reportes Preferidos para Revisión Sistemática y Metaanálisis 2020 (PRISMA 2020 por sus siglas en inglés) (anexo 4).

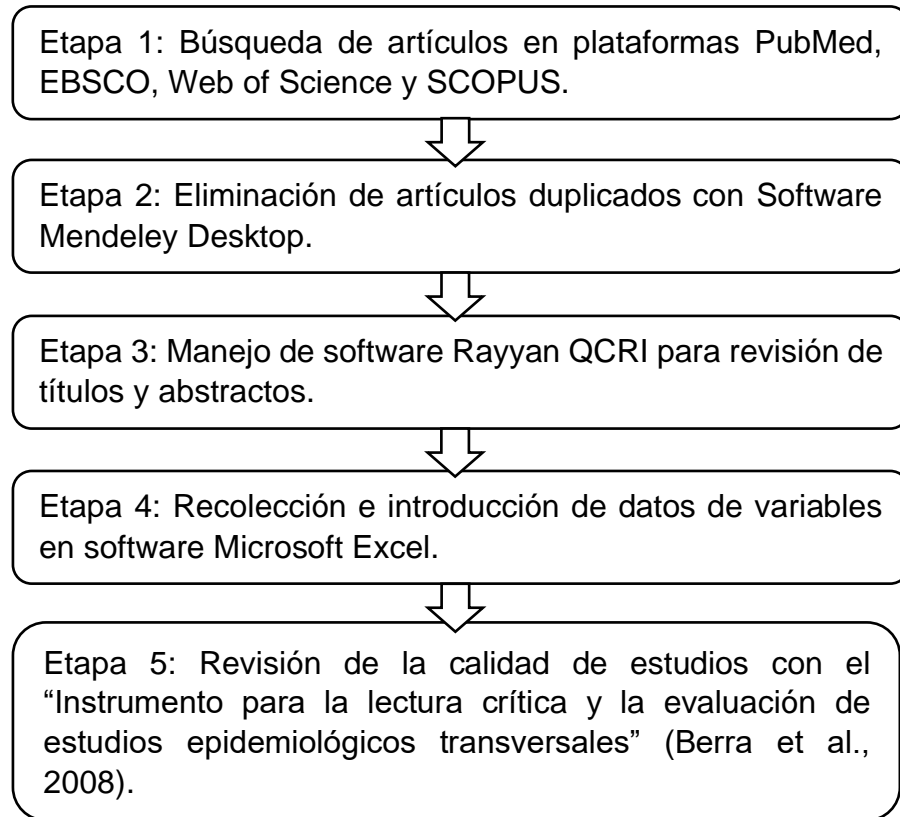
Se buscó de manera sistematizada a los artículos correspondientes a los períodos de publicaciones entre enero de año 2017 hasta marzo del año 2021 en distintas plataformas de publicaciones científicas.

Primera fase, se filtraron a los artículos por títulos y resúmenes; luego se eliminaron a los artículos duplicados; se revisaron a los contenidos de los artículos obtenidos de manera completa y detallada para seleccionar a los estudios con resultados elegibles para la presente revisión. Los datos de interés como los filos de la microbiota intestinal fueron presentados de manera ordinal por grupos de índice de masa corporal, de acuerdo a los grupos de edad y sexo se agregaron a la hoja de Excel (anexo 8) para su evaluación.

Segunda fase, se evaluaron las calidades de los estudios con el “Instrumento para la lectura crítica y la evaluación de estudios epidemiológicos transversales” (anexo 3). Se analizaron los datos compilados.

Método de recolección de datos

Se buscaron y obtuvieron a los artículos sobre el tema de manera sistematizada en plataformas dedicadas a publicaciones científicas, abarcando a artículos desde el enero del año 2017 hasta marzo del año 2022. Se filtraron a los artículos por título y resumen. Los artículos que cumplieron con lo previo fueron revisados de manera completa y evaluadas mediante los criterios de selección para la presente investigación.



6.7. Análisis estadístico

Por tratarse la presente investigación sobre una revisión sistemática, la información se presenta de acuerdo con el filo predominante que reportan de acuerdo al orden de predominancia hallados por grupos de índice de masa corporal. Los datos se presentan en número de artículos obtenidos y porcentajes.

7. Resultados

Se obtuvieron en total 662 artículos, de los cuales tras realizar revisiones, se incluyeron 22 artículos en la presente investigación, siendo tamaño muestral de 1164 participantes, de quienes 433 (36.94%) fueron sujetos con normopeso, 254 (21.82%) con sobrepeso y 477 (40.97%) con obesidad. Se muestran las palabras claves y sintaxis empleadas para la búsqueda de los artículos en el cuadro 2. Los detalles sobre los artículos incluidos y los filos predominantes referidos se muestran en el cuadro 3.

Posterior al realizar la suma de frecuencias de acuerdo con el filo predominante reportado para los 3 grupos, por cada artículo se determinó que, los filos predominantes son *Firmicutes*, seguido de *Bacteroidetes*. Otros filos predominantes fueron *Proteobacteria* y *Actinobacteria*. En este contexto, se observó predominancia de *Bacteroidetes* en sujetos con normopeso (29.64%) comparado con sujetos con obesidad (7.91%), mientras que, *Firmicutes* se reportó en el 70.36% de sujetos con normopeso, y, en el 92.09% de sujetos con obesidad. Se muestran los detalles en el cuadro 4.

Al realizar los análisis de la calidad de estudios incluidos en la presente investigación con el Instrumento para la lectura crítica y la evaluación de estudios epidemiológicos transversales (7), se encontraron estudios de muy buena calidad (n = 6), buena calidad (n = 14) y calidad regular (n = 2). Se muestran los detalles en el cuadro 5.

Cuadro 2. Palabras claves y sintaxis empleados para la búsqueda de artículos en distintas plataformas digitales.

Plataforma	Palabras claves y sintaxis	Artículos hallados
EBSCO	(gut microbiota AND human AND obese AND overweight AND normal weight)	19
Scopus	TITLE-ABS-KEY (human AND gut AND microbiota AND obese AND overweight AND normal AND weight) AND PUBYEAR > 2016 AND PUBYEAR > 2022	32
Web of Science	(((((ALL=(human)) AND ALL=(gut microbiota)) AND ALL=(obese)) AND ALL=(overweight)) AND ALL=(normal weight))	267
PubMed	(((((((((((((human gut microbiota) OR (human gut microbiota[MeSH Terms])) OR (human gut microbiota[Title/Abstract])) AND (adult gut microbiota) OR (adult gut microbiota[MeSH Terms])) OR (adult gut microbiota[Title/Abstract])) AND (obese gut microbiota) OR (obese gut microbiota[MeSH Terms])) OR (obese gut microbiota[Title/Abstract])) AND (overweight gut microbiota) OR (overweight gut microbiota[MeSH Terms])) OR (overweight gut microbiota[Title/Abstract])) AND (normal weight gut microbiota) OR (normal weight gut microbiota[MeSH Terms])) OR (normal weight gut microbiota[Title/Abstract]))	584
Total:		662

Cuadro 3. Filos predominantes de la microbiota intestinal reportados por distintos autores.

Autor y año de publicación	País	Filos predominantes en orden descendiente en sujetos con normopeso (n)	Filos predominantes en orden descendiente en sujetos con sobrepeso (n)	Filos predominantes en orden descendiente en sujetos con obesidad (n)
Koliada, et al (2017).	Ucrania	<i>Bacteroidetes, Firmicutes y Actinobacteria</i> (27).	<i>Firmicutes, Bacteroidetes y Actinobacteria</i> (16).	<i>Firmicutes, Bacteroidetes y Actinobacteria</i> (11).
Venegas, et al (2017).	E.U.A.	-	<i>Firmicutes, Bacteroidetes, Proteobacteria y Actinobacteria</i> (81).	-
Angelkais, et al (2018).	Múltiple	-	-	<i>Firmicutes y Actinobacteria</i> (33).
Angelkais, et al (2018).	Múltiple	-	-	<i>Firmicutes y Bacteroidetes</i> (7).
Wang, et al (2018).	China	<i>Firmicutes, Bacteroidetes, Actinobacteria y Proteobacteria</i> (20).	-	<i>Firmicutes, Bacteroidetes, Actinobacteria y Proteobacteria</i> (19).
Campisciano, et al (2018).	Italia	<i>Bacteroidetes, Proteobacteria, Firmicutes y Actinobacteria</i> (20).	-	<i>Bacteroidetes, Proteobacteria, Firmicutes y Actinobacteria</i> (20).

Yamamoto, Z. A.;2022. Filos de la microbiota intestinal: Firmicutes, Bacteroidetes, Actinobacteria y Proteobacteria entre sujetos con obesidad, sobrepeso y normopeso: revisión sistemática.

Autor y año de publicación	País	Filos predominantes en orden descendiente en sujetos con normopeso (n)	Filos predominantes en orden descendiente en sujetos con sobrepeso (n)	Filos predominantes en orden descendiente en sujetos con obesidad (n)
Chávez-Carbajal, et al (2019).	México	<i>Firmicutes, Bacteroidetes, Proteobacteria y Actinobacteria</i> (25).	-	<i>Firmicutes, Bacteroidetes, Proteobacteria y Actinobacteria</i> (42).
Ahmad, et al (2019).	Pakistán	<i>Firmicutes, Bacteroidetes, Proteobacteria y Actinobacteria</i> (20).	-	<i>Firmicutes, Bacteroidetes, Actinobacteria y Proteobacteria</i> (40).
Salah, et al (2019).	Egipto	<i>Firmicutes, Bacteroidetes, Proteobacteria y Verrucomicrobia</i> (5).	-	<i>Firmicutes, Bacteroidetes, Proteobacteria y Verrucomicrobia</i> (50).
Palmisano, et al (2019).	Italia	<i>Bacteroidetes, Firmicutes, Proteobacteria y Actinobacteria</i> (25).	-	-
Zhang, et al (2019).	China	<i>Bacteroidetes, Firmicutes y Proteobacteria</i> (19).	-	-
Zhang, et al (2019).	China	<i>Firmicutes, Bacteroidetes, Proteobacteria y Actinobacteria</i> (23).	-	-
Marvasti, et al (2020).	Irán	<i>Firmicutes y Bacteroidetes</i> (50).	-	<i>Firmicutes y Bacteroidetes</i>

Autor y año de publicación	País	Filos predominantes en orden descendiente en sujetos con normopeso (n)	Filos predominantes en orden descendiente en sujetos con sobrepeso (n)	Filos predominantes en orden descendiente en sujetos con obesidad (n)
Gruneck, et al (2020).	Tailandia	<i>Bacteroidetes, Firmicutes, Proteobacteria y Fusobacteria</i> (8).	<i>Firmicutes, Bacteroidetes, Fusobacteria y Proteobacteria</i> (15).	<i>Bacteroidetes, Firmicutes, Fusobacteria y Proteobacteria</i> (15).
Kahleova, et al (2020).	E.U.A.	<i>Firmicutes, Bacteroidetes y otros</i> (50).	-	-
Liang et al (2020).	China	<i>Firmicutes, Bacteroidetes, Actinobacteria y Proteobacteria</i> (9).	-	-
Chen, et al (2021).	China	<i>Firmicutes, Bacteroidetes, Actinobacteria y Proteobacteria</i> (38).	-	-
Olivares, et al (2021).	Brasil	<i>Firmicutes, Bacteroidetes, Actinobacteria y Proteobacteria</i> (18).	<i>Firmicutes, Bacteroidetes, Actinobacteria y Proteobacteria</i> (46).	<i>Firmicutes, Bacteroidetes, Actinobacteria y Proteobacteria</i> (45).
Stefura, et al (2021).	Polonia	<i>Firmicutes, Bacteroidetes y Actinobacteria</i> (44).	-	<i>Firmicutes, Bacteroidetes y Actinobacteria</i>

Yamamoto, Z. A.;2022. Filos de la microbiota intestinal: Firmicutes, Bacteroidetes, Actinobacteria y Proteobacteria entre sujetos con obesidad, sobrepeso y normopeso: revisión sistemática.

Autor y año de publicación	País	Filos predominantes en orden descendiente en sujetos con normopeso (n)	Filos predominantes en orden descendiente en sujetos con sobrepeso (n)	Filos predominantes en orden descendiente en sujetos con obesidad (n)
Wang, et al. (2021).	China	-	<i>Firmicutes, Bacteroidetes, Proteobacteria y Actinobacteria</i> (96).	-
Baek et al (2022).	Corea del Sur	<i>Firmicutes, Bacteroidetes, Actinobacteria y Proteobacteria</i> (21).	-	<i>Firmicutes, Bacteroidetes, Actinobacteria y Proteobacteria</i> (28).
Corona-Cervantes et al (2022).	México	<i>Firmicutes, Bacteroidetes, Actinobacteria y Proteobacteria</i> (11).	-	<i>Firmicutes, Bacteroidetes, Proteobacteria y Actinobacteria</i> (25).
Scheithauer et al (2022).	Alemania	-	-	<i>Firmicutes, Bacteroidetes, Proteobacteria y Actinobacteria</i> (40).

Abreviación: E.U.A: Estados Unidos de América. Los autores Angelkais et al (2018) tuvieron a 2 grupos de obesos en su estudio multicéntrico, por lo que, describe ocupando 2 filas. Fuente: autor.

Cuadro 4. Orden de predominancia de filos de acuerdo con el porcentaje de artículos.

El cuadro A describe los valores de los 22 artículos; cuadro B describe los valores de grupo con normopeso; cuadro C para grupo con sobrepeso; cuadro D describe los valores de grupo con obesidad. Los valores descritos son números de artículos que reportaron como predominantes al filo correspondiente, seguido de dicho valor en porcentaje y el número de sujetos implicados.

A. Orden de predominancia global				
Filo	1°	2°	3°	4°
	Número de artículos (%) (n)			
<i>Firmicutes</i>	17 (77.27) (1030)	5 (22.72) (94)	1 (4.54) (40)	-
<i>Bacteroidetes</i>	5 (22.72) (134)	16 (72.72) (997)	-	-
<i>Proteobacteria</i>	-	1 (4.54) (40)	9 (40.9) (419)	10 (45.45) (365)
<i>Actinobacteria</i>	-	1 (4.54) (33)	9 (40.9) (476)	8 (36.36) (377)
<i>Verrucomicrobia</i>	-	-	-	1 (4.54) (55)
<i>Fusobacteria</i>	-	-	2 (9.09) (30)	1 (4.54) (8)
Otros	-	-	1 (4.54) (50)	-

Yamamoto, Z. A.;2022. Filos de la microbiota intestinal: Firmicutes, Bacteroidetes, Actinobacteria y Proteobacteria entre sujetos con obesidad, sobrepeso y normopeso: revisión sistemática.

B. Orden de predominancia con normopeso				
Filo	1°	2°	3°	4°
	Número de artículos (%) (n)			
<i>Firmicutes</i>	13 (59.09) (334)	4 (22.72) (79)	1 (4.54) (20)	-
<i>Bacteroidetes</i>	5 (22.72) (99)	13 (72.72) (334)	-	-
<i>Proteobacteria</i>	-	1 (4.54) (20)	7 (31.81) (125)	6 (27.27) (117)
<i>Actinobacteria</i>	-	-	8 (36.36) (179)	5 (22.72) (113)
<i>Verrucomicrobia</i>	-	-	-	1 (4.54) (5)
<i>Fusobacteria</i>	-	-	-	1 (4.54) (8)
Otros	-	-	1 (4.54) (50)	-

C Orden de predominancia con sobrepeso				
Filo	1°	2°	3°	4°
	Número de artículos (%) (n)			
<i>Firmicutes</i>	5 (22.72) (254)	-	-	-
<i>Bacteroidetes</i>	-	5 (22.72) (254)	-	-
<i>Proteobacteria</i>	-	-	2 (9.09) (177)	2 (9.09) (61)
<i>Actinobacteria</i>	-	-	2 (9.09) (62)	2 (9.09) (177)
<i>Verrucomicrobia</i>	-	-	-	-
<i>Fusobacteria</i>	-	-	1 (4.54) (15)	-

Yamamoto, Z. A.;2022. Filos de la microbiota intestinal: Firmicutes, Bacteroidetes, Actinobacteria y Proteobacteria entre sujetos con obesidad, sobrepeso y normopeso: revisión sistemática.

D. Orden de predominancia con obesidad				
Filo	1°	2°	3°	4°
	Número de artículos (%) (n)			
<i>Firmicutes</i>	13 (59.09) (442)	1 (4.54) (15)	1 (4.54) (20)	-
<i>Bacteroidetes</i>	2 (9.09) (35)	12 (54.54) (409)	-	-
<i>Proteobacteria</i>	-	1 (4.54) (20)	3 (13.63) (117)	6 (27.27) (187)
<i>Actinobacteria</i>	-	1 (4.54) (33)	7 (31.81) (235)	3 (13.63) (87)
<i>Verrucomicrobia</i>	-	-	-	1 (4.54) (50)
<i>Fusobacteria</i>	-	-	1 (4.54) (15)	-

Cuadro 5. Análisis de la calidad de los estudios incluidos

Autor	Año	Preg unta / obje tivo de inve stiga ción	Mues treo	Compar abilidad entre grupos estudiad os	Defini ción y medi ción de varia bles princi pales	Análi sis estad ístico y confu sión	Vali dez inte rna	Resu ltado s	Conclu siones y validez extern a	Confli cto de interé s	Valor ación globa l de la calida d de estud io
Chavez- Carbajal , et al.	2019	1	2	1	1	2	2	2	3	1	1
Koliada, et al.	2017	1	1	1	1	2	3	2	2	1	2
Marvasti , et al.	2020	1	1	1	1	1	2	1	2	1	2

Autor	Año	Pregunta / objetivo de investigación	Muestras	Comparabilidad entre grupos estudiados	Definición y medición de variables principales	Análisis estadístico y confusión	Validez interna	Resultados	Conclusiones y validez externa	Conflicto de interés	Valoración global de la calidad de estudio
Gruneck, et al.	2020	2	3	1	3	3	3	2	3	1	2
Ahmad, et al.	2019	2	3	2	2	3	3	2	3	2	2
Angelkais, et al.	2018	1	3	3	2	2	3	2	4	1	3
Salah, et al.	2019	1	2	2	2	2	2	2	2	1	2
Campisciano, et al.	2018	1	2	1	1	1	1	1	2	3	2
Chen, et al.	2021	1	2	1	1	1	2	1	2	1	1
Olivares, et al.	2021	1	2	2	1	2	2	1	4	1	2
Kahleova, et al.	2020	1	1	3	1	3	2	2	2	1	2
Palmisano, et al.	2019	1	2	1	2	2	2	1	2	1	1
Stefura, et al.	2019	1	1	3	2	2	2	2	3	1	2
Venegas, et al.	2021	1	1	1	1	1	2	1	2	1	2

Autor	Año	Pregunta / objetivo de investigación	Muestras	Comparabilidad entre grupos estudiados	Definición y medición de variables principales	Análisis estadístico y confusión	Validez interna	Resultados	Conclusiones y validez externa	Conflicto de interés	Valoración global de la calidad de estudio
Wang, et al. (sobrepeso y osteoporosis)	2020		3	2	1	2	3	1	2	1	3
Zhang, et al. (Dieta)	2019		1	1	1	2	2	1	2	1	1
Zhang, et al. (Enf. Hepática)	2019		2	1	1	2	2	2	2	1	1
Gao, et al.	2018		1	1	2	2	2	1	1	5	2
Wang, et al.	2018		2	2	2	2	2	1	2	1	2
Baek et al.	2022		3	2	2	3	3	2	3	1	3
Corona-Cervantes et al.	2022		1	2	2	1	2	2	1	2	1
Scheithauer et al.	2022		2	2	1	2	2	2	1	2	2

La valoración global de los estudios se clasifica como “alto”, “medio” y “bajo”; se determina como “alto” si la mayoría de los enunciados corresponden a

“muy bien” o 1; “bien” o 2; “medio” o 3 si la validez interna del artículo es calificada como “regular”; “bajo” o 4, y “no menciona” o 5 (7)

8. Discusión

Se realizó la presente revisión sistemática de tipo descriptivo, procedimiento, observacional y retrolectivo, cuyo objetivo principal fue describir la predominancia de los filos de la microbiota intestinal entre *Firmicutes*, *Bacteroidetes*, *Actinobacteria* y *Proteobacteria* en los sujetos con obesidad, con sobrepeso y con normopeso.

Globalmente, los filos predominantes en orden descendiente fueron: *Firmicutes*, *Bacteroidetes*, *Actinobacteria* y *Proteobacteria*; en el grupo de sujetos con normopeso y sujetos con obesidad, mientras que, en sujetos con sobrepeso dicha orden fue: *Firmicutes*, *Bacteroidetes*, *Proteobacteria* y *Actinobacteria*. Cabe destacar que, no fue posible describir la predominancia de los filos de la MI por grupos de sexo, debido a la falta de información en los artículos revisados.

En esta investigación, se consideró relevante comparar el tamaño de muestra de participantes para determinar la predominancia de los filos, debido a que los tamaños muestrales manejados por cada artículo fueron desiguales y esto podría dar lugar al sesgo de medición.

Estos hallazgos están acordes con los argumentos de otros autores, que han realizado revisiones o reportes, en donde *Bacteroidetes* es considerado un filo que tiene “correlación positiva con el normopeso”, mientras que, *Firmicutes* es parte de “la microbiota obesa”; por otra parte, los filos *Actinobacteria* y *Proteobacteria* han sido poco reportados como predominantes en los sujetos con obesidad, mientras que, los filos como *Fusobacteria*, *Verrucomicrobia*, entre otros, no fueron reportados como predominantes en ningún grupo (13, 24, 30, 45, 68, 87-89).

Se considera que *Bacteroidetes* es la MI de sujetos con normopesos, mientras que, *Firmicutes* es la MI de sujetos con obesidad, debido a factores como hábitos alimenticios, consumo de alcohol, estilos de vida, heterogeneidad en los grupos manejados, uso de medicamentos, sexo, edad, entre otros (3, 11, 16, 18, 31, 53, 90). Como se mencionó, un factor capaz de modificar a la MI es el hábito alimenticio y probablemente los sujetos con obesidad tienen hábitos alimenticios distintas a las de sujetos con normopeso, caracterizándose por ser bajo en contenido en fibra y elevado contenido graso, ya que en un estudio se ha observado que, la MI provenientes de sujetos con obesidad no pudieron colonizar a los ratones con una dieta elevada en contenido de fibras y bajo en grasas ($p > 0.05$) (92).

Además, Ley, et al. y Arroyo, et al. (91, 93) mencionan que, *Firmicutes* es un filo con capacidad de extraer más energía a partir de los alimentos mediante la fermentación de los carbohidratos que otros filos, por lo que, su abundancia se asocia con mayor almacenamiento de calorías en el tejido graso corporal y su aumento. Simultáneamente, comparando la MI de doce sujetos obesos con la de dos sujetos con normopeso, se observó mayor cantidad de *Firmicutes* ($p < 0.001$) y menor cantidad de *Bacteroidetes* ($p = 0.002$) (91). Lo previamente mencionado, es comparable con los hallazgos de la presente investigación.

De acuerdo con la revisión realizada por Manor et al. (40), una elevada IMC tuvo correlación positiva con el aumento cuantitativo de los géneros *Bacteroides* (*Bacteroidetes*), *Sutterella* (*Proteobacteria*), *Ruminococcus* (*Firmicutes*), *Megasphaera* (*Firmicutes*) y *Acidaminococcus* (*Firmicutes*). De manera similar, con el fin de observar las correlaciones entre los grupos de IMC y la MI de los estudios incluidos en la investigación, se realizó el cuadro 6, en cual se resumieron las conclusiones mencionadas por los autores, en donde, refirieron la correlación positiva o no entre el estado de obesidad con *determinados filos o géneros*. No se incluyó en el cuadro mencionado a los estudios que no mencionan los hallazgos sobre correlaciones entre la MI e IMC.

Cuadro 6. Conclusiones de los distintos autores de artículos incluidos.

Autor, año de publicación y ubicación de la población estudiada	Conclusión
Estudios en los cuales afirman correlación con <i>Bacteroidetes</i>.	
Campisciano, et al (2018). Italia.	<i>Bacteroides</i> (<i>Bacteroidetes</i>) tiene correlación positiva, y <i>Prevotella</i> (<i>Bacteroidetes</i>) tiene correlación negativa con la obesidad.
Olivares, et al (2021). Brasil.	Bacteroidetes tiene correlación positiva con la obesidad por expresar lipopolisacáridos, traduciendo en inflamación sistémica de bajo grado y endotoxemia. <i>Bifidobacterium</i> (<i>Actinobacteria</i>) y <i>Prevotella</i> (<i>Bacteroidetes</i>) poseen correlación positiva con el estado normopeso metabólicamente sano en comparación con aquellos sujetos con normopesos metabólicamente no sanos, como con obesidad.
Estudios en los cuales afirman correlación con <i>Firmicutes</i>	
Koliada, et al (2017). Ucrania.	<i>Firmicutes</i> tiene correlación positiva con la obesidad, mientras que <i>Bacteroidetes</i> tiene correlación negativa con la obesidad.
Zhang, et al (2019). China.	En los sujetos con normopeso sometidos a la dietética de almidón resistente se observó una correlación negativa en 15 géneros bacterianos: <i>Anaerostipes</i> (<i>Firmicutes</i>), <i>Bacteroides</i> (<i>Bacteroidetes</i>), <i>Blautia</i> (<i>Firmicutes</i>), <i>Holdemanella</i> (<i>Firmicutes</i>), <i>Coprococcus</i> 1 y 3 (<i>Firmicutes</i>), <i>Lachnoclostridium</i> (<i>Firmicutes</i>), <i>Lachnospiraceae</i> (<i>Firmicutes</i>), <i>Erysipelotrichaceae</i> (<i>Firmicutes</i>), <i>Paraprevotella</i> (<i>Bacteroidetes</i>), <i>Phascolarctobacterium</i> (<i>Firmicutes</i>), <i>Ruminoclostridium</i> (<i>Firmicutes</i>), <i>Ruminococcaceae</i> (<i>Firmicutes</i>) y grupo de <i>Eubacterium eligens</i> (<i>Firmicutes</i>).
Venegas, et al (2017). Estados Unidos.	<i>Firmicutes</i> tiene correlación positiva con sujetos con sobrepeso.
Angelkais, et al (2018). Multiregional.	Los sujetos con obesidad provenientes de Arabia Saudita, Francia y Polinesia tienen correlación positiva con <i>Firmicutes</i> .
Angelkais, et al (2018). Multiregional.	Los sujetos con obesidad provenientes de Amazonia y Brasil tienen correlación positiva con <i>Firmicutes</i> . La diferencia con los grupos de sujetos con obesidad provenientes de otros países

	podría deberse a las diferencias en sus dietas, sin embargo, este punto no fue examinada en el estudio.
Autor, año de publicación y ubicación de la población estudiada	Conclusión
Chávez-Carbajal, et al (2019). México.	La predominancia de <i>Firmicutes</i> y <i>Proteobacteria</i> tienen correlación positiva con sujetos con obesidad, mientras que, la predominancia por <i>Bacteroidetes</i> tiene correlación positiva con sujetos con normopeso.
Ahmad, et al (2019). Pakistán.	<i>Firmicutes</i> tiene correlación positiva con sujetos con obesidad, mientras que, <i>Proteobacteria</i> y <i>Bacteroidetes</i> tienen correlación negativa.
Zhang, et al (2019). China.	<i>Firmicutes</i> tiene correlación positiva en sujetos sanos con normopeso y correlación negativa con sujetos con normopeso quienes padecen cáncer hepático.
Salah, et al (2019). Egipto.	<i>Firmicutes</i> tiene correlación positiva con el incremento de IMC, mientras que, <i>Bacteroidetes</i> tiene correlación negativa. Se cree que ocurre lo previo, debido a que la ingesta de carbohidratos se correlaciona con incremento de <i>Firmicutes</i> y <i>Bacteroidetes</i> , mientras que, la ingesta de grasas con el incremento de <i>Firmicutes</i> solamente.
Marvasti, et al (2020). Irán.	La obesidad tiene correlación positiva con <i>Firmicutes</i> y correlación negativa con <i>Bifidobacterium (Actinobacteria)</i> y <i>Akkermansia muciniphilla (Verrucomicrobbia)</i> . También se observó mayor cantidad de <i>Faecalibacterium prausnitzii (Firmicutes)</i> en sujetos con obesidad que en sujetos con normopeso.
Kahleova, et al (2020). Estados Unidos.	Tanto en grupo control de sujetos con obesidad y grupo experimental de sujetos con obesidad para la dieta vegana predominó <i>Firmicutes</i> , seguido de <i>Bacteroidetes</i> . En grupo experimental este orden de predominancia no cambió, pero, hubo correlación positiva de <i>Faecalibacterium prausnitzii (Firmicutes)</i> y correlación negativa con <i>Bacteroides fragilis (Bacteroidetes)</i> .
Liang et al (2020). China.	<i>Firmicutes</i> tiene correlación positiva con obesidad, diabetes, cirrosis hepática y otras enfermedades, mientras que, <i>Bacteroidetes</i> tiene correlación negativa con lo mencionado.
Wang, et al. (2021). China.	Tanto en sujetos sanos con sobrepeso, como en sujetos con sobrepeso y osteoartritis tienen correlación positiva con <i>Firmicutes</i> .

	Comparando a nivel de géneros, en grupo de sujetos sanos con sobrepeso abundaron <i>Bacteroides</i> (<i>Bacteroidetes</i>), <i>Prevotella</i> (<i>Bacteroidetes</i>), <i>Clostridium</i> (<i>Firmicutes</i>), <i>Parabacteroides</i> (<i>Bacteroidetes</i>) y <i>Alistipes</i> (<i>Bacteroidetes</i>), mientras que, en grupo de sujetos con sobrepeso y osteoartritis abundaron <i>Akkermansia</i> (<i>Verrucomicrobia</i>), <i>Lactobacillus</i> (<i>Firmicutes</i>), <i>Klebsiella</i> (<i>Proteobacteria</i>) y <i>Gemmiger</i> (<i>Firmicutes</i>).
Autor, año de publicación y ubicación de la población estudiada	Conclusión
Palmisano, et al (2019). Italia.	<i>Firmicutes</i> y <i>Proteobacteria</i> tienen correlación positiva con la obesidad, <i>Verrucomicrobia</i> tiene correlación negativa con la obesidad.
Scheithauer et al (2022). Alemania.	Los sujetos con obesidad tienen correlación positiva con <i>Firmicutes</i> y correlación negativa con <i>Actinobacteria</i> .
Estudios en cuales, afirman correlación positiva con <i>Actinobacteria</i>	
Chen, et al (2021). China.	La obesidad tiene correlación positiva con <i>Actinobacteria</i> y correlación negativa con <i>Bacteroidetes</i> , con relación al estado de normopeso corporal; <i>Bacteroides</i> (<i>Bacteroidetes</i>), <i>Shigella</i> (<i>Proteobacteria</i>) y <i>Streptococcus</i> (<i>Firmicutes</i>) tienen correlación positiva con el IMC, mientras que, <i>Akkermansia</i> (<i>Verrucomicrobia</i>) y <i>Ruminococcaceae</i> (<i>Firmicutes</i>) tienen correlación negativa con el IMC.
Wang, et al (2018). China.	<i>Actinobacteria</i> tiene correlación negativa con sujetos con obesidad; <i>Bifidobacteria</i> que pertenece a este filo es productor de ácido butírico que, posee función anti endotoxemia y su falta implica un impacto negativo para la salud de los sujetos con obesidad.
Estudios en cuales, afirman correlación a nivel de géneros o especies solamente, y no en filos.	
Gruneck, et al (2020). Tailandia.	<i>Faecalibacterium</i> (<i>Firmicutes</i>) tiene correlación positiva con sujetos con sobrepeso y obesidad ($p=0.044$), <i>Prevotella</i> (<i>Bacteroidetes</i>) tienen correlación positiva en sujetos con normopeso y con sobrepeso ($p=0.034$); y a nivel de especies: <i>Faecalibacterium prausnitzii</i> (<i>Firmicutes</i>) tienen correlación positiva en sujetos con sobrepeso y con obesidad ($p=0.044$) y <i>Bacteroides coprophilus</i> (<i>Bacteroidetes</i>) tiene correlación positiva en sujetos con sobrepeso y con obesidad ($p=0.026$).

Entre los estudios incluidos en esta investigación, no se encontró ninguno de baja calidad de acuerdo al Instrumento para la lectura crítica y la evaluación de estudios epidemiológicos transversales; a pesar de que, este no era un criterio de selección, debido a que, se consideraron las metodologías de los estudios sobre la obtención de datos para la MI, enfatizando que fuese mediante los manejos de la muestra fecal y que la identificación de la MI se haya hecho mediante la identificación de las regiones hipervariables V1 a V5 de la ARNr 16S.

Aunque se pudo conocer los filos predominantes para cada grupo de IMC en esta investigación, esto no permitió aclarar con mayor profundidad las diferencias que existen entre la MI de dichos grupos, considerando que, los filos predominantes en orden descendiente fueron iguales entre los grupos con obesidad y normopeso, por lo cual, se considera necesario realizar mayores investigaciones sobre el tema, abarcando al nivel de géneros, ya que los filos predominantes podrían permanecer iguales entre los grupos, pero llegan a haber cambios significativos a nivel de los géneros; como ejemplo, Gomes et al. (24) en su revisión sobre la MI y obesidad mencionaron que, los filos *Firmicutes* y *Verrucomicrobia* tienen una correlación positiva con el aumento de la masa grasa corporal, observándose cambios en los géneros *Clostridium*, *Lactobacillus* y *Staphylococcus*.

9. Conclusión

Se concluye que: 1) de manera global, predominaron en orden descendiente el filo *Firmicutes* seguido de *Bacteroidetes*, *Actinobacteria* y *Proteobacteria*; 2) Tanto en los grupos de sujetos con normopeso y obesidad predominaron en orden descendiente los filos: *Firmicutes*, *Bacteroidetes*, *Actinobacteria* y *Proteobacteria*; en grupo de sujetos con sobrepeso predominaron en orden descendiente: *Firmicutes*, *Bacteroidetes*, *Proteobacteria* y *Actinobacteria*; 3) no se pudo describir

Yamamoto, Z. A.;2022. Filos de la microbiota intestinal: Firmicutes, Bacteroidetes, Actinobacteria y Proteobacteria entre sujetos con obesidad, sobrepeso y normopeso: revisión sistemática.

los filos predominantes de la MI por grupos de sexo debido a la falta de información en los artículos revisado; 4) Se requiere llevar a cabo la investigación sobre la MI benéfica o no para la salud con relación a sujetos con normopeso, con sobrepeso y con obesidad, a nivel de género para poder conocer mejor sobre el tema.

Capítulo 3

10. Sesgos y limitaciones

La presente investigación por tratarse de revisión sistemática, no se obtuvieron valores estadísticos de los resultados.

11. Fortalezas

Por ser una revisión sistemática, a partir de los artículos se pudieron obtener $n = 1164$ participantes, cantidad que, habría sido complicado de obtener al considerar los costos económicos y tiempo requerido; también, los participantes son provenientes de distintos países, por lo cual, permite estudiar a la MI con un enfoque global, sin limitarse a alguna región. También se manejó al software Rayyan QCRI para la revisión por par y filtrado de los artículos previo al cribado, evitando el sesgo de pérdida de artículo a tomar en cuenta. También se manejó al software Mendeley Desktop para la eliminación de artículos duplicados de forma automatizada, eliminando sesgo por artículo duplicado.

12. Perspectivas

Se observó en la presente investigación que, estudiar a la MI a nivel de filos no es el método adecuado para poder conocer a la MI benéfica o no para la salud, ni de diferenciar a la MI entre sujetos con normopeso, con sobrepeso y con obesidad, por carecer de especificidad en los hallazgos; por tanto, se considera necesario a

Yamamoto, Z. A.;2022. Filos de la microbiota intestinal: Firmicutes, Bacteroidetes, Actinobacteria y Proteobacteria entre sujetos con obesidad, sobrepeso y normopeso: revisión sistemática.

futuro realizar una investigación de metaanálisis sobre el tema a nivel de géneros o familias.

13. Aportaciones para la población mexicana

Por tratarse de una revisión sistemática que incluyó a artículos de distintos países, entre los cuales, se encuentra México, se considera que los resultados se pueden externalizar a la población de Puebla. Teniendo como base al filo de la MI predominante a *Firmicutes*, seguido de *Bacteroidetes*, sería de interés científico conocer a mayor profundidad sobre los filos *Firmicutes* y *Bacteroidetes* en esta población para comparar la composición de estas entre sujetos con normopeso, con sobrepeso y con obesidad.

14. Bibliografía

1. Abenavoli L, Scarpellini E, Colica C, Boccuto L, Salehi B, Sharifi-Rad J, et al. Gut Microbiota and Obesity: A Role for Probiotics. *Nutrients*. el 7 de noviembre de 2019;11(11):2690.
2. Adeva-Andany MM, González-Lucán M, Donapetry-García C, Fernández-Fernández C, Ameneiros-Rodríguez E. Glycogen metabolism in humans. *BBA Clin*. el 27 de febrero de 2016;5:85–100.
3. Álvarez-Calatayud G, Guarner F, Requena T, Marcos A. [Diet and microbiota. Impact on health]. *Nutr Hosp*. el 7 de septiembre de 2018;35(Spec No6):11–5.
4. Anzures M. *Infectologia Kumate True Libro*. [citado el 10 de agosto de 2021]; Disponible en: https://www.academia.edu/20138745/Infectologia_Kumate_True_Libro
5. Armougom F, Henry M, Vialettes B, Raccach D, Raoult D. Monitoring Bacterial Community of Human Gut Microbiota Reveals an Increase in *Lactobacillus* in Obese Patients and Methanogens in Anorexic Patients. *PLoS One*. el 23 de septiembre de 2009;4(9):e7125.
6. Aron-Wisnewsky J, Clément K, Nieuwdorp M. Fecal Microbiota Transplantation: a Future Therapeutic Option for Obesity/Diabetes? *Curr Diab Rep*. el 27 de junio de 2019;19(8):51.
7. Berra S, Elorza-Ricart JM, Estrada MD, Sánchez E. [A tool (corrected) for the critical appraisal of epidemiological cross-sectional studies]. *Gac Sanit*. octubre de 2008;22(5):492–7.
8. Borgo F, Garbossa S, Riva A, Severgnini M, Luigiano C, Benetti A, et al. Body Mass Index and Sex Affect Diverse Microbial Niches within the Gut. *Front Microbiol*. 2018;9:213.

Yamamoto, Z. A.;2022. Filos de la microbiota intestinal: Firmicutes, Bacteroidetes, Actinobacteria y Proteobacteria entre sujetos con obesidad, sobrepeso y normopeso: revisión sistemática.

9. Castaner O, Goday A, Park YM, Lee SH, Magkos F, Shioh SATE, et al. The Gut Microbiome Profile in Obesity: A Systematic Review. *Int J Endocrinol.* 2018;2018:4095789.
10. CDC. Defining Adult Overweight and Obesity [Internet]. Centers for Disease Control and Prevention. 2021 [citado el 23 de abril de 2022]. Disponible en: <https://www.cdc.gov/obesity/basics/adult-defining.html>
11. Chen J, He X, Huang J. Diet effects in gut microbiome and obesity. *J Food Sci.* abril de 2014;79(4):R442-451.
12. Cresci GA, Bawden E. Gut Microbiome: What We Do and Don't Know. *Nutr Clin Pract.* diciembre de 2015;30(6):734–46.
13. Crovesy L, Masterson D, Rosado EL. Profile of the gut microbiota of adults with obesity: a systematic review. *Eur J Clin Nutr.* septiembre de 2020;74(9):1251–62.
14. Debédat J, Clément K, Aron-Wisnewsky J. Gut Microbiota Dysbiosis in Human Obesity: Impact of Bariatric Surgery. *Curr Obes Rep.* septiembre de 2019;8(3):229–42.
15. de Clercq NC, Groen AK, Romijn JA, Nieuwdorp M. Gut Microbiota in Obesity and Undernutrition. *Adv Nutr.* noviembre de 2016;7(6):1080–9.
16. Dominianni C, Sinha R, Goedert JJ, Pei Z, Yang L, Hayes RB, et al. Sex, body mass index, and dietary fiber intake influence the human gut microbiome. *PLoS One.* 2015;10(4):e0124599.
17. Duncan SH, Lobley GE, Holtrop G, Ince J, Johnstone AM, Louis P, et al. Human colonic microbiota associated with diet, obesity and weight loss. *Int J Obes (Lond).* noviembre de 2008;32(11):1720–4.
18. Engen PA, Green SJ, Voigt RM, Forsyth CB, Keshavarzian A. The Gastrointestinal Microbiome: Alcohol Effects on the Composition of Intestinal Microbiota. *Alcohol Res.* 2015;37(2):223–36.
19. Etxeberria U, Milagro FI, González-Navarro CJ, Martínez JA. Role of gut microbiota in obesity. 2016:26.

20. Fu BC, Randolph TW, Lim U, Monroe KR, Cheng I, Wilkens LR, et al. Characterization of the gut microbiome in epidemiologic studies: the multiethnic cohort experience. *Ann Epidemiol.* mayo de 2016;26(5):373–9.
21. Galazzo G, van Best N, Benedikter BJ, Janssen K, Bervoets L, Driessen C, et al. How to Count Our Microbes? The Effect of Different Quantitative Microbiome Profiling Approaches. *Front Cell Infect Microbiol.* 2020;10:403.
23. Gažarová M, Galšneiderová M, Mečiarová L. Obesity diagnosis and mortality risk based on a body shape index (ABSI) and other indices and anthropometric parameters in university students. *Rocz Panstw Zakl Hig.* 2019;70(3):267–75.
24. Gomes AC, Hoffmann C, Mota JF. The human gut microbiota: Metabolism and perspective in obesity. *Gut Microbes.* el 4 de julio de 2018;9(4):308–25.
25. González-Gallegos N, González-Torres YS, Padilla-Durán LF. Microbiota intestinal, sobrepeso y obesidad. *RESPYN Revista Salud Pública y Nutrición.* el 11 de octubre de 2017;16(3):23–8.
26. Gowd V, Xie L, Zheng X, Chen W. Dietary fibers as emerging nutritional factors against diabetes: focus on the involvement of gut microbiota. *Crit Rev Biotechnol.* junio de 2019;39(4):524–40.
27. Gutiérrez-Repiso C, Moreno-Indias I, Martín-Núñez GM, Ho-Plágaro A, Rodríguez-Cañete A, Gonzalo M, et al. Mucosa-associated microbiota in the jejunum of patients with morbid obesity: alterations in states of insulin resistance and metformin treatment. *Surg Obes Relat Dis.* octubre de 2020;16(10):1575–85.
28. Kalliomäki M, Collado MC, Salminen S, Isolauri E. Early differences in fecal microbiota composition in children may predict overweight. *Am J Clin Nutr.* marzo de 2008;87(3):534–8.
29. Kataoka K. The intestinal microbiota and its role in human health and disease. *J Med Invest.* 2016;63(1–2):27–37.

30. Kasai C, Sugimoto K, Moritani I, Tanaka J, Oya Y, Inoue H, et al. Comparison of the gut microbiota composition between obese and non-obese individuals in a Japanese population, as analyzed by terminal restriction fragment length polymorphism and next-generation sequencing. *BMC Gastroenterol.* el 11 de agosto de 2015;15:100.
31. Kim YS, Unno T, Kim BY, Park MS. Sex Differences in Gut Microbiota. *World J Mens Health.* enero de 2020;38(1):48–60.
32. La Obesidad en México [Internet]. Instituto Nacional de Salud Pública. [citado el 23 de abril de 2022]. Disponible en: <https://www.insp.mx/avisos/4884-la-obesidad-mexico.html>
33. Laudadio I, Fulci V, Palone F, Stronati L, Cucchiara S, Carissimi C. Quantitative Assessment of Shotgun Metagenomics and 16S rDNA Amplicon Sequencing in the Study of Human Gut Microbiome. *OMICS.* abril de 2018;22(4):248–54.
34. Lim MY, Song EJ, Kim SH, Lee J, Nam YD. Comparison of DNA extraction methods for human gut microbial community profiling. *Syst Appl Microbiol.* marzo de 2018;41(2):151–7.
35. Liu H, Hu C, Zhang X, Jia W. Role of gut microbiota, bile acids and their cross-talk in the effects of bariatric surgery on obesity and type 2 diabetes. *J Diabetes Investig.* enero de 2018;9(1):13–20.
36. Lopez-Jimenez F, Miranda WR. Diagnosing Obesity: Beyond BMI. *AMA Journal of Ethics.* el 1 de abril de 2010;12(4):292–8.
37. López-Olmedo N, Popkin BM, Taillie LS. Association between socioeconomic status and diet quality in Mexican men and women: A cross-sectional study. *PLoS One.* 2019;14(10):e0224385.
38. Mai V, McCrary QM, Sinha R, Gleib M. Associations between dietary habits and body mass index with gut microbiota composition and fecal water genotoxicity: an observational study in African American and Caucasian American volunteers. *Nutr J.* el 21 de octubre de 2009;8:49.

39. Malone JI, Hansen BC. Does obesity cause type 2 diabetes mellitus (T2DM)? Or is it the opposite? *Pediatr Diabetes*. febrero de 2019;20(1):5–9.
40. Manor O, Dai CL, Kornilov SA, Smith B, Price ND, Lovejoy JC, et al. Health and disease markers correlate with gut microbiome composition across thousands of people. *Nat Commun*. el 15 de octubre de 2020;11(1):5206.
41. Mariat D, Firmesse O, Levenez F, Guimarães V, Sokol H, Doré J, et al. The Firmicutes/Bacteroidetes ratio of the human microbiota changes with age. *BMC Microbiol*. el 9 de junio de 2009;9:123.
42. Mas-Lloret J, Obón-Santacana M, Ibáñez-Sanz G, Guinó E, Pato ML, Rodríguez-Moranta F, et al. Gut microbiome diversity detected by high-coverage 16S and shotgun sequencing of paired stool and colon sample. *Sci Data*. el 16 de marzo de 2020;7(1):92.
43. Matthew J. Page, Joanne E. McKenzie, Patrick M. Bossuyt, Isabelle Boutron, Tammy C. Hoffmann, Cynthia D. Mulrow, Larissa Shamseer, Jennifer M. Tetzlaff, Elie A. Akl, Sue E. Brennan, Roger Chou, Julie Glanville, Jeremy M. Grimshaw, Asbjørn Hróbjartsson, Manoj M. Lalu, Tianjing Li, Elizabeth W. Loder, Evan Mayo-Wilson, Steve McDonald, Luke A. McGuinness, Lesley A. Stewart, James Thomas, Andrea C. Tricco, Vivian A. Welch, Penny Whiting, David Moher, Juan José Yepes-Nuñez, Gerard Urrútia, Marta Romero-García, Sergio Alonso-Fernández. Declaración PRISMA 2020: una guía actualizada para la publicación de revisiones sistemáticas. *Revista Española de Cardiología*. 2021; 74(9)
44. Million M, Maraninchi M, Henry M, Armougom F, Richet H, Carrieri P, et al. Obesity-associated gut microbiota is enriched in *Lactobacillus reuteri* and depleted in *Bifidobacterium animalis* and *Methanobrevibacter smithii*. *Int J Obes (Lond)*. junio de 2012;36(6):817–25.
45. Mitev K, Taleski V. Association between the Gut Microbiota and Obesity. *Open Access Maced J Med Sci*. el 30 de junio de 2019;7(12):2050–6.

Yamamoto, Z. A.;2022. Filos de la microbiota intestinal: Firmicutes, Bacteroidetes, Actinobacteria y Proteobacteria entre sujetos con obesidad, sobrepeso y normopeso: revisión sistemática.

46. Mohajeri MH, Brummer RJM, Rastall RA, Weersma RK, Harmsen HJM, Faas M, et al. The role of the microbiome for human health: from basic science to clinical applications. *Eur J Nutr.* mayo de 2018;57(Suppl 1):1–14.
47. Murata C, Gutiérrez-Castrellón P, Pérez-Villatoro F, García-Torres I, Enríquez-Flores S, de la Mora-de la Mora I, et al. Delivery mode-associated gut microbiota in the first 3 months of life in a country with high obesity rates: A descriptive study. *Medicine (Baltimore).* el 2 de octubre de 2020;99(40):e22442.
48. Neri-Sánchez M, Martínez-Carrillo BE, Valdés-Ramos R, Soto-Piña AE, Vargas-Hernández JA, Benítez-Arciniega AD. Dietary patterns, central obesity and serum lipids concentration in Mexican adults. *Nutr Hosp.* el 7 de marzo de 2019;36(1):109–17.
49. Obesity | Definition, Causes, Health Effects, & Facts | Britannica [Internet]. [citado el 23 de abril de 2022]. Disponible en: <https://www.britannica.com/science/obesity>
50. Odamaki T, Kato K, Sugahara H, Hashikura N, Takahashi S, Xiao JZ, et al. Age-related changes in gut microbiota composition from newborn to centenarian: a cross-sectional study. *BMC Microbiol.* el 25 de mayo de 2016;16:90.
51. Ouzzani M, Hammady H, Fedorowicz Z, Elmagarmid A. Rayyan-a web and mobile app for systematic reviews. *Syst Rev.* el 5 de diciembre de 2016;5(1):210.
52. Página principal | EBSCO [Internet]. EBSCO Information Services, Inc. | www.ebsco.com/es. [citado el 10 de junio de 2022]. Disponible en: <https://www.ebsco.com/es/node/42471>
53. Patterson E, Ryan PM, Cryan JF, Dinan TG, Ross RP, Fitzgerald GF, et al. Gut microbiota, obesity and diabetes. *Postgraduate Medical Journal.* el 1 de mayo de 2016;92(1087):286–300Pereira CAP. Microbiota intestinal humana y dieta. *Ciencia y Tecnología.* el 30 de junio de 2019;12(1):31–42.

Yamamoto, Z. A.;2022. Filos de la microbiota intestinal: Firmicutes, Bacteroidetes, Actinobacteria y Proteobacteria entre sujetos con obesidad, sobrepeso y normopeso: revisión sistemática.

54. PENSIONISSSTE. Día del Adulto Mayor [Internet]. gob.mx. [citado el 23 de abril de 2022]. Disponible en: <http://www.gob.mx/pensionissste/articulos/dia-del-adulto-mayor-123010?idiom=es>
55. Perea-Martínez A, López-Navarrete GE, Padrón-Martínez M, Lara-Campos AG, Santamaría-Arza C, Ynga-Durand MA, et al. Evaluación, diagnóstico, tratamiento y oportunidades de prevención de la obesidad. *Acta pediátrica de México*. agosto de 2014;35(4):316–37.
56. Preveden T, Scarpellini E, Milić N, Luzzza F, Abenavoli L. Gut microbiota changes and chronic hepatitis C virus infection. *Expert Rev Gastroenterol Hepatol*. septiembre de 2017;11(9):813–9.
57. PubMed [Internet]. PubMed. [citado el 10 de junio de 2022]. Disponible en: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/>
58. Radilla-Vázquez RB, Parra-Rojas I, Martínez-Hernández NE, Márquez-Sandoval YF, Illades-Aguiar B, Castro-Alarcón N. Gut Microbiota and Metabolic Endotoxemia in Young Obese Mexican Subjects. *Obes Facts*. 2016;9(1):1–
59. Remely M, Tesar I, Hippe B, Gnauer S, Rust P, Haslberger AG. Gut microbiota composition correlates with changes in body fat content due to weight loss. *Benef Microbes*. 2015;6(4):431–9.
60. Rosenbaum M, Knight R, Leibel RL. The gut microbiota in human energy homeostasis and obesity. *Trends Endocrinol Metab*. septiembre de 2015;26(9):493–501.
61. Saad MJA, Santos A, Prada PO. Linking Gut Microbiota and Inflammation to Obesity and Insulin Resistance. *Physiology (Bethesda)*. julio de 2016;31(4):283
62. Salud S de. ¿Qué es la adolescencia? [Internet]. gob.mx. [citado el 23 de abril de 2022]. Disponible en: <http://www.gob.mx/salud/articulos/que-es-la-adolescencia>

Yamamoto, Z. A.;2022. Filos de la microbiota intestinal: Firmicutes, Bacteroidetes, Actinobacteria y Proteobacteria entre sujetos con obesidad, sobrepeso y normopeso: revisión sistemática.

63. Sarangi AN, Goel A, Aggarwal R. Methods for Studying Gut Microbiota: A Primer for Physicians. *J Clin Exp Hepatol.* febrero de 2019;9(1):62–73.
64. Savin Z, Kivity S, Yonath H, Yehuda S. Smoking and the intestinal microbiome. *Arch Microbiol.* julio de 2018;200(5):677–84.
65. Schwartz A, Taras D, Schäfer K, Beijer S, Bos NA, Donus C, et al. Microbiota and SCFA in lean and overweight healthy subjects. *Obesity (Silver Spring).* enero de 2010;18(1):190–5.
66. Scopus preview - Scopus - Welcome to Scopus [Internet]. [citado el 10 de junio de 2022]. Disponible en: <https://www.scopus.com/home.uri>
67. Shahi SK, Zarei K, Guseva NV, Mangalam AK. Microbiota Analysis Using Two-step PCR and Next-generation 16S rRNA Gene Sequencing. *J Vis Exp.* el 15 de octubre de 2019;(152).
68. Stefura T, Zapała B, Gosiewski T, Skomarowska O, Dudek A, Pędziwiatr M, et al. Differences in Compositions of Oral and Fecal Microbiota between Patients with Obesity and Controls. *Medicina (Kaunas).* el 30 de junio de 2021;57(7):678.
69. Suárez-Carmona W, Sánchez-Oliver AJ, González-Jurado JA, Suárez-Carmona W, Sánchez-Oliver AJ, González-Jurado JA. Pathophysiology of obesity: Current view. *Revista chilena de nutrición.* 2017;44(3):226–33.
70. Sun M, Wu W, Liu Z, Cong Y. Microbiota metabolite short chain fatty acids, GPCR, and inflammatory bowel diseases. *J Gastroenterol.* enero de 2017;52(1):1–8.
71. Takahashi MK, Tan X, Dy AJ, Braff D, Akana RT, Furuta Y, et al. A low-cost paper-based synthetic biology platform for analyzing gut microbiota and host biomarkers. *Nat Commun.* el 21 de agosto de 2018;9(1):3347.
72. Tilg H, Adolph TE, Gerner RR, Moschen AR. The Intestinal Microbiota in Colorectal Cancer. *Cancer Cell.* el 11 de junio de 2018;33(6):954–64.
73. Timothy Garvey W. Clinical Definition of Overweight and Obesity. *Bariatric Endocrinology.* 2019;121–43.

Yamamoto, Z. A.;2022. Filos de la microbiota intestinal: Firmicutes, Bacteroidetes, Actinobacteria y Proteobacteria entre sujetos con obesidad, sobrepeso y normopeso: revisión sistemática.

74. Valerino-Perea S, Lara-Castor L, Armstrong MEG, Papadaki A. Definition of the Traditional Mexican Diet and Its Role in Health: A Systematic Review. *Nutrients*. el 17 de noviembre de 2019;11(11): E2803.
75. Web of Science: Citing Web of Science data [Internet]. [citado el 10 de junio de 2022]. Disponible en: https://support.clarivate.com/ScientificandAcademicResearch/s/article/Web-of-Science-Citing-Web-of-Science-data?language=en_US
76. Yang B, Wang Y, Qian PY. Sensitivity and correlation of hypervariable regions in 16S rRNA genes in phylogenetic analysis. *BMC Bioinformatics*. el 22 de marzo de 2016;17:135.
77. Nardelli C, Granata I, D'Argenio V, Tramontano S, Compare D, Guarracino MR, et al. Characterization of the Duodenal Mucosal Microbiome in Obese Adult Subjects by 16S rRNA Sequencing. *Microorganisms*. el 29 de marzo de 2020;8(4):485.
78. Granata I, Nardelli C, D'Argenio V, Tramontano S, Compare D, Guarracino MR, et al. Duodenal Metatranscriptomics to Define Human and Microbial Functional Alterations Associated with Severe Obesity: A Pilot Study. *Microorganisms*. el 17 de noviembre de 2020;8(11):1811.
79. Fan HN, Zhu P, Zhang J, Zhu JS. Mucosal microbiome dysbiosis associated with duodenum bulb inflammation. *Microb Pathog*. enero de 2021;150:104711.
80. Wang FG, Bai RX, Yan WM, Yan M, Dong LY, Song MM. Differential composition of gut microbiota among healthy volunteers, morbidly obese patients and post-bariatric surgery patients. *Exp Ther Med*. marzo de 2019;17(3):2268–78.
81. Edwards SM, Cunningham SA, Dunlop AL, Corwin EJ. The Maternal Gut Microbiome during Pregnancy. *MCN Am J Matern Child Nurs*. 2017;42(6):310–7.
82. Koliada A, Syzenko G, Moseiko V, Budovska L, Puchkov K, Perederiy V, et al. Association between body mass index and Firmicutes/Bacteroidetes ratio in

- an adult Ukrainian population. *BMC Microbiol.* el 22 de mayo de 2017;17:120.
83. Palmisano S, Campisciano G, Silvestri M, Guerra M, Giuricin M, Casagrande B, et al. Changes in Gut Microbiota Composition after Bariatric Surgery: a New Balance to Decode. *J Gastrointest Surg.* el 1 de agosto de 2020;24(8):1736–46.
84. Zhang L, Ouyang Y, Li H, Shen L, Ni Y, Fang Q, et al. Metabolic phenotypes and the gut microbiota in response to dietary resistant starch type 2 in normal-weight subjects: a randomized crossover trial. *Sci Rep.* el 20 de marzo de 2019;9:4736.
85. Campisciano G, Palmisano S, Cason C, Giuricin M, Silvestri M, Guerra M, et al. Gut microbiota characterisation in obese patients before and after bariatric surgery. *Beneficial Microbes.* el 25 de abril de 2018;9(3):367–73.
86. Grunec L, Kullawong N, Kespechara K, Popluechai S. Gut microbiota of obese and diabetic Thai subjects and interplay with dietary habits and blood profiles. *PeerJ.* el 3 de agosto de 2020;8:e9622.
- 1.
87. Chávez-Carbajal A, Nirmalkar K, Pérez-Lizaur A, Hernández-Quiroz F, Ramírez-del-Alto S, García-Mena J, et al. Gut Microbiota and Predicted Metabolic Pathways in a Sample of Mexican Women Affected by Obesity and Obesity Plus Metabolic Syndrome. *Int J Mol Sci.* el 21 de enero de 2019;20(2):438.
- 1.
88. Gao R, Zhu C, Li H, Yin M, Pan C, Huang L, et al. Dysbiosis Signatures of Gut Microbiota Along the Sequence from Healthy, Young Patients to Those with Overweight and Obesity. *Obesity.* 2018;26(2):351–61.
89. Ahmad A, Yang W, Chen G, Shafiq M, Javed S, Ali Zaidi SS, et al. Analysis of gut microbiota of obese individuals with type 2 diabetes and healthy individuals. *PLoS One.* el 31 de diciembre de 2019;14(12):e0226372.

90. Olivares P dos SG, Pacheco ABF, Aranha LN, Oliveira B da S, Santos AA, Santos PCM dos, et al. Gut microbiota of adults with different metabolic phenotypes. *Nutrition*. el 1 de octubre de 2021;90:111293.
91. Ley RE, Turnbaugh PJ, Klein S, Gordon JI. Microbial ecology: human gut microbes associated with obesity. *Nature*. el 21 de diciembre de 2006;444(7122):1022–3.
92. Ridaura VK, Faith JJ, Rey FE, Cheng J, Duncan AE, Kau AL, et al. Cultured gut microbiota from twins discordant for obesity modulate adiposity and metabolic phenotypes in mice. *Science*. el 6 de septiembre de 2013;341(6150):10.1126/science.1241214.
93. Cruz Arroyo SM, Melendez Avalos A, Reyes Castillo PA, Chavaro Pérez DA, Azaola Espinosa A, Mayorga Reyes L. Impacto de la obesidad en la población y su relación con la microbiota intestinal. *Revista mexicana de ciencias farmacéuticas*. junio de 2014;45(2):09–18.94. Burton RF. Waist circumference as an indicator of adiposity and the relevance of body height. *Med Hypotheses*. julio de 2010;75(1):115–9.
95. Seidell JC, Pérusse L, Després JP, Bouchard C. Waist and hip circumferences have independent and opposite effects on cardiovascular disease risk factors: the Quebec Family Study. *Am J Clin Nutr*. septiembre de 2001;74(3):315–21.
96. Batsis JA, Mackenzie TA, Bartels SJ, Sahakyan KR, Somers VK, Lopez-Jimenez F. Diagnostic accuracy of body mass index to identify obesity in older adults: NHANES 1999-2004. *Int J Obes (Lond)*. mayo de 2016;40(5):761–7.
97. Laforest-Lapointe I, Arrieta MC. Microbial Eukaryotes: a Missing Link in Gut Microbiome Studies. *mSystems*. el 13 de marzo de 2018;3(2):e00201-17.

Yamamoto, Z. A.;2022. Filos de la microbiota intestinal: Firmicutes, Bacteroidetes, Actinobacteria y Proteobacteria entre sujetos con obesidad, sobrepeso y normopeso: revisión sistemática.

98. Chávez-Carbajal A, Nirmalkar K, Pérez-Lizaur A, Hernández-Quiroz F, Ramírez-Del-Alto S, García-Mena J, et al. Gut Microbiota and Predicted Metabolic Pathways in a Sample of Mexican Women Affected by Obesity and Obesity Plus Metabolic Syndrome. *Int J Mol Sci.* el 21 de enero de 2019;20(2):E438.

15. Anexos

Anexo 1A. Tabla de variables

Cuadro de variables de estudio y escalas de medición.

Variab le.	Definición conceptual.	Definición operacional.	Instrumento de medición.	Escala de medicio n.	Unidad de medición.
Filos de la microbiota intestinal.	Conjunto de microbios que colonizan el intestino humano.	Filos de bacterias hallados en los estudios de laboratorio a partir de análisis sobre muestras fecales.	Análisis de ácido ribonucleico ribosomal 16S, entre regiones hipervariables V1 a V5.	Cualitativa, Ordinal.	<i>Firmicutes</i> , <i>Bacteroidetes</i> , <i>Actinobacteria</i> y <i>Proteobacteria</i> .
Índice de masa corporal.	Unidad de masa del cuerpo humano.	Relación entre peso corporal y estatura por individuo en el cual, se clasifica como normal, sobrepeso u obeso.	Índice de Quetelet.	Cualitativa, ordinal.	Normopeso: 18.5 a 24.9. Sobrepeso: 25 a 29.9. Obesidad: >30.

Anexo 1B.

Cuadro de variables de demográficos y escalas de medición.

Variab le.	Definición conceptual.	Definición operacional.	Instrumento de medición.	Escala de medición.	Unidad de medición.
Edad.	Tiempo transcurrido a partir del nacimiento de un ser vivo.	Rango de años de vida en los participantes de las investigaciones.	Lo reportado.	Cualitativa, ordinal.	Adultos jóvenes: 18 a 24 años. Adultos: 25 a 59 años. Adultos mayores: 60 a 70 años.
Sexo.	Condición orgánica que distingue a los machos y hembras.	Sexo biológico de los participantes en la investigación.	Lo reportado.	Cualitativa, dicotómica.	Femenino, masculino.

Anexo 2. Aspectos éticos

El protocolo de investigación y la investigación se apegaron a las normas locales nacionales e internacionales en materias de investigación y a los lineamientos del comité de investigación de la Facultad de Medicina, perteneciente a Benemérita Universidad Autónoma de Puebla.

De acuerdo con el artículo 17, lineamiento 1, se determina que la presente investigación será un estudio sin riesgo por ser observacional, retrospectivo, sin generar modificación alguna en las variables como fisiológicas, psicológicas o sociales de los individuos involucrados en este estudio, a la vez, no hubo interacción con los involucrados en el estudio y se mantuvo el anonimato.

Anexo 3. Instrumento para la lectura crítica y la evaluación de estudios epidemiológicos transversales (Berra et al., 2008).

Este instrumento permite evaluar la calidad de los estudios epidemiológicos de tipo transversal, concluyendo con la valoración global de los estudios como “alto”, “medio” y “bajo”; se determina como “alto” si la mayoría de los enunciados corresponden a “muy bien” o “bien”; se determina como “medio” si la validez interna del artículo es calificada como “regular”, o entre “regular” y “bien”; se determina como “bajo” si la validez interna es calificada como “mal” o la mayoría de los enunciados corresponden a “normal”.

	El aspecto se logra:				No informa	No aplica
	Muy bien	Bien	Regular	Mal		
a. Pregunta u objetivo de investigación						
1. En la formulación de la pregunta o del objetivo se menciona adecuadamente la población de estudio, las variables principales (independientes y dependientes) y el tipo de relación/comparación entre ellas.						
En resumen, el estudio se basa en una pregunta de investigación claramente definida.						
b. Participantes						
2. Se indican los criterios de inclusión y de exclusión de participantes, así como las fuentes y los métodos de selección.						

<p>3. Los criterios de elección son adecuados para dar respuesta a la pregunta o el objetivo del estudio.</p>						
<p>4. La población de estudio, definida por los criterios de selección, contiene un espectro adecuado de la población de interés: Considerar en qué medida la población de estudio es representativa de toda la población de interés (población general, de escolares, etc.). Observar si grupos específicos dentro de esa población de estudio (por. ejemplo, por nivel de instrucción o de formación, por ocupación, por país de procedencia, etc.) están proporcionalmente representados. Si el estudio se realiza en usuarios para luego inferir los resultados a una población mayor, este punto no está bien cubierto.</p>						
<p>5. Se hizo una estimación del tamaño, el nivel de confianza o la potencia estadística de la muestra para la estimación de las medidas de frecuencia o de asociación que pretendía obtener el estudio.</p>						
<p>6. Se informa del número de personas potencialmente elegibles, las inicialmente seleccionadas, las que aceptan y las que finalmente participan o responden. Si se comparan grupos, se indica esta información para cada grupo.</p>						

En resumen, la muestra es adecuada y similar a la población base; se minimiza la posibilidad de sesgo de selección.						
c. Comparabilidad entre los grupos estudiados						
Si no se comparan grupos, responder «no aplica» a todos los enunciados de esta dimensión.						
7. Las características de los grupos que se comparan están bien descritas. Por ejemplo, si se estudia un problema de salud, deben describirse los grupos por características sociodemográficas y otras variables que podrían modificar los resultados.						
8. Las poblaciones de origen de los participantes de cada grupo son semejantes. Según la selección, ambas poblaciones tienen características similares, de tal manera que sean comparables en todo, excepto en el factor de estudio o de clasificación en uno u otro grupo.						
9. Se utilizaron las mismas estrategias y técnicas de medición en todos los grupos; se midieron las mismas variables en todos los grupos.						
10. No se produjeron pérdidas (por falta de medición, abandono, migración, etc.) que afecten a una parte de la						

muestra. Arbitrariamente, se podría considerar como alta una pérdida del 20% de la muestra; las pérdidas no deberían afectar al tamaño muestral mínimo necesario y sus causas no deberían ser diferentes entre los grupos.						
En resumen, los grupos estudiados son comparables; se minimiza la posibilidad de sesgo de selección.						
d. Definición y medición de las variables principales						
11. Se exponen claramente cuáles son las variables de exposición, resultado, confusoras o modificadoras.						
12. Las variables principales tienen una adecuada definición conceptual (teórica) y operacional (escala de medición, sistema de clasificación, criterios diagnósticos, etc.).						
13. Los instrumentos de medición de las variables principales tienen validez y fiabilidad conocidas y adecuadas (se citan estudios que lo analizaron); se han adaptado culturalmente si las versiones originales provienen de lugares con lenguas o culturas diferentes (se citan los estudios que lo hicieron).						
14. Las técnicas de medición de las variables principales se describen suficientemente, son adecuadas y –si aplica– son las mismas para los grupos. Considerar la posibilidad de						

sesgos de memoria (alguno de los grupos puede recordar mejor algo del pasado) o del entrevistador (por conocimiento de la exposición o del problema de salud).						
En resumen, la medición de las variables principales se realizó de forma adecuada; se minimiza la posibilidad de sesgos de información.						
e. Análisis estadístico y confusión						
15. El análisis estadístico estuvo determinado desde el inicio del estudio.						
16. Se especifican las pruebas estadísticas utilizadas y son adecuadas.						
17. Se trataron correctamente las pérdidas de participantes, datos perdidos u otros efectos del diseño de la muestra (diferentes probabilidades de selección) o de la exclusión de casos para algunos análisis.						
18. Se tuvieron en cuenta los principales elementos de confusión posibles en el diseño y en el análisis. En el diseño deberían incorporarse variables teóricamente asociadas o determinantes del problema estudiado. En el análisis, la estimación del resultado principal debería estratificarse o ajustarse por esas variables.						

En resumen, el análisis es adecuado y se minimiza la posibilidad de confusión.	Muy bien	Bien	Regular	Mal		
Valoración global de la validez interna Considerar las dimensiones b-e						
f. Resultados						
19. Se incluyen resultados de todos los participantes o se indica el número de datos no disponibles.						
20. Se presentan los resultados planteados en los objetivos y todos los de interés, de manera clara y comprensible.						
21. Se presentan medidas brutas y ajustadas, indicando las variables por las que se ajustan los resultados y justificando cuáles se incluyeron (o no) en el análisis.						
22. Se presentan estimaciones de la significación estadística de las diferencias entre grupos (por ejemplo, valores de p) o de la precisión de los resultados (por ejemplo, intervalos de confianza).						
En resumen, los resultados están bien descritos, son útiles y precisos.						
	El aspecto se logra:				No informa	No aplica
	Muy bien	Bien	Regular	Mal		

g. Conclusiones, validez externa y aplicabilidad de los resultados						
23. Las conclusiones dan respuesta a los objetivos del estudio.						
24. Las conclusiones presentadas se basan en los resultados obtenidos.						
25. Los resultados de este estudio pueden extrapolarse a la población de interés de la presente revisión. Analizar similitudes y diferencias de ambas poblaciones (la del estudio y la de interés del lector) considerando el contexto espacial y temporal (p. ej., la prevalencia de la exposición), los criterios de inclusión, la definición y la medición de la exposición y el resultado, el nivel de confianza de las estimaciones, etc.						
26. La discusión considera implicaciones de la aplicación de los resultados, beneficios, seguridad y costes de su aplicación.						
En resumen, los resultados del estudio son generalizables a la población y contexto en que interesa aplicarlos.						
h. Conflicto de intereses						
27. Se menciona la fuente de financiación del estudio o los autores declaran la existencia o						

ausencia de conflictos de intereses.						
En resumen, los conflictos de intereses no condicionan los resultados ni las conclusiones del estudio.						
Valoración global de la calidad del estudio	Alta	Medi a	Baja			
La calidad de la evidencia aportada por el estudio es:						

Anexo 4. Declaración PRISMA 2020.

Sección/tema	Número	Ítems de la lista de verificación
Título		
Título	1	Identificar la publicación como RS o MA.
Resumen		
Resumen estructurado	2	Comprende: -Título -Antecedentes: objetivos de la revisión. -Métodos: criterios de selección de los estudios; fuentes de información; riesgo de sesgo de cada estudio (especificar al método empleado para evaluar riesgo de sesgo de cada estudio incluido); síntesis de resultados (métodos para sintetizar y presentar resultados). -Resultados: estudios incluidos (número total de estudios incluidos, participantes y resumir lo relevante de los estudios); síntesis de resultados -Discusión: limitaciones de evidencia; interpretación. -Otros: Financiación y número de registro de la RS o MA.
Introducción		
Justificación	3	Describir la justificación de la revisión sistemática a realizar de acuerdo al contexto del conocimiento existente.
Objetivos	4	Declarar explícitamente los objetivos o la pregunta que se abordará en la RS.
Métodos		
Criterios de elegibilidad	5	Especificar los criterios de selección de la RS y la manera de agrupar a los estudios para sintetizar resultado.

Fuentes de información	6	Mencionar los bases de datos, registros, sitios web, u otros recursos de búsqueda para la identificación de los estudios. Se debe incluir la fecha de búsqueda realizada para cada recurso.
Estrategia de búsqueda	7	Presentar por completo la estrategia de búsqueda para las bases de datos, registros y sitios web, incluyendo filtros y límites empleados.
Selección de los estudios	8	Especificar los criterios de selección de los estudios como los cribados, detalles de las herramientas de búsquedas automatizadas empleadas, entre otros.
Proceso de extracción de los datos	9	Indicar los métodos manejados para extraer los datos de las publicaciones, número de revisores quienes recopilaron los datos por publicación, modo de trabajar (de manera independiente o no),
Lista de datos	10	Enumerar y definir todas las variables y escalas de mediciones implicados para la búsqueda de datos.
Riesgo de sesgo en los estudios individuales	11	Especificar los métodos manejados para evaluar el riesgo de sesgo de cada estudio incluido, como herramientas, cuántos revisores evaluaron cada estudio,
Medidas de efecto	12	Especificar por cada desenlace la razón de riesgo, diferencia de medias, entre otros, para sintetizar o presentar los resultados.
Método de síntesis de resultados	13	Describir los procesos manejados para definir la elegibilidad de cada estudio, análisis de sensibilidad y presentación de síntesis.
Evaluación de sesgo en publicación	14	Describir los métodos necesarios para evaluar riesgo de sesgo de síntesis.
Análisis de evidencia	15	Describir a los métodos manejados para evaluar la confianza en el cuerpo de la evidencia por cada desenlace.
Resultados		
Selección de estudios	16	Describir los resultados a partir de los procesos de búsqueda y selección de los estudios (número de estudios incluidos en RS) y citar a los estudios excluidos a pesar de cumplir con los criterios de selección, y la razón de ello.
Características de los estudios	17	Citar y presentar las características de cada estudio incluido.
Riesgo de sesgo de cada estudio	18	Mostrar evaluaciones de sesgo para cada estudio incluido.

Resultado de los estudios individuales	19	Mostrar los desenlaces de cada estudio: estadísticos de resumen por grupo (si corresponde), estimación de efecto, precisión (intervalo de confianza), preferentemente mediante el uso de tables o gráficos.
Resultados de síntesis	20	Resumir las características y riesgo de sesgo de cada estudio contribuyentes para la síntesis; presentar los resultados de cualquier evaluación del riesgo de sesgo entre los estudios; presentar los resultados de investigaciones sobre las causas probables de heterogeneidad entre los resultados hallados; y presentar resultados de los análisis de sensibilidad para la evaluación de robustez de los estudios.
Sesgos en publicación	21	Mostrar las evaluaciones del riesgo de sesgo por motivo de los resultados faltantes por cada síntesis.
Certeza de evidencia	22	Presentar las evaluaciones de confianza para cada desenlace evaluado.
Discusión		
Discusión	23	Realizar interpretación general de los resultados junto a otras evidencias; mencionar las limitaciones de evidencias incluidas en la RS; mencionar las limitaciones de los procesos empleados en la RS; Mencionar las implicaciones de los resultados en la práctica, aspectos políticos y futuras investigaciones.
Otra información		
Registro y protocolo	24	Declarar si la RS fue registrada con su número o no; indicar el punto de acceso para el protocolo; si corresponde, describir enmienda hacia la información del registro de protocolo.
Financiación	25	Declarar las fuentes de apoyos financieros para la RS.
Conflictos de interés	26	Declarar la presencia o no de conflicto de interés en la RS.

Anexo 5. Cronograma de actividades

Años.	2020			2021						2022		
Meses.	08	09	11	01	03	05	07	09	11	01	03	05
		10	12	02	04	06	08	10	12	02	04	06
Revisión y selección bibliográfica.												
Registro de protocolo.												
Obtención y selección de artículos												
Extracción de datos de los artículos.												
Evaluaciones de calidad de artículos.												
Preparación de datos y manuscrito.												
Revisiones de tesis.												
Entrega de tesis.												

Anexo 6. Logística

Recursos humanos

Directora de tesis: M.C. Díaz Barrientos Cheryl Zilahy.

Codirectoras de tesis: D.C. Zamora Ginez Irma, y D.C. Baez Duarte Blanca Guadalupe.

Alumno de maestría en Ciencias Médicas e Investigación: Yamamoto Zelimir Akira.

Recursos materiales

Yamamoto, Z. A.;2022. Filos de la microbiota intestinal: Firmicutes, Bacteroidetes, Actinobacteria y Proteobacteria entre sujetos con obesidad, sobrepeso y normopeso: revisión sistemática.

Equipo de cómputo, programas computacionales estadísticos, acceso a internet, acceso a las plataformas de artículos científicos y papeles.

Recursos financieros

Los recursos financieros serán proporcionados por la Benemérita Universidad Autónoma de Puebla, y el investigador.

Anexo 7. Palabras claves y sintaxis empleados para la búsqueda de artículos en distintas plataformas digitales.

Plataforma	Palabras claves y sintaxis
EBSCO	(gut microbiota AND human AND obese AND overweight AND normal weight)
Scopus	TITLE-ABS-KEY (human AND gut AND microbiota AND obese AND overweight AND normal AND weight) AND PUBYEAR > 2016 AND PUBYEAR > 2022
Web of Science	(((((ALL=(human)) AND ALL=(gut microbiota)) AND ALL=(obese)) AND ALL=(overweight)) AND ALL=(normal weight))
PubMed	((((((((((((((human gut microbiota) OR (human gut microbiota[MeSH Terms])) OR (human gut microbiota[Title/Abstract])) AND (adult gut microbiota) OR (adult gut microbiota[MeSH Terms])) OR (adult gut microbiota[Title/Abstract])) AND (obese gut microbiota) OR (obese gut microbiota[MeSH Terms])) OR (obese gut microbiota[Title/Abstract])) AND (overweight gut microbiota) OR (overweight gut microbiota[MeSH Terms])) OR (overweight gut microbiota[Title/Abstract])) AND (normal weight gut microbiota) OR (normal weight gut microbiota[MeSH Terms])) OR (normal weight gut microbiota[Title/Abstract]))

Anexo 8. Formato de recolección de datos.

Se realizó la siguiente tabla en Microsoft Excel para la recolección de los datos, siendo: autores; exclusión o inclusión del estudio; año de publicación; región del estudio; muestras incluidas entre normopeso, sobrepeso u obeso; tamaño de muestra; grupo normopeso, sobrepeso, obeso, femenino, masculino, adultos jóvenes, adultos, adultos mayores y sus filios; motivo de exclusión y notas.

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K				
1	AUTORES	EXCLUSION	AÑO	REGION	MUESTRA	TAMAÑO	NORMOPESO	FILO_1	FILO_2	FILO_3	FILO_4				
2															
	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AB	AC	AD	AE
1	SOBREPESO	FILO_1	FILO_2	FILO_3	FILO_4	OBESO	FILO_1	FILO_2	FILO_3	FILO_4	FEMENINO	FILO_1	FILO_2	FILO_3	FILO_4
2															
	AF	AG	AH	AI	AJ	AK	AL	AM	AN	AO	AP	AQ	AR	AS	AT
1	MASCULINO	FILO_1	FILO_2	FILO_3	FILO_4	ADULTOS_J	FILO_1	FILO_2	FILO_3	FILO_4	ADULTOS	FILO_1	FILO_2	FILO_3	FILO_4
2															
	AU	AV	AW	AX	AY	AZ	BA								
1	ADULTOS_M	FILO_1	FILO_2	FILO_3	FILO_4	MOTIVO_EXCLUSION	NOTA								
2															

Anexo 9. Motivos de exclusiones de los estudios.

Autores.	Año.	Motivo de exclusión.
Jiang et al.	2022	Incluye Infantes / <18 años de edad.
Nemchenko et al.	2022	Incluye Infantes / <18 años de edad.
Rodríguez-Lara et al.	2022	No reporta los filos de microbiota por orden de abundancia
Santos et al.	2022	No reporta los filos de microbiota por orden de abundancia
Wang et al.	2022	No reporta los filos de microbiota por orden de abundancia
Wei et al.	2021	Revisión
Lanthier, et al.	2021	Secuenciación entre regiones V5-V6
Palmas, et al.	2021	No reporta los filos de microbiota por orden de abundancia
Fan, et al.	2021	Muestra no fecal de MI
Henning, et al.	2021	No dividieron a los grupos de estudio por IMC; grupo de IMC englobados
Duan, et al.	2021	No dividieron a los grupos de estudio por IMC; grupo de IMC englobados
Aranaz, et al.	2021	No reporta los filos de microbiota por orden de abundancia
Rosés, et al.	2021	No reporta los filos de microbiota por orden de abundancia
Olden, et al.	2021	No reporta los filos de microbiota por orden de abundancia
Gu, et al.	2021	No dividieron a los grupos de estudio por IMC; grupo de IMC englobados
Jaagura, et al.	2021	No reporta los filos de microbiota por orden de abundancia
García-Gamboa et al.	2020	No reporta los filos de microbiota por orden de abundancia
Delzenne	2020	Revisión
Crovesy et al.	2020	Revisión
Korpela et al.	2020	Incluye Infantes / <18 años de edad.
Liu et al.	2020	No reporta los filos de microbiota por orden de abundancia
Magne et al.	2020	Revisión
Oduro-Donkor et al.	2020	Revisión
Shin y Cho	2020	Incluye Infantes / <18 años de edad.
Silva et al	2020	Incluye Infantes / <18 años de edad.

Yamamoto, Z. A.;2022. Filos de la microbiota intestinal: Firmicutes, Bacteroidetes, Actinobacteria y Proteobacteria entre sujetos con obesidad, sobrepeso y normopeso: revisión sistemática.

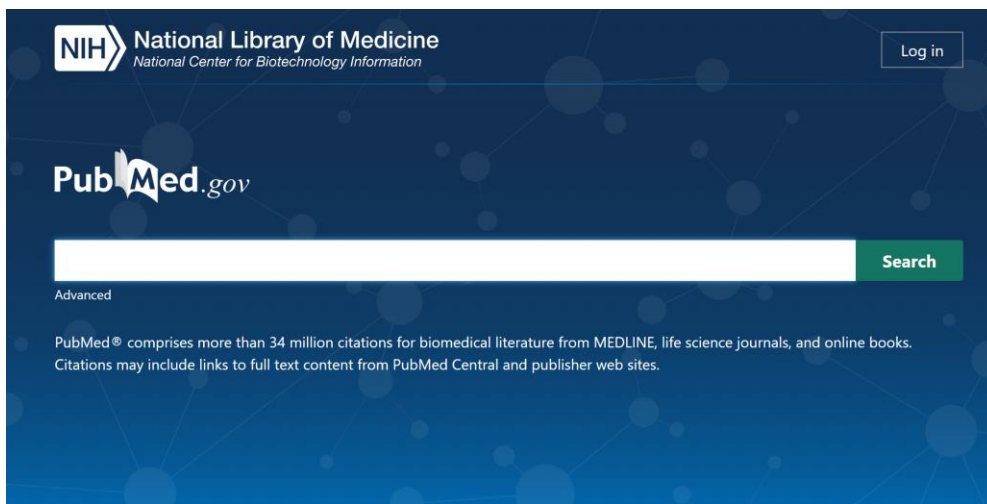
Wang, et al. (Hipotiroidismo)	2020	N de embarazadas
Nardelli, et al.	2020	Muestra no fecal de MI
Granata, et al.	2020	Muestra no fecal de MI
Gutiérrez-Repiso, et al.	2020	Muestra no fecal de MI
Oduran, et al.	2020	No reporta los filos de microbiota por orden de abundancia
Kim, et al.	2020	No dividieron a los grupos de estudio por IMC; grupo de IMC englobados
Wang, et al.	2020	No dividieron a los grupos de estudio por IMC; grupo de IMC englobados
Jonduo, et al.	2020	No dividieron a los grupos de estudio por IMC; grupo de IMC englobados
Meijnikman	2020	No dividieron a los grupos de estudio por IMC; grupo de IMC englobados
Lofffield, et al.	2020	No reporta los filos de microbiota por orden de abundancia
Zhong, et al.	2020	No dividieron a los grupos de estudio por IMC; grupo de IMC englobados
Wan, et al.	2020	No reporta los filos de microbiota por orden de abundancia
Chierico, et al.	2020	No dividieron a los grupos de estudio por IMC; grupo de IMC englobados
Djekic, et al.	2020	No reporta los filos de microbiota por orden de abundancia
Dong, et al.	2020	Tipo de estudio no correspondiente al presente tema de investigación
Gogokhia, et al.	2020	Tipo de estudio no correspondiente al presente tema de investigación
Gu, et al.	2020	Estudio en animal
Hermes, et al.	2020	No reporta los filos de microbiota por orden de abundancia
Lin, et al.	2020	No grupo control sano
Monteleone, et al.	2020	Incluye Infantes / <18 años de edad.
Natalello, et al.	2020	No dividieron a los grupos de estudio por IMC; grupo de IMC englobados
Nogacka, et al.	2020	No reporta los filos de microbiota por orden de abundancia
Aabed, et al.	2020	No reporta los filos de microbiota por orden de abundancia
Cuevas-Sierra	2020	No reporta los filos de microbiota por orden de abundancia

Yamamoto, Z. A.;2022. Filos de la microbiota intestinal: Firmicutes, Bacteroidetes, Actinobacteria y Proteobacteria entre sujetos con obesidad, sobrepeso y normopeso: revisión sistemática.

Kindleysides et al.	2019	No reporta los filos de microbiota por orden de abundancia
Miranda et al.	2019	Incluye Infantes / <18 años de edad.
Sugino, et al.	2019	Tipo de estudio no correspondiente al presente tema de investigación
Zeng, et al.	2019	No reporta los filos de microbiota por orden de abundancia
Nistal, et al.	2019	No dividieron a los grupos de estudio por IMC; grupo de IMC englobados
Lv, et al.	2019	No dividieron a los grupos de estudio por IMC; grupo de IMC englobados
Ashley, et al.	2019	Tipo de estudio no correspondiente al presente tema de investigación
Braun, et al.	2019	No reporta los filos de microbiota por orden de abundancia
Karusheva, et al.	2019	No dividieron a los grupos de estudio por IMC; grupo de IMC englobados
Liu, et al.	2019	Revisión
Motiani, et al.	2019	No dividieron a los grupos de estudio por IMC; grupo de IMC englobados
Stadlbauer, et al.	2019	No dividieron a los grupos de estudio por IMC; grupo de IMC englobados
Yun, et al.	2019	No reporta los filos de microbiota por orden de abundancia
Luisi, et al.	2019	No reporta los filos de microbiota por orden de abundancia
Raju, et al.	2019	Incluye Infantes / <18 años de edad.
Lone et al.	2018	Revisión
Aatsinki, et al.	2018	N de embarazadas
González-Sarrías, et al.	2018	No dividieron a los grupos de estudio por IMC; grupo de IMC englobados
Peters, et al.	2018	No reporta los filos de microbiota por orden de abundancia
Alemán, et al.	2018	No reporta los filos de microbiota por orden de abundancia
Bianchi, et al.	2018	Tipo de estudio no correspondiente al presente tema de investigación
Carstens, et al.	2018	No dividieron a los grupos de estudio por IMC; grupo de IMC englobados

Yamamoto, Z. A.;2022. Filos de la microbiota intestinal: Firmicutes, Bacteroidetes, Actinobacteria y Proteobacteria entre sujetos con obesidad, sobrepeso y normopeso: revisión sistemática.

Anexo 10. Plataforma PubMed



 Learn About PubMed FAQs & User Guide	 Find Advanced Search Clinical Queries	 Download E-utilities API FTP	 Explore MeSH Database Journals
--	---	--	--

Anexo 11. Plataforma EBSCO

☰
EBSCO
🔍 🌐 [Contáctenos](#)

BASE DE DATOS DE TEXTO COMPLETO

Academic Search Ultimate

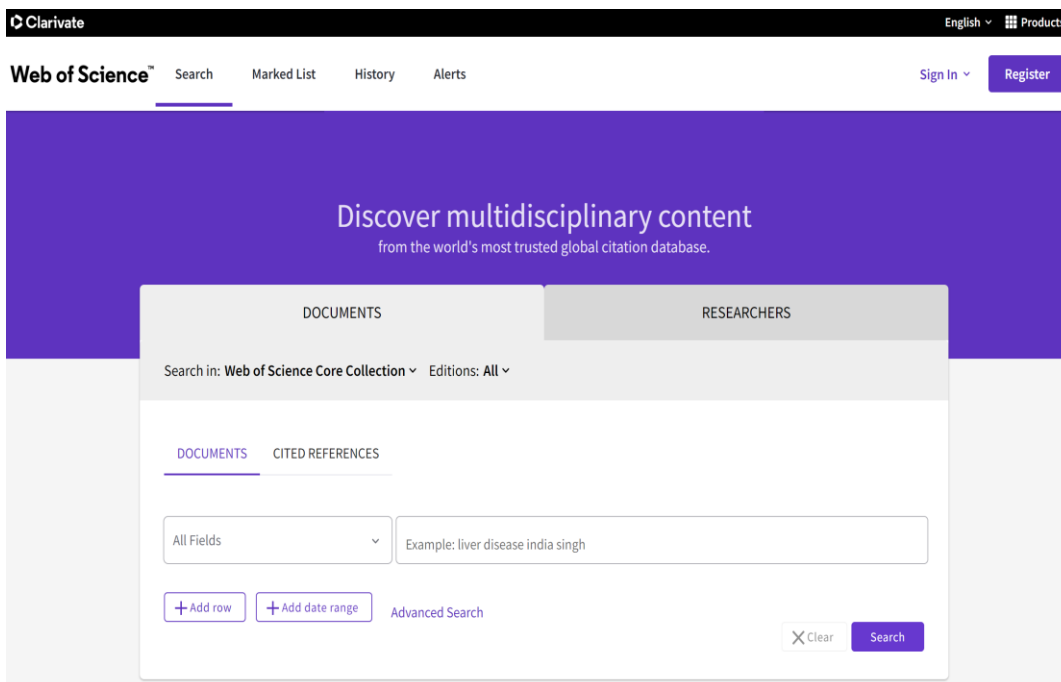
Comparación de versiones	Academic Search Elite	Academic Search Premier	Academic Search Complete	Academic Search Ultimate
Revistas activas a texto completo y que no son de acceso abierto	1.086	2.225	3.285	4.574
Revistas activas a texto completo, que no son de acceso abierto y están revisadas por pares	893	1.930	2.824	3.936
Revistas activas, a texto completo, revisadas por pares, sin acceso abierto y no tienen ningún periodo de embargo	273	492	1.047	1.886
Revistas activas, a texto completo, sin acceso abierto y están indizadas en Web of Science o Scopus	845	1.773	2.292	2.863

Active Full-Text, Non-Open Access Journal Retail Value (USD)	
Academic Search Ultimate	\$3.666.205,41
Academic Search Complete	\$3.016.053,11

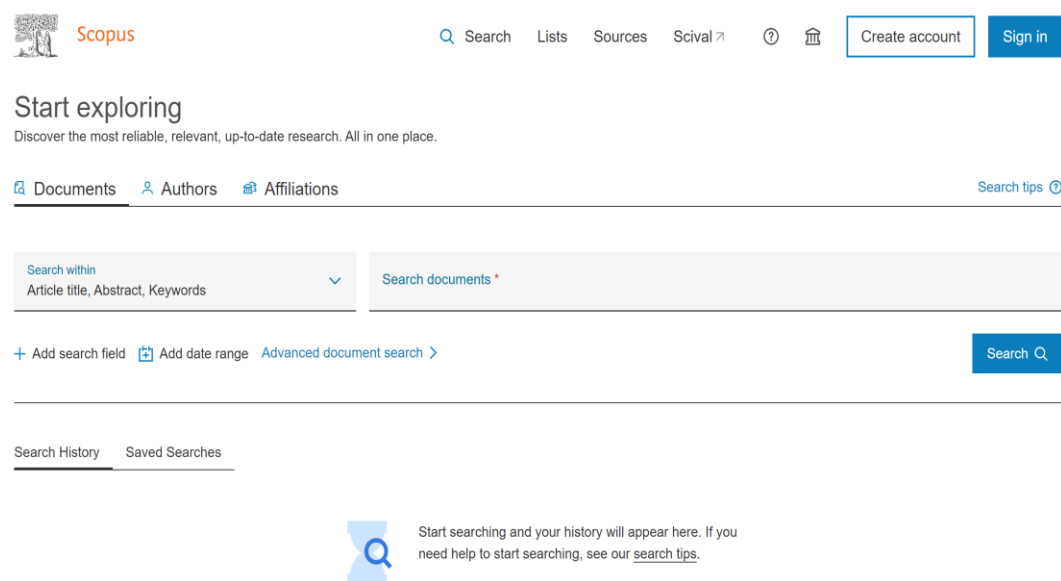
Lista de títulos:
 Revistas: [Excel](#) | [HTML](#)
 Tema: [Excel](#) | [HTML](#)

Yamamoto, Z. A.;2022. Filos de la microbiota intestinal: Firmicutes, Bacteroidetes, Actinobacteria y Proteobacteria entre sujetos con obesidad, sobrepeso y normopeso: revisión sistemática.

Anexo 12. Plataforma Web of Science



Anexo 13. Plataforma SCOPUS



Anexo 14. Justificación

La prevalencia de adultos con obesidad a escala mundial es de 500 millones, y con sobrepeso es de 1400 millones aproximadamente; estas condiciones se asocian con múltiples enfermedades. Actualmente la microbiota intestinal es reconocida como un factor significativamente influyente en el desarrollo del sobrepeso y la obesidad y también por su función como modulador metabólico, inmunológico y neuronal en el ser humano.

En este contexto, estudios recientes han reportado que, en grupos de sujetos con obesidad, sobrepeso y normopeso los filos de la microbiota predominantes en las muestras fecales son *Firmicutes*, *Bacteroidetes*, *Actinobacteria* y *Proteobacteria*: sin embargo, aún no se conoce claramente el orden de predominancia de estos.

Dicho lo previo, se planea llevar a cabo una investigación de revisión sistemática mediante la recolección y análisis de artículos originales sobre el tema en distintas plataformas digitales de usos científicos, compilación de datos y sintetizar los resultados para aclarar dicha duda.

La comprobación del orden de predominancia de los filos de la microbiota intestinal entre las poblaciones con obesidad, sobrepeso y normopeso, dará lugar al desarrollo de medidas preventivas o tratamientos para modular la microbiota intestinal, pudiendo mejorar las condiciones de enfermedad, o servir como un punto de continuidad para las futuras investigaciones.