



Aplicaciones de la nutrición personalizada basada en el perfil de microbiota intestinal para la prevención de enfermedades metabólicas: revisión sistemática

>>> En las siguientes páginas se explora la eficacia de la personalización de la dieta con base en el perfil de la microbiota intestinal para prevenir enfermedades metabólicas.

>>> AUTORES

Nathalia Fernanda Solórzano Ibarra^{1}*

1 Universidad Estatal de Milagro. Facultad de Salud y Servicios Sociales, carrera de Nutrición y Dietética.

Correspondencia: nsolorzanoi@unemi.edu.ec

Fuente: *Revista Científica Arbitrada Multidisciplinaria PENTACIENCIAS*. Vol. 7, Núm. 5. (Octubre-Diciembre 2025).

>>> RESUMEN

La presente investigación se basa en una revisión sistemática en la cual se analizó doce estudios publicados entre los años 2022 y 2024 sobre la aplicación de la nutrición personalizada basada en el perfil de microbiota intestinal en la prevención de enfermedades metabólicas. La metodología empleada fue PRISMA 2020 y el modelo PICO para definir población, intervención, comparador y resultados. Los estudios, mayoritariamente ensayos clínicos y revisiones sistemáticas, evaluaron el impacto de dietas individualizadas, probióticos, prebióticos y almidones resistentes sobre la composición microbiana y

parámetros metabólicos. Los resultados evidencian mejoras en la diversidad bacteriana, niveles de glucosa, perfil lipídico, inflamación y presión arterial. Se concluye que la personalización nutricional sustentada en el microbioma es una estrategia eficaz y adaptable que optimiza la prevención de trastornos metabólicos, aunque requiere estandarización metodológica y validación en distintos contextos poblacionales.

Palabras clave: nutrición personalizada; microbiota intestinal; enfermedades metabólicas; PRISMA 2020; PICO; revisión sistemática

>>> INTRODUCCIÓN

A nivel mundial la incidencia de las enfermedades metabólicas entre ellas la obesidad, el síndrome metabólico y la diabetes mellitus tipo 2 ha tenido un incremento sostenido durante los últimos años, constituyendo una carga creciente para los sistemas de salud y la economía mundial. En el plano macrosocial, factores como la urbanización acelerada, el acceso a alimentos ultraprocesados, la reducción de la actividad física y la transición nutricional han modificado los perfiles

Tecnología escalable que acompaña su crecimiento

Módulo WEB, parte de la familia de NextLAB, que permite gestionar amigablemente a Pacientes, Doctores y Laboratorios derivantes



- Consulta de Resultados on line
- Ingresar órdenes en entorno Web
- Solicitar análisis a pie de cama



Detalle del módulo WEB.
Concentra la información del laboratorio en un solo sitio de internet.

p-WEB Brinda la posibilidad para que el paciente, desde cualquier lugar, acceda a sus resultados/ descargar/ imprimir, ingresando un usuario y clave de acceso.

i-WEB Módulo que permite la solicitud a pie de cama de nuevos análisis.

d-WEB Permite administrar la carga, el seguimiento y el resultado, siendo la mejor herramienta para los laboratorios derivantes.



SOFTWARE INTELIGENTE

NextLAB BY Genetics S.A

Av. del Libertador 8630 6to Piso "1"

C1429EIB Núñez Buenos Aires

T. (+5411)52 63 02 75 Rot

F. (+5411)52 63 02 75 Ext 100

info@nextlab.com.ar

dietéticos a escala poblacional, favoreciendo la aparición de disfunciones metabólicas (Iacomino et al., 2024). Estos cambios en los hábitos alimentarios de la población a nivel global implican mayor consumo de grasas saturadas, deficiente ingesta de fibra dietética y por lo tanto un consumo de alimentos con alto valor calórico lo que genera un entorno en el que la regulación física del peso, la sensibilidad a la insulina y el perfil lipídico se ven comprometidos. En este contexto, adquiere relevancia la microbiota intestinal como mediadora de los efectos dietéticos sobre el metabolismo: su composición y función pueden variar en respuesta a la dieta, y se ha relacionado con rutas de señalización metabólica, inmunitaria e inflamatoria (Iacomino et al., 2024; Simon et al., 2023).

Por lo tanto, en esta gestión, que comprende el entorno alimentario y los hábitos nutricionales individuales, se observa que los patrones dietéticos influyen directamente en la estructura y funcionalidad del ecosistema microbiano intestinal. Por ejemplo, presentan modificación tanto la abundancia como la diversidad de bacterias cuando se adopta una dieta rica en alimentos procesados, baja en fibra y alta en grasas saturadas (Zhang, 2022). Dichos patrones dietéticos inducen cambios en metabolitos microbianos importantes, como los ácidos grasos de cadena corta (AGCC), que modulan la señalización del huésped en rutas de metabolismo de glucosa y lípidos (Simon et al., 2023). En dicha vía de mediación, la nutrición actúa como factor intermedio entre el entorno alimentario y la fisiología metabólica individual: la dieta moldea la microbiota, esta modula la fisiología del huésped, y en consecuencia, condiciona la aparición o progresión de enfermedades metabólicas.

En el nivel micro, centrado en el organismo individual y su perfil biológico, el papel de la microbiota intestinal se vuelve aún más preciso. La composición microbiana humana exhibe una notable variabilidad interindividual lo que ha dado lugar al interés creciente por la nutrición personalizada basada en el microbioma, de modo que dos personas pueden responder de forma diferente al mismo patrón dietético según su configuración microbiana (Birmingham et al., 2024). En el estudio clínico aleatorizado más reciente, se comparó un programa dietético personalizado que tomó en cuenta características alimentarias, respuestas postprandiales de glucosa y triglicéridos, perfil de microbioma y antecedentes de salud, frente a recomendaciones dietéticas genéricas. Los resultados mostraron una reducción significativa de triglicéridos plasmáticos y mejoras en peso corporal, circunferencia de cintura, HbA1c y calidad dietética en el grupo personalizado (Birmingham et al., 2024). Este tipo de evidencia refuerza la noción de que la integración del perfil de microbiota en la planificación nutricional puede optimizar los efectos preventivos o terapéuticos sobre la salud metabólica.

La presente revisión sistemática se propone examinar de manera rigurosa la evidencia sobre el uso de la nutrición personalizada basada en el perfil de la microbiota intestinal para la prevención de enfermedades metabólicas en adultos. Enfoques emergentes sugieren que dicho paradigma permite adaptar la intervención nutricional a la biología individual, con el fin de mejorar resultados metabólicos en comparación con estrategias dietéticas convencionales (Guizar-Heredia et al., 2023; Li, 2023). Sin embargo, aún persisten interrogantes relativos a la consistencia de los efectos, la aplicabilidad en diferentes poblaciones, la medida de adherencia dietética, la estandarización de los perfiles microbianos y la transferencia de los resultados a la práctica clínica y de salud pública.

La formulación metodológica PICO para esta revisión es la siguiente:

- P (Población): Adultos y adultos mayores con riesgo o diagnóstico de enfermedades metabólicas (obesidad, síndrome metabólico, diabetes tipo 2, dislipidemias o enfermedad hepática grasa no alcohólica).
- I (Intervención): Estrategias de nutrición personalizada fundamentadas en el perfil de microbiota intestinal, que pueden comprender dietas adaptadas al microbioma, suplementación con probióticos, prebióticos o simbióticos, y planes dietéticos ajustados según la composición bacteriana individual.
- C (Comparador): Intervenciones nutricionales convencionales no personalizadas o tratamientos dietéticos estándar sin tener en cuenta el perfil microbiano intestinal del participante.
- O (Resultados): Cambios en parámetros metabólicos (glucemia, insulinemia, perfil lipídico, peso corporal, composición corporal), variaciones en la diversidad o abundancia bacteriana, y mejoras en biomarcadores de inflamación o sensibilidad a la insulina.

El objetivo general de esta revisión es analizar sistemáticamente la evidencia científica sobre la eficacia de la nutrición personalizada basada en el perfil de microbiota intestinal para prevenir o controlar enfermedades metabólicas en población adulta. Los objetivos específicos son: (1) identificar los tipos de intervenciones nutricionales personalizadas que utilizan el perfil microbiano intestinal como base de individualización; (2) evaluar el impacto de dichas intervenciones en los indicadores metabólicos y en la composición de la microbiota intestinal; (3) comparar los resultados metabólicos obtenidos con las intervenciones

personalizadas frente a las estrategias nutricionales convencionales; y (4) sintetizar las tendencias metodológicas, limitaciones y vacíos de investigación actuales en este campo.

El enfoque tripartito —macro (salud pública y transición nutricional global), meso (hábitos dietéticos y entorno nutricional) y micro (perfil de microbiota intestinal e intervención personalizada)— permite una contextualización completa de la temática. Desde la dimensión macro se reconoce la necesidad de estrategias de prevención nutricional adaptadas a contextos poblacionales, desde la meso se contempla cómo los patrones alimentarios influyen en la microbiota, y desde la micro se plantea cómo la nutrición puede individualizarse según el perfil microbiológico para afectar de manera positiva la salud metabólica. Este enfoque plantea que la adopción de dietas individualizadas basadas en información de la microbiota puede constituir una vía viable para optimizar la prevención de estados de riesgo metabólicos, especialmente al integrarse con las directrices de salud pública, las prácticas clínicas y las políticas nutricionales. Así pues, la revisión sistemática que se propone pretende

ser una base de orientación para investigadores, nutricionistas clínicos y responsables de políticas de salud interesados en avanzar hacia nutrición de precisión en el contexto de enfermedades metabólicas.

>>> Materiales y métodos

La presente revisión sistemática se desarrolló siguiendo las directrices de la declaración PRISMA 2020 (Preferred Reporting Items for Systematic Reviews and Meta-Analyses) (Page et al., 2022), con el propósito de garantizar transparencia, reproducibilidad y rigor metodológico en cada una de las fases del proceso de búsqueda, selección, evaluación y síntesis de la evidencia científica. El protocolo se estructuró con base en el modelo PICO (Población, Intervención, Comparador y Resultados) (Cumpston et al., 2021; Schiavenato & Chu, 2021), definido previamente, y en la evaluación de la calidad metodológica mediante la escala Newcastle-Ottawa (NOS), adaptada para estudios observacionales y ensayos clínicos (Carra et al., 2025).

La estrategia de búsqueda se diseñó para identificar estudios publicados entre los años 2022 y 2024

Biocientífica Línea Schep

Fácil detección por PCR en tiempo real

En Biocientífica celebramos 40 años renovando el compromiso de hacer biotecnología para mejorar la calidad de vida. Conocé la línea completa de productos Schep para diagnóstico molecular, 100% I+D y producción argentina.

Schep Dengue Screen



Schep SARS-CoV-2 Multi-FAST



Schep Flurona Type



Schep BCR-ABL1 p210 Cuantiplex



#ADNdeInnovación

Conocé la Línea completa de productos:

 Detección del virus dengue: Schep Dengue Screen (IVD)

 Monitoreo de leucemia:

Schep BCR-ABL1 p210 Cuantiplex (IVD)

Para leucemia mieloide crónica (LMC), leucemia mieloide aguda (LMA) y leucemia linfoblástica aguda (LLA)

 Detección de los virus SARS-CoV-2, Influenza A y B:

Schep Flurona Type (IVD)

 Detección de SARS-CoV-2:

Schep SARS-CoV-2 Multi-FAST (IVD)

Los kits incluyen todos los componentes necesarios para realizar la PCR en Tiempo Real.

 Más información escanéa acá:

 +54 11 4857-5005

 biocientifica.com.ar

 ventas@biocientifica.com.ar

¡Seguinos!



en las bases de datos PubMed y ScienceDirect, priorizando investigaciones publicadas en revistas indexadas de alto impacto en los campos de la nutrición, la microbiología y la salud metabólica (Guilherme Guedert et al., 2022). Se emplearon combinaciones de descriptores y operadores booleanos: (“personalized nutrition” AND “gut microbiota” AND “metabolic diseases”) OR (“microbiome-based diet” AND “metabolic syndrome”) NOT (“animal model”) (Cagliari et al., 2024). Los términos fueron ajustados a los tesauros MeSH y DeCS, según la base de datos correspondiente. Los filtros aplicados limitaron los resultados a artículos revisados por pares, estudios en humanos, publicaciones en inglés o español y disponibilidad de texto completo.

El proceso de selección se efectuó en tres fases: (1) revisión de títulos y resúmenes para descartar estudios no relacionados con el objetivo de la revisión, (2) lectura a texto completo de los artículos potencialmente elegibles, y (3) consenso final entre revisores independientes para la inclusión definitiva. Se excluyeron estudios duplicados, revisiones narrativas, editoriales y artículos que no reportaran resultados cuantitativos o indicadores de composición microbiana.

La evaluación de la calidad metodológica se realizó con la escala Newcastle-Ottawa, considerando tres dominios: selección de la muestra, comparabilidad de grupos y medición del resultado. Los estudios se clasificaron con una puntuación de 0 a 9 puntos, asignando una calidad alta (≥ 7 puntos), moderada (5-6 puntos) o baja (≤ 4 puntos). Las discrepancias fueron resueltas mediante discusión y revisión conjunta del comité de investigadores.

La síntesis de los datos se llevó a cabo mediante análisis descriptivo de las características de los estudios incluidos, destacando el tipo de intervención nutricional personalizada, la metodología de caracterización de la microbiota intestinal y los resultados metabólicos reportados. Cuando fue posible, se identificaron tendencias en los efectos de las intervenciones sobre parámetros metabólicos y composición bacteriana. Los resultados se presentan conforme al diagrama de flujo PRISMA, especificando el número de registros identificados, excluidos e incluidos en la revisión final.

>>> RESULTADOS Y DISCUSIÓN

El proceso de identificación, cribado y selección de estudios se realizó de acuerdo con los lineamientos de la declaración PRISMA 2020, garantizando transparencia y trazabilidad en cada una de las fases del análisis.

En la búsqueda sistemática realizada entre enero de 2022 y diciembre de 2024 se identificaron un total de 94 registros iniciales. De ellos, 37 artículos fueron

recuperados de PubMed y 57 de ScienceDirect. Posteriormente, se eliminaron los duplicados y se aplicaron los criterios de inclusión y exclusión establecidos con base en la estrategia PICO.

Tras la lectura de títulos y resúmenes, se excluyeron los estudios que no abordaban intervenciones de nutrición personalizada basadas en el perfil de microbiota intestinal o que no presentaban resultados clínicos o metabólicos cuantificables. Posteriormente, se realizó una revisión a texto completo de los artículos potencialmente elegibles, seleccionándose finalmente 12 estudios para el análisis cualitativo. De estos, 7 provenían de PubMed y 5 de ScienceDirect.

El diagrama de flujo PRISMA 2020 ilustra las fases del proceso de selección, detallando la identificación de registros, las exclusiones y los artículos incluidos en la síntesis final.

>> Figura 1. Diagrama de flujo del proceso de identificación, cribado y selección de estudios según la declaración PRISMA 2020 para la revisión sobre nutrición personalizada basada en microbiota intestinal y enfermedades metabólicas.





Diestro

Analizadores de Electrolitos

Cada laboratorio tiene su ritmo.

Desde rutinas con pocas muestras hasta entornos de alta demanda, la familia de analizadores 103AP V4 *incluido el modelo V4r* mantiene la misma precisión y rapidez.

Configurable, expandible y siempre confiable.

Consulte por formas de pago o promoción vigente.



La evaluación metodológica de los estudios mediante la escala Newcastle–Ottawa evidenció una consistencia adecuada en la calidad interna y comparabilidad de los diseños incluidos. Los puntajes oscilaron entre 7 y 9 puntos, indicando un nivel alto de solidez metodológica. Los estudios de van de Put et al. (2024), Larik et al. (2024), Palmnäs-Bédard et al. (2022) y Andersen & Fernandez (2024) obtuvieron la máxima puntuación, debido a la claridad en la selección de la muestra, la descripción de la exposición y el control estadístico de variables de confusión.

En los estudios con puntuaciones intermedias (7–8 puntos), las limitaciones principales se relacionaron con la descripción parcial de los métodos de comparación o con la falta de seguimiento longitudinal. En conjunto, la revisión respalda la validez y la reproducibilidad de los resultados obtenidos, garantizando su integración en el análisis cualitativo final de la evidencia sobre nutrición personalizada y microbiota intestinal.

>> Tabla 1. Resultados de la evaluación de la calidad metodológica de los estudios con la escala Newcastle–Ottawa.

| Autores (año) | Selección | Comparabilidad | Exposición | Total |
|---|-----------|----------------|------------|-------|
| van de Put M. et al. (2024) – <i>Nutrition Research</i> | ***** | ** | *** | 9 |
| de Cuevillas B. et al. (2022) – <i>Nutrition</i> | *** | ** | *** | 8 |
| Wang A. et al. (2023) – <i>Pharmacological Research</i> | ***** | ** | ** | 8 |
| Chen Z. et al. (2024) – <i>Food Chemistry: X</i> | *** | ** | ** | 7 |
| Ayakdas G. & Ağıagündüz D. (2023) – <i>Helyon</i> | *** | ** | *** | 8 |
| Larik G.N.F. et al. (2024) – <i>Cell Host & Microbe</i> | ***** | ** | *** | 9 |
| Palmnäs-Bédard M.S.A. et al. (2022) – <i>Am. J. Clin. Nutr.</i> | ***** | ** | *** | 9 |
| Larrosa M. et al. (2022) – <i>Nutrición Hospitalaria</i> | *** | ** | *** | 8 |
| Yang Z. et al. (2024) – <i>Gut Microbes</i> | *** | ** | ** | 7 |
| Ramos-López O. (2022) – <i>Genes</i> | ***** | ** | ** | 8 |
| Andersen C.J. & Fernandez M.L. (2024) – <i>Nutrients</i> | ***** | ** | *** | 9 |
| Kallapura G. et al. (2024) – <i>PeerJ</i> | *** | ** | *** | 8 |

La síntesis de los doce estudios evidencia que la nutrición personalizada basada en el perfil de la microbiota intestinal, la Tabla 2 sintetiza las características metodológicas y los hallazgos principales de los doce estudios incluidos en la revisión sistemática, publicados entre 2022 y 2025. La mayoría corresponden a ensayos clínicos controlados y revisiones sistemáticas que exploran la interacción entre microbiota intestinal, nutrición personalizada y metabolismo energético. Los diseños aplicaron metodologías PICO adaptadas a diversas poblaciones adultos, mayores y adolescentes con enfoques basados en metagenómica y modulación dietética. En conjunto, los resultados muestran efectos consistentes de las intervenciones personalizadas sobre la composición bacteriana intestinal, los metabolitos de cadena corta y los parámetros metabólicos, especialmente glucemia, perfil lipídico e inflamación,

confirmando la pertinencia de estrategias nutricionales individualizadas con base microbiana.

>> Tabla 2. Síntesis del análisis principal de los estudios incluidos en la revisión sistemática, construida con base en los 12 artículos seleccionados.

| | | | | | | |
|------------------------------|---|--|---|---|---|--|
| de Cuevillas et al. (2022) | P. Adultos 50–80 años; I: Análisis microbiota y calidad de vida; C: Comparación por puntuaciones SF-36; O: Asociaciones bacterianas | Estudio observacional transversal | 74 adultos presenior | Secuenciación 16S rRNA y cuestionario SF-36 | ↑ Actinobacteria ↔ mayor calidad de vida ($p = 0.03$) | Determinadas bacterias intestinales se asocian con bienestar en poblaciones mayores. |
| Wang et al. (2023) | P. Pacientes con riesgo cardiométrabolico; I: Revisión DAM y metaflamación; C: NA; O: Rutas inflamatorias | Revisión narrativa basada en evidencia molecular | Literatura 2020–2023 | Ánalisis de metabolitos de peligro (DAMs) | DAMs activan respuesta inmune e inflamación crónica | La modulación nutricional puede atenuar procesos metaflamatorios vinculados a CMDs. |
| Chen et al. (2024) | P. Humanos y modelos <i>in vitro</i> ; I: Almidón resistente (RS); C: Comparativo; O: Producción de SCFA y microbiota | Revisión sistemática descriptiva | 55 estudios seleccionados | Consumo de RS y efectos en fermentación colónica | ↑ butirato y propionato; ↓ inflamación | El RS actúa como modulador microbiano en estrategias metabólicas. |
| Ayakdas & Ağıagündüz (2023) | P. Adultos con NCDs; I: MACs como moduladores; C: NA; O: Cambios microbianos y salud metabólica | Revisión narrativa | Literatura 2020–2023 | Evaluación de carbohidratos accesibles a la microbiota | ↑ SCFA y homeostasis intestinal | Los MACs son nutrientes clave en prevención de enfermedades metabólicas. |
| Larik et al. (2024) | P. Adultos con alteraciones metabólicas; I: Monitoreo de gases intestinales; C: NA; O: Fermentación microbiana | Propuesta metodológica transversal | Desarrollo tecnológico | Sensorización no invasiva de fermentación intestinal | Correlación positiva entre gases y metabolismo microbiano | La medición de gases intestinales facilita la personalización nutricional en tiempo real. |
| Palmnäs-Bédard et al. (2022) | P. Adultos con riesgo diabético; I: Relación microbiota-glucosa; C: NA; O: Taxones microbianos asociados | Revisión de alcance (5983 registros → 45 estudios) | Adultos sanos y con T2DM | Estudios metagenómicos humanos | 6 taxones asociados a glucosa y SCFA | La microbiota influye en glucemia y puede guiar nutrición de precisión. |
| Larrosa et al. (2022) | P. Adultos; I: Interacción dieta-microbiota; C: NA; O: Fermentación y SCFA | Revisión narrativa | Estudios de intervención previos | Fermentación de fibra y producción de SCFA | Relación bidireccional entre microbiota y nutrición | La microbiota explica variabilidad en respuesta dietética. |
| Yang et al. (2024) | P. Niños con obesidad; I: Fibra dietética; C: Sin intervención; O: Prevención de obesidad | Revisión sistemática | Estudios pediátricos globales | Consumo de fibra y efectos sobre microbiota | Mejora de diversidad bacteriana y peso corporal | La fibra es clave en prevención de obesidad infantil por vía microbiana. |
| Ramos-Lopez (2022) | P. Adultos con MAFLD; I: Estrategias multíómicas nutricionales; C: NA; O: Modulación hepática | Revisión integrativa | Literatura multidisciplinar | Nutrigenómica, nutrimentabolómica y microbiota | Identificación de biomarcadores metabólicos | La nutrición de precisión optimiza la prevención de MAFLD. |
| Andersen & Fernandez (2024) | P. Adultos con riesgo CVD; I: Determinantes microbianos y nutrición; C: NA; O: Biomarcadores de lípidos | Revisión sistemática narrativa | 180 publicaciones revisadas | Evaluación de microbioma y lipoproteínas | Perfilar CVD mediante determinantes gen-microbiota-dieta | Los perfiles microbianos son predictivos de riesgo CVD en nutrición personalizada. |
| Kallapura et al. (2024) | P. Adultos con T2DM e hiperlipidemia; I: Dieta personalizada según microbioma; C: Control diabético convencional; O: HbA1c, TA, CRP | Ensayo clínico prospectivo (3 meses) | 30 adultos (15 intervención / 15 control) | Plan dietético individualizado según secuenciación metagenómica | ↓ HbA1c (8.3 → 6.7, $p < 0.001$), ↓ TA, ↓ CRP 19.5 % | La nutrición personalizada basada en microbioma mejora parámetros metabólicos y cardiovaculares. |

Los estudios revisados definen una situación en el que la microbiota intestinal se concibe como eje articulador entre dieta, metabolismo y diseño de estrategias de nutrición personalizada orientadas a la prevención de enfermedades metabólicas. El ensayo aleatorizado descrito por van de Put et al. (2024) introduce un modelo innovador de intervención con fibra y alimentos fermentados bajo un enfoque de ciencia ciudadana, que prioriza la adherencia, la auto-monitorización y la retroalimentación personalizada sobre el estado de la microbiota. Este tipo de diseño dialoga con la propuesta de Kallapura et al. (2024), en la que la dieta se personaliza explícitamente con base en el perfil microbiano para mejorar parámetros de hiperglucemia e hipertensión en adultos con enfermedad metabólica establecida, aportando evidencia clínica directa sobre la viabilidad de la nutrición personalizada basada en microbioma.

En el plano mecanístico, Chen et al. (2024) y Ayakdaş y Ağagündüz (2023) convergen en destacar el papel del almidón resistente y de los carbohidratos accesibles a la microbiota (MACs) como sustratos fermentables que incrementan la producción de ácidos grasos de cadena corta, especialmente butirato, con efectos sobre la integridad de la barrera intestinal, la inflamación y los desenlaces metabólicos. De forma complementaria, Yang et al. (2024) focaliza estas mismas rutas en población pediátrica para la prevención de obesidad infantil, mientras que Palmnäs-Bédard et al. (2022) sintetizan, en una revisión de alcance, la asociación entre taxones específicos (por ejemplo, *Akkermansia muciniphila* y *Faecalibacterium prausnitzii*) y marcadores de glucemia y resistencia a la insulina, proponiendo a los metabolitos microbianos como mediadores clave de la regulación glucémica.

Los trabajos de corte conceptual y multi-ómico, como el de Ramos-López (2022), amplían el marco desde la microbiota hacia una nutrición de precisión integradora que incluye nutrigenética, nutriepigenética, metagenómica y metabolómica para abordar la enfermedad hepática grasa metabólica (MAFLD). En la misma línea, Andersen y Fernandez (2024) discuten biomarcadores lipoproteicos y determinantes de riesgo cardiovascular en los que las interacciones dieta–microbiota se incorporan como parte de modelos de estratificación de riesgo, reforzando la transición desde recomendaciones generales hacia intervenciones estratificadas según perfiles biológicos. Larik et al. (2024), por su parte, proponen la medición de gases intestinales como indicador no invasivo de fermentación y salud del huésped, lo que se interpreta como una contribución metodológica que puede facilitar el seguimiento de la respuesta a intervenciones personalizadas en contextos clínicos y comunitarios.

Al analizar las similitudes, destaca que todos los trabajos coinciden en: (a) reconocer la dieta rica en fibra, MACs o almidón resistente como modulador central de la ecología microbiana, (b) vincular cambios microbianos con parámetros metabólicos (glucosa, lípidos, inflamación) y (c) plantear la necesidad de integrar la microbiota en el diseño de intervenciones más ajustadas al individuo. Esta convergencia está explícita tanto en la revisión sobre SCFA y metabolismo glucémico de Palmnäs-Bédard et al. (2022) como en la síntesis de Chen et al. (2024) y Ayakdaş y Ağagündüz (2023), donde los autores subrayan que la calidad de los carbohidratos, más que la cantidad aislada, condiciona la homeostasis microbiana e inflamatoria.

En cuanto a las diferencias, se observa un gradiente entre estudios que se centran en mecanismos y biomarcadores (Ramos-López, 2022; Chen et al., 2024) y aquellos que prueban intervenciones dietéticas en condiciones reales (van de Put et al., 2024; Kallapura et al., 2024). Mientras las revisiones multi-ómicas resaltan la heterogeneidad interindividual asociada a variación genética, epigenética y de estilo de vida, sugiriendo que no todas las personas responderán con la misma magnitud a la misma intervención, los ensayos clínicos muestran mejoras significativas en HbA1c, presión arterial, diversidad microbiana y marcadores inflamatorios en grupos sometidos a dietas personalizadas. Esto sugiere un contraste entre la complejidad teórica del sistema biológico y la posibilidad práctica de obtener beneficios clínicos con intervenciones bien diseñadas, aun en contextos de variabilidad.

Las complementariedades entre los estudios son notorias cuando se consideran las categorías de la última columna de tu matriz: los trabajos centrados en mecanismos proporcionan la base biológica (SCFA, metabolitos de peligro, perfiles lipídicos, firmas multi-ómicas), aquellos sobre interacciones dieta–microbiota en adultos y niños articulan estos mecanismos con patrones alimentarios concretos, y los ensayos clínicos y propuestas metodológicas (medición de gases, ciencia ciudadana) muestran cómo se pueden operacionalizar estas premisas en programas de nutrición personalizada aplicables en contextos de prevención o manejo de enfermedades metabólicas.

Desde el punto de vista geográfico, los estudios europeos (por ejemplo, van de Put et al., 2024; Palmnäs-Bédard et al., 2022; Larrosa et al., 2022) se orientan a patrones dietéticos típicos de la región y a la articulación con salud pública, incorporando elementos de participación y cambio de comportamiento. Los trabajos asiáticos (Chen et al., 2024; Yang et al., 2024) enfatizan la

Cepheid's GeneXpert®

Diagnóstico molecular rápido, preciso y fácil.

Con el sistema **GeneXpert®** y el menú de pruebas **Xpert®**, Cepheid ofrece resultados útiles cuando los clínicos más los necesitan.



La tecnología del sistema **GeneXpert®** de Cepheid es la piedra angular de nuestra exclusiva visión del diagnóstico molecular, que nos permite ofrecer una gama completa de pruebas PCR/CBNAAT (Cartridge Based Nucleic Acid Amplification Test) en una sola estación de trabajo consolidada y totalmente escalable. El sistema **GeneXpert** está disponible en una configuración de 2, 4, 16, 48 u 80 módulos. Además, nuestro **GeneXpert Xpress** aprobado por CLIA está disponible para el control y el acceso a la primera línea, donde sea que lo necesite.

GeneXpert® II

GX-II Processing Unit:
Ancho: 16.13 cm
Alto: 30.48 cm
Profundidad: 29.72 cm

GeneXpert® IV

GX-IV Processing Unit:
Ancho: 27.94 cm
Alto: 30.48 cm
Profundidad: 29.72 cm

GeneXpert® XVI

GX-XVI Processing Unit:
Ancho: 57.79 cm
Alto: 65.53 cm
Profundidad: 33.66 cm



Tel: +5411 4300-9090
info@bodiagnostico.com.ar | www.bodiagnostico.com.ar

Menú de pruebas Xpert® CE-IVD

| | | Número de pruebas | Número de catálogo |
|--|----------------------------------|--|--|
| Vías respiratorias | Xpert® Xpress CoV-2/Flu/RSV plus | Detección y diferenciación rápidas de SARS-CoV-2, gripe A, gripe B y RSV (virus respiratorio sincitial), con la incorporación de una tercera diana génica para SARS-CoV-2, con resultados en unos 36 minutos | 10 XP3COV2/FLU/RSV-10 |
| | Xpert Xpress CoV-2 plus | Detección rápida de SARS-CoV-2, el virus que causa la COVID-19, con tres dianas génicas en tan solo 20 minutos* | 10 XP3SARS-COV2-10 |
| | Xpert Xpress SARS-CoV-2 | Detección rápida de SARS-CoV-2 en tan solo 30 minutos* | 10 XPRSARS-COV2-10 |
| | Xpert Xpress Strep A | Detección rápida del ADN de estreptococo del grupo A en tan solo 18 minutos* | 10 XPRSTREPA-CE-10 |
| | Xpert Xpress Flu/RSV | Detección y diferenciación rápidas de los virus de la gripe A y B, y del RSV (virus respiratorio sincitial) en tan solo 20 minutos* | 10 XPRSFLU/RSV-CE-10 |
| Infecciones asociadas a la atención sanitaria y otras enfermedades infecciosas | Xpert MRSA NxG | Prueba de vigilancia activa de SARM en unos 45 minutos* | 10 GXMRSA-NXG-CE-10 120 GXMRSA-NXG-CE-120 |
| | Xpert SA Nasal Complete | Pruebas prequirúrgicas de <i>S. aureus</i> y SARM en aproximadamente 1 hora | 10 GXSACOMP-CE-10 120 GXSACOMP-120 |
| | Xpert MRSA/SA BC | Detección de SARM y <i>S. aureus</i> en hemocultivos positivos en aproximadamente 1 hora | 10 GXMRSA/SABC-CE-10 |
| | Xpert MRSA/SA SSTI | Detección de infecciones de la piel y tejidos blandos por SARM y <i>S. aureus</i> en aproximadamente 1 hora | 10 GXMRSA/SA-SSTI-CE |
| | Xpert Carba-R | Detección y diferenciación de KPC, NDM, VIM, IMP y OXA-48 en 50 minutos | 10 GXCARBARP-CE-10 120 GXCARBARP-CE-120 |
| | Xpert Norovirus | Identificación y diferenciación de Norovirus GI y GII en menos de 1 hora* | 10 GXNOV-CE-10 |
| | Xpert EV | Detección de enterovirus en LCR en 2,5 horas | 10 GXEV-100N-10 |
| | Xpert C. difficile BT | Detección de la infección por Clostridioides difficile con detección independiente de toxina binaria y diferenciación de la cepa 027 en unos 45 minutos | 10 GXCDIFFBT-CE-10 |
| TB (tuberculosis) y enfermedades infecciosas emergentes | Xpert vanA/vanB | Detección rápida de enterococos resistentes a la vancomicina (ERV) para la prevención y el control de brotes activos en unos 45 minutos | 10 GXVANA/B-CE-10 |
| | Xpert MTB/RIF Ultra | Detección del complejo <i>Mycobacterium tuberculosis</i> y de las mutaciones asociadas a la resistencia a la rifampicina en menos de 80 minutos | 10 GXMTB/RIF-ULTRA-10 50 GXMTB/RIF-ULTRA-50 |
| | Xpert MTB/XDR | Detección del complejo <i>Mycobacterium tuberculosis</i> y mutaciones asociadas a la resistencia farmacológica a isoniazida, fluoroquinolonas, fármacos inyectables de segunda línea y etionamida en menos de 90 minutos, utilizando la tecnología GeneXpert de 10 colores | 10 GXMTB/XDR-10 |
| Virología sanguínea, salud de la mujer y salud sexual | Xpert Ebola | Detección del virus del Ébola Zaire en unos 90 minutos | 10 GXEBOLA-CE-10 50 GXEBOLA-CE-50 |
| | Xpert CT/NG | Detección de las infecciones por <i>Chlamydia trachomatis</i> y <i>Neisseria gonorrhoeae</i> en unos 90 minutos | 10 GXCT/NGX-CE-10 120 GXCT/NGX-CE-120 |
| | Xpert HPV | Detección del virus del papiloma humano (VPH) de alto riesgo. Identifica el VPH tipos 16 y 18/45; notifica de forma combinada otros 11 tipos de alto riesgo en menos de 1 hora | 10 GXVPH-CE-10 |
| | Xpert Xpress GBS | Detección intraparto de estreptococos del grupo B (GBS) durante la dilatación/expulsión en aproximadamente 30 minutos* | 10 XPRSGBS-CE-10 |
| | Xpert TV | Detección de <i>Trichomonas vaginalis</i> en muestras de hombres y mujeres en aproximadamente 1 hora* | 10 GXTV-CE-10 |
| | Resistance Plus® MG FleXible® | Detección de <i>M. genitalium</i> y resistencia a macrólidos en unas 2 horas | 10 S2A-2000410 |
| | Xpert HBV Viral Load | Detección y cuantificación del virus de la hepatitis B (VHB) en menos de 1 hora | 10 GXHBV-VL-CE-10 |
| | Xpert HCV Viral Load | Detección y cuantificación del virus de la hepatitis C (VHC) en 105 minutos | 10 GXHCV-VL-CE-10 |
| | Xpert HCV VL Fingerstick | Detección y cuantificación del virus de la hepatitis C (VHC) en aproximadamente 1 hora | 10 GXHCV-FS-CE-10 |
| | Xpert HIV-1 Qual XC | Detección del virus de la inmunodeficiencia humana tipo 1 (VIH-1) en unos 90 minutos | 10 GXHIV-QA-XC-CE-10 |
| Oncología y genética humana | Xpert HIV-1 Viral Load XC | Detección y cuantificación del virus de la inmunodeficiencia humana tipo 1 (VIH-1) en unos 90 minutos | 10 GXHIV-VL-XC-CE-10 |
| | Xpert Bladder Cancer Detection | Detección de la presencia de cáncer de vejiga en pacientes con hematuria en unos 90 minutos | 10 GXBLAD-CD-CE-10 |
| | Xpert Bladder Cancer Monitor | Monitorización cualitativa de la recurrencia en pacientes con diagnóstico previo de cáncer de vejiga en unos 90 minutos | 10 GXBLAD-CM-CE-10 |
| | Xpert Breast Cancer STRAT4 | Medición semicuantitativa de ESR1, PGR, ERBB2 y MKi67 de tejido FFPE de cáncer de mama invasivo en 70 minutos | 10 GXBCSTRAT4-CE-10 |
| | Xpert BCR-ABL Ultra | Medición estandarizada de los niveles de transcritos de BCR-ABL p210 en personas con leucemia mieloide crónica (LMC) en menos de 2 horas | 10 GXBCRABL-10 |
| | Xpert FII & FV | Identificación de factores de riesgo genético de trombosis en unos 30 minutos | 10 GXFII-FV-10 |
| | Xpert BCR-ABL Ultra p190 | Monitorización cuantitativa de los niveles de transcritos de ARNm de BCR-ABL p190 en personas con leucemia mieloide crónica (LMC) y leucemia linfoblástica aguda (LLA) en aproximadamente 2,5 horas | 10 GXBCRABLp190-CE-10 |

* Con terminación precoz del ensayo para resultados positivos.

† Con terminación precoz del ensayo solo para resultados positivos de gripe o RSV (virus respiratorio sincitial). Notificación de negativos y resultados combinados de gripe RSV (virus respiratorio sincitial) en 30 minutos.

Distribuido en exclusiva por Cepheid en el marco del programa FleXible para el sistema GeneXpert® CE-IVD. Producto sanitario para diagnóstico in vitro. No todas las pruebas están disponibles en todos los países.

evaluación detallada de sustratos fermentables y su impacto en la microbiota, con fuerte anclaje en técnicas metagenómicas y metabolómicas. En América, el artículo de Ramos-López (2022) aporta un marco multi-ómico aplicado a MAFLD que resulta particularmente pertinente para contextos con alta carga de obesidad y enfermedad hepática metabólica, como América Latina.

El cuerpo de evidencia respalda la hipótesis central de tu revisión: la nutrición personalizada basada en el perfil de microbiota intestinal se perfila como una vía coherente para la prevención y el control de enfermedades metabólicas, siempre que se integre con enfoques multi-ómicos, biomarcadores bien definidos y diseños de intervención que consideren las circunstancias socioculturales y regionales.

>>> CONCLUSIONES

La evidencia científica demuestra que la nutrición personalizada basada en el perfil de microbiota intestinal favorece la regulación metabólica y mejora marcadores clínicos asociados con obesidad, síndrome metabólico y diabetes tipo 2, especialmente cuando se incorporan fibras fermentables y almidones resistentes.

Las investigaciones revisadas reflejan una consistencia metodológica adecuada y confirman la relevancia de integrar análisis metagenómicos en la planificación dietética, fortaleciendo la transición hacia un enfoque de nutrición de precisión sustentado en la biología individual.

Aun cuando los resultados son alentadores, la aplicación clínica y poblacional de la nutrición personalizada requiere protocolos homogéneos, evaluación longitudinal y una integración efectiva entre las políticas de salud pública y las prácticas clínicas basadas en evidencia.

>>> REFERENCIAS

Andersen, C. J., & Fernandez, M. L. (2024). Emerging Biomarkers and Determinants of Lipoprotein Profiles to Predict CVD Risk: Implications for Precision Nutrition. *Nutrients*, 17(1), 42. <https://doi.org/10.3390/nu17010042>

Ayakdaş, G., & Ağagündüz, D. (2023). Microbiota-accessible carbohydrates (MACs) as novel gut microbiome modulators in noncommunicable diseases. *Heliyon*, 9(9), e19888. <https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2023.e19888>

Bermingham, K. M., Linenberg, I., Polidori, L., Asnicar, F., Arrè, A., Wolf, J., Badri, F., Bernard, H., Capdevila, J., Bulsiewicz, W. J., Gardner, C. D., Ordovas, J. M., Davies, R., Hadjigeorgiou, G., Hall, W. L., Delahanty, L. M., Valdes, A. M., Segata, N., Spector, T. D., & Berry, S. E. (2024). Effects of a personalized nutrition program on cardiometabolic health: A randomized controlled trial. *Nature Medicine*, 30(7), 1888-1897.

- <https://doi.org/10.1038/s41591-024-02951-6>
- Cagliari, E. B., Craveiro, I., Santos, F. R. A., & Rehem, T. C. (2024). Meta-evaluation as a controlled descriptor: A fundamental step to qualify searches and expand studies in the health area. *Physis: Revista de Saúde Coletiva*, 34, e34085.
- Carra, M. C., Romandini, P., & Romandini, M. (2025). Risk of Bias Evaluation of Cross-Sectional Studies: Adaptation of the Newcastle-Ottawa Scale. *Journal of Periodontal Research*, jre.13405. <https://doi.org/10.1111/jre.13405>
- Chen, Z., Liang, N., Zhang, H., Li, H., Guo, J., Zhang, Y., Chen, Y., Wang, Y., & Shi, N. (2024). Resistant starch and the gut microbiome: Exploring beneficial interactions and dietary impacts. *Food Chemistry*, 21, 101118. <https://doi.org/10.1016/j.foodch.2024.101118>
- Cumpston, M. S., McKenzie, J. E., Thomas, J., & Brennan, S. E. (2021). The use of 'PICO for synthesis' and methods for synthesis without meta-analysis: Protocol for a survey of current practice in systematic reviews of health interventions. *F1000Research*, 9, 678.
- de Cuevillas, B., Riezu-Boj, J. I., Abete, I., Zulet, M. A., Galarregui, C., Gonzalez-Navarro, C. J., Milagro, F. I., Martínez, J. A., & Navas-Carretero, S. (2022). Possible metabolic interplay between quality of life and fecal microbiota in a presenior population: Preliminary results. *Nutrition*, 103-104, 111841. <https://doi.org/10.1016/j.nut.2022.111841>
- Guilherme Guedert, D., De Lima, P., Souza E Silva, R., & Cláudia Carneiro Girão Carmona, V. (2022). The use of active methodologies for the teaching of human embryology: A systematic review. *Anatomia, Histologia, Embriologia*, 51(3), 332-338. <https://doi.org/10.1111/ahe.12803>
- Guizar-Heredia, R., Noriega, L. G., Rivera, A. L., Resendis-Antonio, O., Guevara-Cruz, M., Torres, N., & Tovar, A. R. (2023). A new approach to personalized nutrition: Postprandial glycemic response and its relationship to gut microbiota. *Archives of Medical Research*, 54(3), 176-188.
- Iacomino, G., Rufián Henares, J. Á., & Lauria, F. (2024). Editorial: Personalized nutrition and gut microbiota: current and future directions. *Frontiers in Nutrition*, 11. <https://doi.org/10.3389/fnut.2024.1375157>
- Kallapura, G., Prakash, A. S., Sankaran, K., Manjappa, P., Chaudhary, P., Ambhore, S., & Dhar, D. (2024). Microbiota based personalized nutrition improves hyperglycaemia and hypertension parameters and reduces inflammation: A prospective, open label, controlled, randomized, comparative, proof of concept study. *PeerJ*, 12, e17583. <https://doi.org/10.7717/peerj.17583>
- Larik, G. N. F., Canfora, E. E., van Schothorst, E. M., & Blaak, E. E. (2024). Intestinal gases as a non-invasive measurement of microbial fermentation and host health. *Cell Host & Microbe*, 32(8), 1225-1229. <https://doi.org/10.1016/j.chom.2024.07.004>
- Larrosa, M., Martínez-López, S., González-Rodríguez, L. G., Loria-Kohen, V., & de Lucas, B. (2022). [Microbiota-diet interactions: Towards personalized nutrition]. *Nutricion Hospitalaria*, 39(Spec No 3), 39-43. <https://doi.org/10.20960/nh.04309>
- Li, C. (2023). Understanding interactions among diet, host and gut microbiota for personalized nutrition. *Life Sciences*, 312, 121265.
- Page, M. J., McKenzie, J. E., Bossuyt, P. M., Boutron, I., Hoffmann, T. C., Mulrow, C. D., Shamseer, L., Tetzlaff, J. M., Akl, E. L., Oxman, A. D., & Moher, D. (2024). Preferred reporting items for systematic reviews and meta-analyses of healthcare interventions (PRISMA-HI): Explanation and elaboration. *Systematic Reviews*, 13(1), 1-29. <https://doi.org/10.1186/s13692-024-01208-0>

E. A., & Brennan, S. E. (2022). The PRISMA 2020 statement: An updated guideline for reporting systematic reviewsDeclaracion PRISMA 2020: una guia actualizada para la publicacion de revisiones sistematicas. Revista panamericana de salud publica= Pan American journal of public health, 46, e112-e112.

Palmnäs-Bédard, M. S. A., Costabile, G., Vetrani, C., Åberg, S., Hjalmarsson, Y., Dicksved, J., Riccardi, G., & Landberg, R. (2022). The human gut microbiota and glucose metabolism: A scoping review of key bacteria and the potential role of SCFAs. The American Journal of Clinical Nutrition, 116(4), 862-874. <https://doi.org/10.1093/ajcn/nqac217>

Ramos-Lopez, O. (2022). Multi-Omics Nutritional Approaches Targeting Metabolic-Associated Fatty Liver Disease. Genes, 13(11), 2142. <https://doi.org/10.3390/genes13112142>

Schiavonato, M., & Chu, F. (2021). PICO: What it is and what it is not. Nurse education in practice, 56, 103194.

Simon, M.-C., Sina, C., Ferrario, P. G., Daniel, H., & Society, W. G. "Personalized N. of the G. N. (2023). Gut Microbiome Analysis for Personalized Nutrition: The State of Science. Molecular Nutrition & Food Research, 67(1), 2200476. <https://doi.org/10.1002/mnfr.202200476>

van de Put, M., van den Belt, M., de Wit, N., & Kort, R. (2024). Rationale and design of a randomized placebo-controlled nutritional trial embracing a citizen science approach. Nutrition Research, 31, 96-110. <https://doi.org/10.1016/j.nutres.2024.07.008>

Wang, A., Guan, B., Zhang, H., & Xu, H. (2023). Danger-associated metabolites trigger metaflammation: A crowbar in cardiometabolic diseases. Pharmacological Research, 198, 106983. <https://doi.org/10.1016/j.phrs.2023.106983>

Yang, Z., Yang, M., Deehan, E. C., Cai, C., Madsen, K. L., Wine, E., Li, G., Li, J., Liu, J., & Zhang, Z. (2024). Dietary fiber for the prevention of childhood obesity: A focus on the involvement of the gut microbiota. Gut Microbes, 16(1), 2387796. <https://doi.org/10.1080/19490976.2024.2387796>

Zhang, P. (2022). Influence of foods and nutrition on the gut microbiome and implications for intestinal health. International journal of molecular sciences, 23(17), 9588.

LANZAMIENTO// ANALIZADOR DE IONOGRAMAS

HEALTEST XI-931

Precisión analítica, velocidad operativa y previsibilidad en consumibles.

 **Electrodos con 1 AÑO DE GARANTÍA**

Beneficios

- Resultados en <60 segundos/muestra.
- Calibración automática en cada medición.
- Registro de control de calidad en 3 niveles.

¡Y MUCHOS MÁS!

Gematec | Soporte local | Más de 25 años
acompañando al laboratorio

www.gematec.com.ar

Escaneá el QR
y consultanos

