



DIETA, CAMBIOS EN LA MICROBIOTA Y SU RELACIÓN CON LA OBESIDAD

Mariángela Giordano, Mariana Serratto, Martina Valiente, Ernestina Sánchez

Tutora: Dra. en Medicina Ileana Carzoglio^{1*} Cotutor: Lic. Nut. José Balbanián²

¹ Clínica de nutrición para la salud. Montevideo, Uruguay.

² Unidad de Extensión; Escuela de Nutrición, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay.

* E-mail: icarzoglio@gmail.com

INTRODUCCIÓN

La hipótesis de que la microbiota intestinal (MI) puede ser un factor importante en el desarrollo de la obesidad ha llevado a la investigación de las comunidades microbianas intestinales en sujetos obesos.

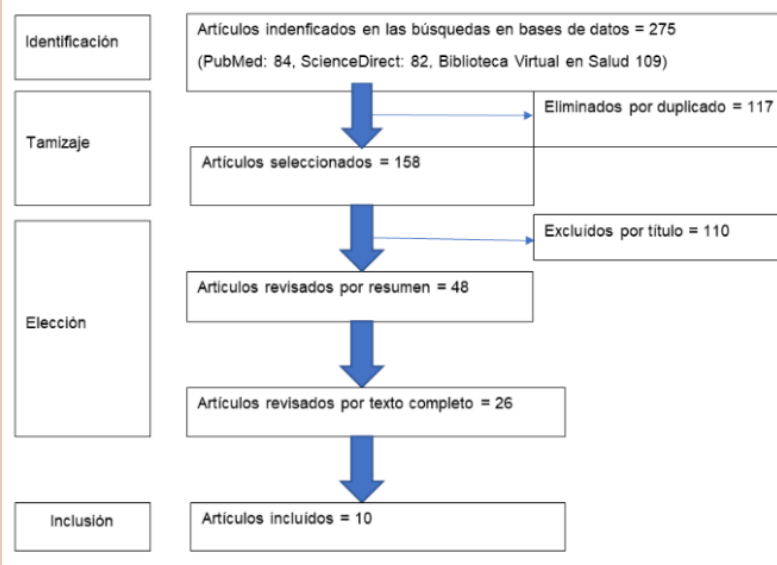
La MI puede ser definida como un conjunto de microorganismos nativos que colonizan el intestino de forma simbiótica con el individuo. El desequilibrio del ecosistema de los habitantes de la MI se ha visto vinculado con varias patologías, entre ellas la obesidad; una de las mayores preocupaciones para la salud pública. Cada persona tiene una composición diferente la cual depende de varios factores; uno de ellos es el tipo de dieta. Por lo tanto, se hace necesario investigar el impacto de la dieta en la MI para encontrar tratamientos más efectivos para la obesidad.

OBJETIVO

Investigar la evidencia científica existente acerca de la importancia de la dieta en la modificación de la composición de la MI y su posible vínculo con la obesidad.

METODOLOGÍA

Se realizó una búsqueda bibliográfica abarcando el período que va desde el 2012 al 2022, se utilizaron las palabras claves: microbiota, obesidad y dieta.



Criterios de inclusión:
Artículos publicados en español, inglés y portugués.
Artículos científicos con estudios tanto en humanos como en animales relacionando la MI con la obesidad y teniendo en cuenta algún factor dietético.

Criterios de exclusión:
Estudios que no incluyan componentes dietéticos o que se centren en las comorbilidades de los sujetos obesos.
Artículos que no cumplan con el periodo de años definidos y que se hayan escrito en otros idiomas que no sean inglés, español y portugués.
Artículos que no contengan las palabras claves.

RESULTADOS

Autor, Año	Principales resultados de los artículos seleccionados sobre animales.
H. bin Lee et al., 2022	MPF4 < F/B comparado con HFD, indicando que MPF. > abundancia de los géneros <i>Akkermansia</i> , <i>Peptococcu</i> , <i>Acetatifactor</i> y <i>Bacteroides</i> . < abundancia de <i>Lactobacillus</i> y <i>Kineothrix</i> en MPF4 comparado con HFD. > abundancia de <i>Kineothrix</i> y <i>Lactobacilus</i> y < de <i>Bacteroides</i> , <i>Peptococcus</i> , <i>Acetatifactor</i> y <i>Akkermansia</i> en HFD comparado con ND. A las 8 semanas MPF4, peso corporal y % de grasa significativamente más bajo que HFD.
Schots et al., 2020	HFD > la cantidad de <i>Lactococcus</i> y <i>Leuconostoc</i> y < la abundancia de <i>Allobaculum</i> y <i>Oscillospira</i> en relación al NCD. La suplementación con aceite de calanus > <i>Lactobacillus</i> y <i>Streptococcus</i> y < <i>Bilophila</i> . Géneros más abundantes : <i>Allobaculum</i> , <i>Lactobacillus</i> , <i>Lactococcus</i> , <i>Turicibacter</i> . HFD (8 semanas) no hubo aumento de peso corporal, con índice de adiposidad más bajo (peso total de los depósitos de grasa intraabdominal) en relación con HFD no suplementado.
Yang et al., 2022	Grupo (CC-LA): 17% menos de aumento de peso que el grupo HFD. Géneros de Actinobacteria- <i>Bifidobacterium</i> , <i>Bacteroidetes</i> <i>Alistipes</i> , Firmicutes- <i>Oscillospira</i> y <i>Ruminococcus</i> , y Proteobacteria- <i>Bilophila</i> fueron taxones abundantes. Grupo HFD: géneros más abundantes = Actinobacteria- <i>Adlercreutzia</i> , Firmicutes- <i>Lactococcus</i> , <i>Lactobacillus</i> , <i>SMB53</i> y <i>Staphylococcus</i> . CC-LA condujo a un aumento general de la diversidad alfa de la MI.

ND, dieta normal; HFD, dieta alta en grasa; MPF, molokhia polysaccharide fraction; NCD, dieta control normal; LFD, dieta baja en grasa; CC-LA, Clostridium cochlearium- Lactobacillius acidophilus.

Autor, Año	Principales resultados de los artículos seleccionados sobre humanos.
Cuevas-Sierra et al., 2022	Los modelos mixtos con puntajes de microbiota facilitaron la selección de la dieta en el 72% de las mujeres y en 84% de los hombres. El modelo que incluye información genética permite seleccionar el tipo de dieta exitosa en un 84% mujeres y 73% hombres, respectivamente para la pérdida de peso. Mujeres LFD: abundancia de Cythagaceae, Catabacteriaceae, Flammeoirgaceae y Rhodothermaceae, subpuntuación de los hombres MHP: tomó en cuenta las familias Cytophagaceae, Acidaminococcaceae, Marinilabiliaceae y Bacteroidaceae. Hombres LFD: Porphyromonadaceae, Inestinimonas, Bacteriodes finegoldii y Costridium bartlettii
Dong et al., 2020	En pacientes con mayor ingesta de proteínas, Prevotella spp. y Blautia spp. fueron elevados y Megamonas spp. fue menor. En pacientes con mayor ingesta de fibra Akkermansia spp. y Lactobacillus spp. fueron enriquecidas y Prevotella_7 spp. se redujo la cantidad. En la dieta HPD se produjo un significativo aumento de la diversidad de la microbiota en relación con la dieta NPD.
Fragiadakis et al., 2020	Grupo dieta baja en HC: aumento en la abundancia relativa de Proteobacteria, Bacteroidetes y Firmicutes. Grupo dieta baja grasas: disminución de Actinobacteria y Firmicutes. Las dos dietas mostraron cambios en cuanto a un aumento en la abundancia relativa de Bacteroidetes. Los cambios en la composición microbiana en respuesta a ambas dietas se correlacionan con el peso, no con la composición inicial de la MI.
Grembi et al., 2020	Mayor plasticidad de la MI previa a la dieta no predice el éxito de pérdida de peso. La plasticidad de la MI se correlaciona con el cambio de dieta dependiendo de la dieta y del sexo. Una mayor plasticidad de la MI se correlaciona con la pérdida de peso. La relación Prevotella/Bacteroides se vinculó con los logros en la pérdida de peso en un período de 12 meses adhiriendo a una dieta baja en carbohidratos en la cohorte de descubrimiento, pero no en el de validación.
Hiel et al., 2020	Reducción de IMC y peso corporal debido a la utilización de prebióticos, mientras que hubo reducción de CC y masa grasa en ambos grupos. La grasa abdominal < en grupo placebo y la grasa visceral no tuvo cambios significativos en los grupos estudiados. Grupo prebiótico > la abundancia relativa Actinobacteria y Bifidobacteria. < Desulfovibrio asociado a reducción en el IMC.
Sergeev et al., 2020	Firmicutes y Bacteroidetes fueron los filos más abundantes en MI, Bacteroides fue el género con más abundancia relativa luego de la suplementación.
Zhang et al., 2021	Disminución del peso y aumento de la diversidad bacteriana. Abundancia relativa de B se relaciona eficazmente con la pérdida de peso. LCD, MI enriquecida en los géneros Porphyromonadaceae Parabacteroides y Ruminococcaceae Oscillospira si se compara con el inicio de la intervención

MI, microbiota intestinal; HC, hidratos de carbono; MHP, moderada alta en proteínas; LFD, dieta alta en grasa; LFD, dieta baja en grasa; NPD, dieta normal en proteínas; LCD, dieta baja en carbohidratos; IMC, índice de masa corporal; P, proteínas.

CONCLUSIONES

La dieta es una herramienta clave para la modulación de la MI y por lo tanto de gran utilidad para el tratamiento de la obesidad. Más allá de las recomendaciones nutricionales generales, tener en cuenta la conformación única de la MI de cada sujeto y la información genética del huésped, permitirá seleccionar tratamientos personalizados que contemplen la complejidad de esta patología.