

LA MICROBIOTA HUMANA COMO PARADIGMA DE LA SALUD

Karla Victoria Mora Blas¹, Norma Judith Cruz Ortega²

¹Licenciatura en Biotecnología, Facultad de Ciencias Biológicas, Benemérita Universidad Autónoma de Puebla, México.

²Departamento de Bioquímica - Alimentos, Facultad de Ciencias Químicas, Benemérita Universidad Autónoma de Puebla, México. correo:norma.cruzortega@correo.buap.mx

*Correo de autor de correspondencia: karla.morab@alumno.buap.mx

ORCID Karla Victoria Mora Blas: <https://orcid.org/0009-0001-5850-9710>

ORCID Dra. Norma Judith Cruz Ortega: <https://orcid.org/0000-0001-9224-2477>

<https://doi.org/10.32399/CIBIOS-BUAP.fcb.2954-5218.2025.4.10.25>

Desde hace algunos años, ha incrementado la popularidad sobre la idea de que nuestro cuerpo tiene diez veces más bacterias que células humanas propias. (López-Goñi, 2023). En los últimos cálculos registrados, se ha determinado que la mitad de las células de nuestro cuerpo, es decir que alrededor de 38,000,000,000,000 células corresponden a las bacterias y 30,000,000,000,000 son células humanas, equivaliendo prácticamente a una bacteria por cada célula humana (López-Goñi, 2023).

Asumiendo que, cada ser humano no es una unidad independiente, ya que está conformado por una comunidad activa y dinámica entre células humanas y microbianas.

Al nacer, miles de millones de microorganismos colonizan a los humanos y el tipo de parto (cesárea o parto natural) tiene algunos efectos a corto plazo en la colonización temprana del intestino del bebé (Rutayisire, et al., 2016).

Por lo cual, se dice que el primer contacto que tuvimos con los microorganismos, es heredado de nuestra madre.

Generalmente, la composición de la microbiota de cada persona dependerá de diver-

sos factores, tales como si el nacimiento fue por parto natural o por cesárea, la microbiota adquirida en etapa de lactancia y transmitida por la madre a través tanto el contacto oral del bebé con la glándula mamaria, como directamente en la leche materna (Méndez-León et al., 2022), la dieta del bebé, el consumo de antibióticos en los primeros años, el entorno de desarrollo, inclusive si de pequeño convivió con mascotas, características que se describen en la Figura 1 (López-Goñi, 2018).

Además, estudios recientes indican que la expresión de algunos genes pueden influir en la salud mediante su capacidad para promover una comunidad microbiana estable en el intestino. Se han realizado estudios de heredabilidad que arrojan un subconjunto consistente de microbios afectados por los genes, sin embargo, el uso de estudios de asociación de todo el genoma (GWAS) para identificar variantes genéticas específicas asociadas con los fenotipos de la microbiota ha resultado ser un desafío. Aún así, han surgido algunas asociaciones consistentes entre poblaciones, especialmente entre las bifidobacterias y el genotipo no persistente de la lactasa. Estos primeros logros abren el camino para que el microbioma se incorpore en estudios que

cuantifiquen las interacciones entre el genotipo, el entorno y el microbioma para predecir la susceptibilidad a enfermedades (Muhammad et al., 2024).

Otro aspecto importante es que se generan cambios en la microbiota y el microbioma de cada individuo durante la transición de la infancia hacia la adolescencia y posteriormente a la adultez, ocurriendo un intercambio de especies microbianas del mismo género. Por ejemplo, de ser *Bifidobacterium infantis* y *B. breve* en la infancia, se intercambia por *B. adolescentes*, para después ser *B. longum* en la edad adulta (Yatsunenkov et al., 2012). Dichos cambios podrían estar relacionados con las diferencias en la secreción de las hormonas del huésped en diferentes etapas de su desarrollo y estados fisiológicos, por ejemplo las hormonas sexuales tales como estrógenos, progesterona y testosterona, así como las hormonas que se secretan en procesos de estrés tales como el cortisol (Yoon y Na-young, 2021).



Figura 1. Factores que influyen en la composición de la microbiota y microbioma. Descripción gráfica de los factores que influyen en la composición de la microbiota y microbioma de cada individuo. Autora: LBT Karla Victoria Mora Blas, Facultad de Ciencias Biológicas, Benemérita Universidad Autónoma de Puebla, México. Diciembre 2025.

Los microorganismos asociados a los humanos (microbiota humana) y su potencial genético (microbioma humano) se han examinado convencionalmente mediante ubicaciones anatómicas, en particular en la piel, la

boca, el sistema tracto-respiratorio, urogenital y gastrointestinal (Turnbaugh et al., 2007).

Donde, la interfaz microbiana-humana más grande, está formada por el tracto gastrointestinal, específicamente dentro del colon. Aquí la mayoría de las bacterias “intestinales” pertenecen a las familias Bacteroidetes y Firmicutes. (Turnbaugh et al., 2007). De acuerdo con algunas estimaciones, el microbioma adulto tiene 100 veces más genes que el propio genoma humano, también que el microbioma intestinal influye fisiológicamente en el sistema inmunológico, el metabolismo, las funciones neurológicas y la digestión (Qin et al., 2010).

Una disbiosis (alteración) en la composición o funciones de los microorganismos de la microbiota intestinal, se ha relacionado con el desarrollo de diversas enfermedades y trastornos, incluida la obesidad, trastornos gástricos, diabetes, asma, enfermedades autoinmunes y recientemente, afecciones neurológicas (Sartor et al., 2012).

Aunque, se sabe que es complicado detectar un consorcio microbiano concreto que sea asociado a específicamente alguna enfermedad, se han logrado reportar pérdidas y ganancias de funciones del microbioma asociados a los diversos padecimientos (López-Goñi, 2018)

Se ha reportado en diversos estudios que existen ciertas relaciones particulares entre la microbiota intestinal y sistemas fisiológicos del huésped que parecerían distantes a primera impresión, pero que se encuentran en comunicación funcional a través de diversos mecanismos, tal es el caso del Eje intestino - mamario, a través del cual bacterias de la microbiota intestinal pueden llegar vía circulación sanguínea o linfática a las glándulas mamarias evadiendo el sistema inmune de la madre y transmitirse por medio de la leche materna a los bebés (Méndez-León et al., 2022). Se ha establecido también una conexión muy importante entre la microbiota intestinal y el sistema nervioso central, a la cual se le ha llamado como Eje intestino - cerebro o también Eje cerebro - intestino - microbiota, en el cual se relacionan y describen una serie de mecanismos por los cuales se ha identificado que la microbiota y función intestinal pueden estar directamente relacionadas con algunas funciones derivadas del sistema nervioso (Bustos-Fernández et al., 2022.), princi-

palmente se han descrito 3 mecanismos de comunicación en este eje:

- a) Vía neuronal: El nervio vago conecta el cerebro y el intestino, transmitiendo señales de forma directa.
- b) Vía endocrina: El intestino produce y libera hormonas como el cortisol que está relacionado con el estrés, y la serotonina, neurotransmisor vital para el estado de ánimo.
- c) Vía del sistema inmunitario: Las células inmunitarias en el intestino pueden liberar moléculas inflamatorias (citoquinas) que afectan al cerebro.

De tal manera que atendiendo las características de la microbiota se puede favorecer a las personas con padecimientos neurológicos, por ejemplo, se han detectado algunas especies como *Lactobacillus plantarum* o *Lactobacillus acidophilus* que son capaces de producir neurotransmisores como GABA o favorecer la producción de serotonina a través del aumento en su precursor triptófano, indispensable para mantener un buen estado de ánimo, además de ser capaces de regular los niveles de otras biomoléculas como glutamato o factor neurotrófico derivado del cerebro (Bustos-Fernández et al., 2022).

Otra especie que se ha estudiado recientemente es *Micobacterium vaccae*, ya que se ha demostrado que esta bacteria del suelo puede aumentar los niveles de serotonina y norepinefrina en el cerebro, efectos similares a los de antidepresivos como el Prozac. La exposición a *M. vaccae* también se ha asociado con una reducción de la ansiedad y un aumento de la tolerancia y resiliencia al estrés, lo que sugiere que la exposición a la tierra podría tener un efecto antidepresivo natural (Holbrook et al., 2023). Aquellos probióticos con potencial aplicación terapéutica en enfermedades neuropsiquiátricas, han sido llamados como psicobióticos desde el año de 2013 por Dinan y cols. (Bustos-Fernández et al., 2022).

Por lo tanto, al realizar esta evaluación de cuánto puede influir el microbioma en muchos aspectos de la salud de los seres humanos, se han propuesto varias estrategias para poder modificar la composición y función de la microbiota de cada individuo, principalmente para mantenerse saludable, prevenir

enfermedades y ayudar a sobrellevar aquellos padecimientos ya adquiridos (López-Goñi, 2018).

Entre las principales propuestas para modificar de manera beneficiosa la microbiota, se describen las siguientes estrategias:

1. Adquirir una dieta personalizada: se ha descrito que los patrones dietéticos y los nutrientes consumidos modifican la abundancia y composición existente en la microbiota. Las dietas ricas en alimentos de origen vegetal son asociadas con una mayor diversidad microbiana, donde un predominio de vegetales en la alimentación se traduce en microbiota más favorable para el ser humano, por la variedad de fibra consumida que es estimulante para los microorganismos. (Zmora et al., 2019). Asimismo, el efecto de la fibra sobre la microbiota depende de sus características específicas, incluyendo su capacidad de fermentación, solubilidad, viscosidad y grado de polimerización (Larrosa et al., 2022).
2. Moderar el consumo de antibióticos: debido a que el tratamiento con antibióticos conduce a una pérdida de diversidad microbiana, ya que se eliminan bacterias patógenas y beneficiosas, además de causar disbiosis. Lo que compromete funciones esenciales del ecosistema intestinal como la digestión, el metabolismo, la protección de microorganismos patógenos, la producción de vitaminas, así como la regulación del sistema inmunológico y las reacciones inflamatorias (Konstantinidis et al., 2020).

Por ello, una medida recomendable cuando se sigue un tratamiento con antibióticos es incrementar la ingestión de algunos alimentos que serán a continuación descritos.

3. El consumo de probióticos y prebióticos: debido a que los probióticos son microorganismos vivos contenidos en algunos alimentos, que administrados en cantidades adecuadas, son capaces de conferir efectos benéficos al huésped, caracterizándose por sobrevivir al tránsito gastrointestinal hasta llegar al colon (Prieto, 2023).

Se recomienda el consumo de productos lácteos fermentados como el yogurt (Figura 2) y kéfir gracias a su alto contenido de probióticos (Trakman et al., 2022). Así mismo, es posible encontrar probióticos en alimentos

fermentados tales como el miso, el chucrut, el kombucha, el kimchi, además de suplementos con probióticos que contienen lactobacillus, bifidobacterias y otras formas bacterianas beneficiosas (Zerón, 2025).

Son diversos los mecanismos por los que los probióticos participan en beneficio de la salud intestinal de las personas, por ejemplo:

- a) Inhiben la proliferación de patógenos al competir con ellos por los nutrientes y los sitios de adhesión.
- b) Son capaces de producir ácidos orgánicos que reducen el pH intestinal, con lo que se afecta el crecimiento de patógenos sensibles al pH.
- c) Ayudan con problemas de estreñimiento al reducir el tiempo de tránsito gastrointestinal, tal es el caso de las Bifidobacterias presentes en leches fermentadas.
- d) Se ha observado que pueden ayudar también a disminuir los episodios de diarrea en personas con diarrea del viajero o asociadas al consumo de antibióticos.

Por otro lado, los prebióticos son productos alimenticios no digeribles en su totalidad en el sistema digestivo, pero que estimulan el crecimiento y actividad de especies bacterianas ya presentes en el colon (López-Goñi, 2018).

Lo ideal sería consumir simbióticos, que es el consumo de probióticos a la par que también se consumen prebióticos, para poder obtener beneficios nutricionales más completos (Zerón, 2025).

Adicionalmente, investigaciones recientes han demostrado que el consumo de metabolitos e incluso componentes celulares de microorganismos inanimados, pueden conferir beneficios a la salud, definiéndose como **postbióticos** desde 2021 por la Asociación Científica Internacional de Probióticos y Prebióticos (Toca et al., 2024).

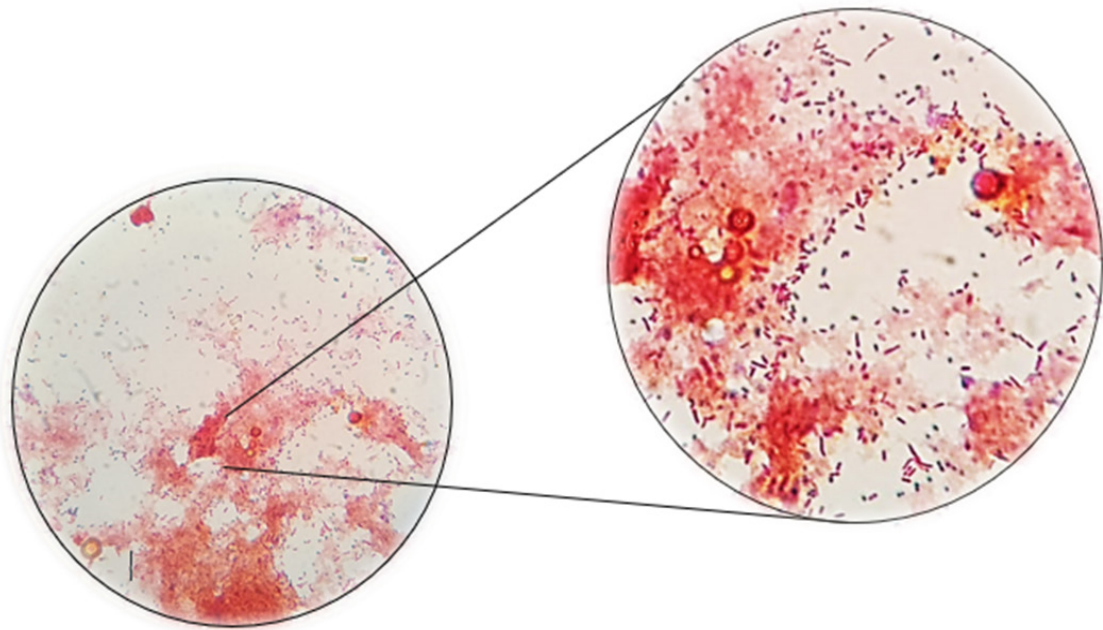


Figura 2. Bacterias ácido-lácticas (BAL). Fotomicrografía óptica con objetivo de 100X en la que se observa a un consorcio de bacterias ácido-lácticas, probióticos productores de fermentados lácteos como yogurt, en un cultivo de leche a las 24 horas de incubación a 37 °C. Se encuentran presentes bacilos y cocos en color morado debido a sus características tintoriales como Gram positivos, en rojo se observan remanentes del medio de crecimiento. Autora: D.C. Norma Judith Cruz Ortega, Facultad de Ciencias Químicas, Benemérita Universidad Autónoma de Puebla, México. Diciembre 2025.

Tabla 1. Principales probióticos clínicamente relevantes y sus características funcionales.

Cepa probiótica	Características funcionales
<i>Saccharomyces boulardii</i>	Eficaz en diarrea asociada a antibióticos y ayuda con los niveles de colesterol “malo”
<i>Lactobacillus rhamnosus GG</i>	Evidencia sólida en salud intestinal e inmunomodulación, así como inflamación. Ayuda a combatir la diarrea.
<i>Lactobacillus plantarum</i>	Ayuda en el síndrome de intestino irritable (SII), ayuda en la absorción de hierro y fermentación de fibra.
<i>Lactobacillus reuteri</i>	Produce reuterina (compuesto antimicrobiano producido por la misma bacteria), beneficios en cólico infantil y salud oral.
<i>Lactobacillus casei</i>	Asociado a regulación del tránsito intestinal, alivia el estreñimiento crónico, los cólicos, la hinchazón abdominal y los síntomas del síndrome del intestino irritable (SII).
<i>Lactobacillus acidophilus</i>	Eficaz en el tratamiento de diversos tipos de diarrea, alivia síntomas del síndrome del intestino irritable (SII), además de que ayuda a mantener un ambiente ácido en la vagina, previniendo el crecimiento excesivo de hongos y bacterias que causan infecciones vaginales (vaginosis bacteriana, candidiasis)
<i>Bifidobacterium lactis</i>	Promueve una microbiota intestinal saludable, regula el tránsito intestinal, y apoya el sistema inmunológico
<i>Bifidobacterium longum</i>	Beneficios en salud digestiva, inflamación y ansiedad leve. También fortalece el sistema inmunológico y aliviar algunas afecciones alérgicas.
<i>Bifidobacterium infantis</i>	Especialista en metabolizar HMOs (oligosacáridos de la leche humana); esencial en microbiota infantil. Ha mostrado beneficios en la salud metabólica y el desarrollo neurológica
<i>Micobacterium vaccae</i>	Prevención de la colitis inducida por estrés, reducción de la inflamación, modulación del sistema inmunológico intestinal, reduce la ansiedad y el estrés, así como efectos similares a los de antidepresivos
<i>Escherichia coli Nissle 1917</i>	Probiótico no convencional; estudiado en colitis ulcerosa con eficacia comparable a mesalazina (fármaco antiinflamatorio para tratar la colitis ulcerosa)

Tabla elaborada por las autoras, adaptada con datos del artículo “Actualización de probióticos, prebióticos y simbióticos en nutrición clínica”(Olveira y González-Molero, 2016.)

4. Trasplante de microbiota: logrado gracias a los grandes avances en la ciencia, donde se puede sustituir la microbiota intestinal de un enfermo por la microbiota de un donante sano (López-Goñi, 2018), hablándose también de cultivos controlados o autotrasplantes. Aún sigue en estudio el trasplante de microbiota, ya que se deben considerar los efectos que resulten después del trasplante, ya que manipular la microbiota o restaurarla en

caso de alguna enfermedad es mucho más complicado de lo que se podría imaginar (López-Goñi, 2018).

Hablando sobre el futuro, la medicina personalizada podría incorporar el análisis del microbioma humano en sus protocolos, con la finalidad de no solo evaluar el genoma del paciente, su metabolismo o actividad del sistema inmune. Sino que también se contará con datos del microbioma, como su composición específica, función, identificación de microorganismos patógenos y deficiencia de otros microorganismos dentro de la microbiota (López-Goñi, 2023).

Se habla también de tratamientos más certeros, ya que hablando de estudiar la susceptibilidad genética a padecer determinada enfermedad, se sabrá más detalladamente sobre las reacciones adversas, influyendo también en poder recetar probióticos personalizados o dietas basadas en la mejora de la microbiota.

Es de mucha importancia comprender que la microbiota puede llegar a ser similar entre un individuo y otro pero nunca igual, debido a que en el genoma humano, pueden darse variantes genéticas de persona a persona, lo que hará que se metabolicen ciertos nutrientes de manera distinta y la manera en como influyen en su microbiota. Hablando sobre la historia de cada humano, existen experiencias, hábitos y entornos a lo largo de la vida de cada individuo que afectan su salud y moldean su microbiota de manera diferente.

Somos seres complejos, con sistemas complejos y por ende microbiomas complejos. Que si bien, la microbiota cambia a lo largo del tiempo, se debe estudiar con precisión la interacción entre células del hospedador y células de la microbiota que tiene cada ser humano.

Referencias

- Bustos F., L.M. y Hanna J. I (2022). Eje cerebro intestino microbiota. Importancia en la práctica clínica. *Rev Gastroenterol Peru.* 2022;42(2):106-16.
- Holbrook, E.M.; Zambrano, C.A.; Wright, C.T.O.; Dubé, E.M.; Stewart, J.R.; Sanders, W.J.; Frank, M.G.; MacDonald, A.S.; Reber, S.O.; Lowry, C.A. (2023) *Mycobacterium vaccae* NCTC 11659, a Soil-Derived Bacterium with Stress Resilience Properties, Modulates the Proinflammatory Effects of LPS in macrophages. *Int. J. Mol. Sci.* 2023,24, 5176.
- Konstantinidis, T., Tsigalou, C., Karvelas, A., Stavropoulou, E., Voidarou, C., & Bezirtzoglou, E. (2020). Effects of antibiotics upon the gut microbiome: A review of the literature. *Biomedicines*, 8(11), 502. <https://doi.org/10.3390/biomedicines8110502>
- Larrosa, M., Martínez-López, S., González-Rodríguez, L. G., Loria-Kohen, V., & de Lucas, B. (2022). Interacciones microbiota-dieta: hacia la personalización de la nutrición. *Nutrición Hospitalaria*, 39(Ext. 3), 39-43
- López-Goñi, I. (2018). *Microbioma humano: un universo en nuestro interior*. Revista de la Sociedad Española de Bioquímica y Biología Molecular (SEBBM), 197, 8-14.
- López-Goñi, I. (2023). *Microbiota: un cambio de paradigma en la medicina personalizada*. Técnicas de Laboratorio, 90(479), 90-95.
- Méndez-León E.M. Salazar-Quiñones I.C., Castro-Albarrán J..Lactancia materna y microbiota. *Revista Médico-Científica de la Secretaría de Salud Jalisco. Número ESPECIAL julio 2022* •
- Muhammad AY, Amonov M, Baig, A., Farrukh J.. Gut Microbiome: An Intersection between Human Genome, Diet, and Epigenetics. *Hindawi. Advanced Gut & Microbiome Research Volume 2024, Article ID 6707728.*
- Olveira, G., & González-Molero, I. (2016). Actualización de probióticos, prebióticos y simbióticos en nutrición clínica. *Endocrinología y Nutrición*, 63(9), 482-494. <https://doi.org/10.1016/j.endonu.2016.07.006>
- Prieto, P. A. (2023). Fundamentos de la microbiota y el microbioma. Avances en investigación sobre el microbioma intestinal humano. *Medicina*, 45(2), 229-246.
- Qin, J., Li, R., Raes, J., Arumugam, M., Burgdorf, K. S., Manichanh, C., Nielsen, T., Pons, N., Levenez, F., Yamada, T., Mende, D. R., Li, J., Xu, J., Li, S., Li, D., Cao, J., Wang, B., Liang, H., Zheng, H., Xie, Y., Tap, J., Lepage, P., Bertalan, M., Batto, J. M., Hansen, T., Le Paslier, D., Linneberg, A., Nielsen, H. B., Pelletier, E., Renault, P., Sicheritz-Ponten, T., Turner, K., Zhu, H., Yu, C., Jian, M., Zhou, Y., Qin, N., Yang, H., Wang, J., Brunak, S., Doré, J., Guarner, F., Kristiansen, K., Pedersen, O., Parkhill, J., Weissenbach, J., Bork, P., Ehrlich, S. D. & MetaHIT Consortium. (2010). A human gut microbial gene catalogue established by metagenomic sequencing. *Nature*, 464(7285), 59-65. <https://doi.org/10.1038/nature08821>
- Rutayisire, E., Huang, K., Liu, Y., & Tao, F. (2016). The mode of delivery affects the diversity and colonization pattern of the gut microbiota during the first year of infants' life: a systematic review. *BMC gastroenterology*, 16(1), 86. <https://doi.org/10.1186/s12876-016-0498-0>
- Sartor, R. B., & Mazmanian, S. K. (2012). Intestinal microbes in inflammatory bowel diseases. *Ame-*

ican Journal of Gastroenterology Supplements, 1(1), 15-21.

Toca MC, Burgos F, Tabacco O, Vinderola G. Postbióticos: un nuevo miembro en la familia de los bióticos. *Arch Argent Pediatr*. 2024;122(5):e202310168.

Trakman, G. L., Fehily, S., Basnayake, C., Hamilton, A. L., Russell, E., Wilson-O'Brien, A., & Kamm, M. A. (2022). Diet and gut microbiome in gastrointestinal disease. *Journal of gastroenterology and hepatology*, 37(2), 237-245. <https://doi.org/10.1111/igh.15728>

Turnbaugh, P. J., Ley, R. E., Hamady, M., Fraser-Liggett, C. M., Knight, R., & Gordon, J. I. (2007). The human microbiome project: exploring the microbial part of ourselves in a changing world. *Nature*, 449(7164), 804-810. <https://doi.org/10.1038/nature06244>

Yatsunenkov, T., Rey, F. E., Manary, M. J., Trehan, I., Domínguez-Bello, M. G., Contreras, M., Magris, M., Hidalgo, G., Baldassano, R. N., Anokhin, A. P., Heath, A. C., Warner, B., Reeder, J., Kuczynski, J., Caporaso, J. G., Lozupone, C. A., Lauber, C., Clemente, J. C., Knights, D., Knight, R., & Gordon, J. I. (2012). Human gut microbiome viewed across age and geography. *Nature*, 486(7402), 222-227. <https://doi.org/10.1038/nature11053>

Kichul Y, and Nayoung K; Roles of Sex Hormones and Gender in the Gut Microbiota. *J Neurogastroenterol Motil*, Vol. 27 No. 3 July, 2021. pISSN: 2093-0879 eISSN: 2093-0887

Zerón A. El poder de los probióticos, prebióticos, abióticos, simbióticos, psicobióticos, y antibióticos. *Rev ADM*. 2025; 82 (2): 51-59

Zmora N, Suez J, Elinav E. (2019) You are what you eat: diet, health and the gut microbiota. *Nat. Rev. Gastroenterol. Hepatol*; 16: 35-56.

Agradecimientos: Agradezco a la Dra. Verónica Cepeda por su paciencia y sugerencias para la redacción del artículo. También quiero agradecer al taller "Escribir para Divulgar-2023" por la asesoría y recomendaciones brindadas a lo largo del taller para poder generar parte de este artículo. Y finalmente un agradecimiento a la familia y amistades por su motivación para salir de la zona de confort y animarnos para escribir sobre la biotecnología de alimentos, un área apasionante.