


# Asociación entre la microbiota intestinal humana y la obesidad según el Índice de Masa Corporal

## *Association between human gut microbiota and obesity according to Body Mass Index*

 Alejandra V. Valdivia<sup>1</sup>  Solange Z. Sanchez<sup>2</sup>  Diana Flores-León<sup>3</sup>

dianaflores.df454@gmail.com 

1.-Universidad Le Cordon Bleu. Lima, Perú

2.-EsSalud. Lima, Perú

3.-Instituto Nacional de Salud. Lima, Perú

Recibido: 15/03/2024

Revisado: 10/04/2024

Aceptado: 22/06/2024

Publicado: 30/06/2024

### RESUMEN

La investigación en la microbiota intestinal como una herramienta para abordar la obesidad es un campo prometedor. La influencia de la microbiota en el sistema endocrino y el metabolismo del huésped es crucial para entender cómo esta puede afectar el peso corporal. Para esta revisión, se emplearon palabras clave relevantes como “microbiota intestinal y obesidad”, “microbiota intestinal e IMC” y “composición de microbiota intestinal” en la búsqueda de artículos. Se identificaron 50 artículos en inglés y español, de los cuales se seleccionaron 15 que cumplían con los criterios de inclusión establecidos. Los estudios comparativos que analizan la microbiota intestinal en grupos de individuos de diferentes regiones del mundo, según su clasificación de IMC, son especialmente valiosos. La tecnología de secuenciación del ARNr 16S, basada en el análisis de muestras fecales, ha demostrado consistentemente una asociación significativa entre la composición de la microbiota intestinal y el IMC. Aunque aún no se han identificado bacterias específicas que contribuyan directamente a la obesidad, se han observado ciertos tipos predominantes en poblaciones con esta condición. Es importante destacar que los tipos de bacterias asociadas con la obesidad pueden variar entre estudios, aunque se pueden identificar patrones predominantes en cada clasificación de IMC, particularmente entre individuos delgados y obesos. En el contexto peruano, la carencia de estudios sobre la asociación entre la composición del microbioma intestinal y la obesidad representa una oportunidad significativa. Investigaciones futuras en Perú podrían proporcionar datos fundamentales para desarrollar estrategias efectivas de prevención y tratamiento de la obesidad en la población local.

**Palabras clave:** Microbiota intestinal, obesidad, IMC.



## ABSTRACT

Investigation about the gut microbiota as a tool to address obesity is a promising field. The influence of the microbiota on the endocrine system and host metabolism is crucial to understanding how it can affect body weight. For this review, relevant keywords such as "gut microbiota and obesity", "gut microbiota and BMI" and "gut microbiota composition" were used in the article search. 50 articles in English and Spanish were identified, of which 15 were selected that met the established inclusion criteria. Comparative studies that analyse the gut microbiota in groups of individuals from different regions of the world, according to their BMI classification, are especially valuable. 16S rRNA sequencing technology, based on the analysis of faecal samples, has consistently demonstrated a significant association between gut microbiota composition and BMI. Although specific bacteria that directly contribute to obesity have not yet been identified, certain predominant types have been observed in populations with this condition. Importantly, the types of bacteria associated with obesity can vary between studies, although predominant patterns can be identified in each BMI classification, particularly among lean and obese individuals. In the Peruvian context, the lack of studies on the association between the composition of the gut microbiome and obesity represents a significant opportunity. Future research in Peru could provide fundamental data to develop effective strategies for the prevention and treatment of obesity in the local population.

**Keywords:** Microbiota, obesity, BMI.

## INTRODUCCIÓN

De acuerdo a la Organización Mundial de la Salud (OMS), la obesidad es una enfermedad que ha generado una de las crisis sanitarias más significativas de los últimos años, (OMS 2020, OMS 2022), y ha alcanzado proporciones epidémicas con una estimación de 4 millones de muertes anuales debido a enfermedades asociadas al sobrepeso y la obesidad, tales como enfermedades cardiovasculares, diabetes, cáncer, trastornos neurológicos, enfermedades respiratorias crónicas y trastornos digestivos. De acuerdo con la Organización para la Cooperación y el Desarrollo Económicos (OCDE, 2019), se proyecta que en los próximos 30 años la obesidad resultará en una reducción de casi 3 años en la esperanza de vida.

La obesidad es una enfermedad multifactorial que se manifiesta mediante cambios fisiológicos, psicológicos y epigenéticos, además

del efecto, que tienen los alimentos altamente procesados sobre la salud. Por tanto, no se puede atribuir la obesidad y el sobrepeso simplemente a la falta de voluntad o esfuerzo individual, si no que dado que existe un conjunto de factores que influyen sobre esto, es indispensable el estudio de todos estos factores. Sin embargo, esta enfermedad es reversible, y considerando el creciente número de afectados a nivel mundial, es crucial proporcionar a las personas que la padecen todas las herramientas posibles para su tratamiento, dentro de las cuales se puede investigar la función que cumple la microbiota intestinal (Tseng, 2018).

Una herramienta potencialmente útil que se encuentra en estudio actualmente es la identificación de los microorganismos que forman parte de la microbiota intestinal y el efecto sobre el sistema endocrino y el metabolismo del huésped, lo que podría perpetuar o revertir la obesidad. La microbiota intesti-

nal comprende todos los microorganismos y su material genético que habitan en el ser humano, y los genes del microbioma intestinal representan más de tres millones, siendo más de 100 veces la cantidad de genes humanos. (Tseng, 2018). Esto subraya la complejidad del estudio de la microbiota intestinal.

Según investigaciones recientes, más del 99 % de los genes presentes en la microbiota intestinal son bacterianos, lo que indica una gran diversidad de especies bacterianas en cada individuo. *Firmicutes* y *Bacteroidetes* son los filos bacterianos dominantes en la microbiota intestinal, representando aproximadamente el 90 % de la comunidad total. (Quin, 2010).

Otros filos, como *Proteobacteria*, *Actinobacteria* y *Verrucomicrobia*, son menos dominantes. Los avances en tecnologías como el secuenciamiento de nueva generación han permitido una mejor comprensión de la composición del microbioma intestinal y sus implicaciones para la salud y la enfermedad (Pinart, 2021 y Rubio, 2020).

Realizar investigación sobre la microbiota intestinal, ofrece nuevas oportunidades para comprender y abordar la obesidad desde una perspectiva holística y multidisciplinaria, lo que puede conducir a estrategias más efectivas de prevención y tratamiento.

## MATERIALES Y MÉTODOS

Se llevó a cabo la búsqueda de artículos en las bases de datos PubMed y SCOPUS, utilizando términos relacionados con la microbiota intestinal y la obesidad, incluyendo "microbiota intestinal y obesidad", "microbiota intestinal e IMC", "microbiota intestinal", "obesidad", "composición de microbiota intestinal",

"bacterias asociadas a obesidad" y "bacterias asociadas a delgadez". Esta búsqueda arrojó un total de 50 artículos en inglés y español, de los cuales se seleccionaron 15 que cumplían con los criterios de inclusión y selección.

La búsqueda se centró en artículos de investigaciones que examinan la asociación entre la composición de la microbiota intestinal y el índice de masa corporal (IMC). Estos estudios fueron seleccionados por su relevancia y calidad, con el objetivo de proporcionar una comprensión profunda de cómo la microbiota intestinal puede influir en el estado de obesidad o delgadez de los individuos.

## Microbiota intestinal según zona geográfica

Actualmente, se busca determinar los tipos de bacterias que conforman la microbiota intestinal que se asocian a la obesidad y su contraparte, los tipos de bacterias que se asocian a la delgadez, con el fin de que en un futuro se pueda intervenir en la microbiota intestinal de manera que favorezca un peso saludable en el huésped. La composición de la microbiota depende de muchos factores como la dieta, actividad física, el uso de medicamentos, la zona geográfica donde vive la persona, entre otros. Es importante tomar en cuenta como la microbiota intestinal puede diferir dependiendo de las patologías que sufre el huésped, por ejemplo grupo de obesos sin síndrome metabólico difieren del grupo de obesos con síndrome metabólico (Chávez-Carbajal *et al.*, 2019).

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Diversos estudios comparativos han examinado la microbiota intestinal en grupos de personas de diferentes partes del mundo, clasificados según su Índice de Masa Corporal (IMC). Estos estudios, realizados predomi-

nantemente mediante el análisis de muestras fecales utilizando la tecnología de secuenciación del ARNr 16S, han encontrado consistentemente una asociación significativa entre la composición de la microbiota intestinal y el IMC (John y Mullin, 2016). Según Valdés et al. (2018), la microbiota intestinal desempeña un papel crucial en la salud al estimular el sistema inmunitario, proteger contra la invasión de agentes patógenos y obtener energía de los nutrientes. Los cambios en su composición pueden alterar la homeostasis del huésped y repercutir negativamente en su salud.

Aunque los tipos de bacterias asociadas con la obesidad varían entre diferentes estudios, es posible identificar ciertas bacterias predominantes en cada clasificación del IMC, especialmente entre individuos delgados y obesos. A continuación, se proporciona un resumen de los estudios seleccionados, clasificado por el país de origen de los participantes:

### Estados Unidos de América

Chen et al. (2016), Realizaron un estudio con 647 participantes del Biobanco de la Clínica "Mayo" reveló que en personas obesas hay un aumento en la cantidad de *Firmicutes*, *Fusobacteria* y del género *Eubacterium*, mientras que se observa una disminución de *Bacteroidetes*. Por otro lado, en el grupo de individuos delgados prevalece la familia *Christensenellaceae*.

En el estudio de Kaplan et al. (2019), se comparó la microbiota intestinal de 1 674 hispanos, de entre 18 y 74 años, residentes en los Estados Unidos. A diferencia de estudios anteriores, se observó un aumento en la proporción de *Prevotella/Bacteroides* en los participantes con obesidad, junto con un incremento de la bacteria *Acidaminococcus*. En

contraste, en este mismo grupo se registró una disminución de *Oscillospira* y *Anaerotruncus*.

### Finlandia

En el estudio de Org et al. (2017), participaron 531 hombres finlandeses. Los resultados indicaron que los participantes con un IMC alto presentaban una mayor abundancia de la familia *Tissierellaceae* y del género *Blautia*, así como una disminución en la abundancia de *Archaea* (*Methanobrevibacter*).

En contraste, en los participantes delgados predominaban las bacterias del filo *Tenericutes* y la familia *Christensenellaceae*. Además, los resultados mostraron que no hubo diferencias significativas en la proporción de *Firmicutes/Bacteroidetes*.

### Corea del sur

Yun et al. (2017), analizaron el microbioma intestinal de 1 463 sujetos coreanos clasificados según su IMC. Los resultados mostraron que en los individuos obesos predominaban las bacterias de la familia *Veillonellaceae*, mientras que la abundancia de *Akkermansia* disminuía en este grupo. En contraste, en los individuos delgados predominaban las bacterias de los géneros *Eggerthella* y *Adlercreutzia*, así como la familia *Christensenellaceae*.

### China

Gao et al. (2018), realizaron un estudio con 551 participantes chinos clasificados según su IMC. Los resultados indicaron que en las personas obesas y con sobrepeso predominaban las bacterias *Fusobacterium*, *Bifidobacterium*, *Coprococcus*, *Dialister* y *Actinobacteria*, mientras que la abundancia de *Phascolarctobacterium* disminuía en este grupo. Además, se observó un aumento de *Bacteroidetes* en los individuos obesos.

Lv *et al.* (2019), investigaron la microbiota intestinal de 28 estudiantes universitarios chinos. Los resultados mostraron que en los individuos obesos y con sobrepeso predominaba la bacteria *Parasutterella*. En contraste, en los individuos delgados predominaban las bacterias de las familias *Porphyromonadaceae*, *Acidaminococcaceae*, *Rikenellaceae*, *Desulfovibrionaceae* y los géneros *Blautia*, *Anaerotruncus*, *Parabacteroides* y *Alistipes*. No se encontró una diferencia significativa en la proporción de abundancia de *Firmicutes/Bacteroidetes*.

Duan *et al.* (2021), en la publicación “Characteristics of gut microbiota in people with obesity” analizaron la microbiota intestinal de 42 personas. Los resultados mostraron que la diversidad de la microbiota intestinal disminuía en personas con obesidad, observándose una reducción significativa en la proporción de *Firmicutes/Bacteroidetes*.

En el grupo de personas obesas, aumentaron los *Firmicutes* y se redujeron los *Bacteroidetes*. Además, los géneros *Prevotella*, *Megamonas*, *Fusobacterium* y *Blautia* aumentaron en las personas obesas, mientras que *Faecalibacterium*, *Lachnospiraceae Incertae sedis*, *Gemmiger* y *Clostridium* disminuyeron significativamente.

### Sudafrica

Oduaran *et al.* (2020), en su artículo “Gut microbiome profiling of a rural and urban South African cohort reveals biomarkers of a population in lifestyle transition” analizaron los microbiomas intestinales de 170 mujeres sudafricanas (51 de la zona de Soweto y 119 de la zona de *Bushbuckridge*) clasificadas en dos grupos: obesas y delgadas. Los géneros de bacterias encontradas en el grupo de obesos de *Bushbuckridge* son: *Prevotella*,

*Sutterella*, *Phascolarctobacterium*, *Ruminococcus*, *Clostridium*, *Alistipes*, *Acetanaerobacterium*, *Parabacteroides*, *Catenibacterium* y *Akkermansia*. Mientras que en el grupo de obesos de Soweto los géneros encontrados son: *Prevotella*, *Clostridium*, *Haemophilus*, *Oscillibacter*, *Streptococcus*, *Escherichia*, *Shigella*, *Ruminococcus*, *Sporobacter*, *Oxalobacter*, *Intestinimonas* y *Parabacteroides*. Los tipos de bacterias encontrados en cada grupo de estudio de obesos difirió según la zona geográfica significativamente.

### México

En el estudio de Chávez-Carbajal *et al.* (2019) “Gut microbiota and predicted metabolic pathways in a sample of Mexican women affected by Obesity and Obesity Plus metabolic syndrome”, se analizó la microbiota de 67 mujeres. Los resultados mostraron que en las mujeres obesas predominan los filos *Firmicutes* y *Proteobacteria*.

Las bacterias encontradas en este grupo fueron: *Faecalibacterium*, *Megamonas*, *Succinivibrio* y la familia *Lachnospiraceae*, mientras que la familia *Bacteroidaceae* disminuyó. En contraste, en las participantes delgadas predominan las bacterias del filo *Bacteroidetes*, incluyendo *Bacteroides* y *Parabacteroides*, así como el filo *Firmicutes*, con géneros como *Streptococcus*, *Staphylococcus*, *Turicibacter*, *Lactococcus*, y la familia *Erysipelotrichaceae*.

### Egipto

En el artículo de Salah *et al.* (2019), se estudió la microbiota intestinal de 60 participantes, los resultados mostraron una tendencia al aumento de *Bacteroidetes* en los participantes obesos, y una proporción significativamente mayor de *Firmicutes/Bacteroidetes* en estos individuos. A nivel de género, se observó

una mayor abundancia de *Faecalibacterium* y *Akkermansia* en los pacientes con obesidad.

### Japón

Andoh *et al.* (2016), en su artículo “Comparison of the gut microbial community between obese and lean peoples using 16S gene sequencing in a Japanese population” estudiaron la microbiota intestinal de 10 voluntarios obesos y 10 voluntarios delgados. La abundancia del filo *Bacteroidetes* y la relación B/F, no fueron diferentes entre los grupos de obesos y delgados. Los filos *Firmicutes* y *Fusobacteria* son más abundantes en obesos. Respecto a los géneros, hay un incremento de las siguientes bacterias en este grupo: *Alistipes*, *Anaerococcus*, *Corpococcus*, *Fusobacterium* and *Parvimonas*. Mientras que las bacterias predominantes en el grupo de los delgados fueron *Bacteroides*, *Desulfovibrio*, *Faecalibacterium*, *Lachnospira* and *Olsenella filiformis*.

### Italia

Borgo *et al.* (2018), analizaron la microbiota intestinal de 40 adultos, en dicho estudio se encontró que las bacterias predominantes en los individuos obesos fueron *Veillonellaceae* y *Dialister*, mientras que en los individuos delgados predominaron el género *Oscillospira* y las especies *Faecalibacterium prausnitzii* y *Flavonifractor plautii*. En el grupo de los obesos, hubo una disminución del género *Oscillospira*.

Palmas *et al.* (2021), estudiaron la microbiota intestinal de 92 voluntarios, encontrándose un incremento en la proporción *Prevotella / bacteroides*. Las bacterias que aumentaron en el grupo de los obesos fueron *Firmicutes* y se redujeron las *Bacteroidetes*. Las bacterias predominantes en el grupo de los obesos son: *Lachnospiraceae*, *Gemellaceae*, *Paenibacillaceae*, *Streptococcaceae*, *Thermicaceae*, *Gemella*, *Mitsuokella*, *Streptococcus*, *Acidaminococcus*, *Eubacterium*, *Ruminococcus*, *Megasphaera*, *Streptococcus*, *Thermicanus*, *Megasphaera* y *Veillonella*. Las bacterias que se encontraban en el mismo grupo de obesos a comparación con el grupo de delgados son: *Flavobacteriaceae*, *Porphyromonadaceae*, *Sphingobacteriaceae*, *Flavobacterium*, *Rikenella*, *Pedobacter*, *Parabacteroides*, *Bacteroides*.

Las siguientes bacterias aumentaron en el grupo de los delgados: *Porphyromonadaceae*, *Sphingobacteriaceae*, *Flavobacteriaceae* (y miembros relacionados *Sphingobacterium* y *Flavobacterium*). Las bacterias de la familia *Enterobacteriaceae*, poseedoras de actividad endotóxica, predominaron en el grupo de los obesos a comparación del grupo de las personas delgadas.

### Ucrania

Koliada *et al.* (2017), examinaron la microbiota intestinal de 61 individuos, los hallazgos revelaron que la proporción de *Firmicutes* aumentó mientras que los *Bacteroidetes* disminuyeron a medida que aumentaba el índice de masa corporal (IMC) en la muestra estudiada. Además, se observó un aumento en la relación *Firmicutes/Bacteroidetes* conforme el IMC se incrementa.

### Tailandia

Jinatham *et al.* (2018), estudiaron la microbiota intestinal de 42 voluntarios, en el grupo de las personas delgadas fueron más abundantes las siguientes bacterias: *Bacteroidetes*, *Firmicutes*, *Staphylococcus* y los metanógenos; mientras que en el grupo de personas con sobrepeso predominaron: *Christensenella minuta* y *Akkermansia muciniphila*, *Gammaproteobacteria* y las bacterias del género *Ruminococcus*.

## Irán

Ettehad, *et al.* (2020), publicaron la microbiota intestinal de 100 sujetos iraníes, los resultados mostraron un aumento significativo de la relación *Firmicutes/Bacteroidetes* en el grupo de los obesos en comparación con las personas delgadas. En el grupo de los obesos predominó *Faecalibacterium prausnitzii*, mientras que disminuyeron significativamente *Akkermansia muciniphila* y *Bifidobacterium*.

Aunque aún no se conocen bacterias específicas que contribuyan directamente a la obesidad, podemos identificar ciertos tipos que predominan en poblaciones de personas con esta condición. Las bacterias presentes en diferentes grupos humanos varían debido a factores como la ubicación geográfica y el estilo de vida. Sin embargo, en personas obesas, se han observado bacterias comunes como el filo *Firmicutes* y los géneros *Fusobacterium*, *Prevotella*, *Megamonas*, *Veillonella* y *Ruminococcus*. Por otro lado, en el grupo de personas delgadas, destaca el género *Christensenellaceae*.

## CONCLUSIONES

La dieta desempeña un papel crucial en la lucha contra la obesidad y está estrechamente relacionada con la composición de la microbiota intestinal. Se ha observado que una alimentación equilibrada y adecuada puede modular la diversidad de la microbiota intestinal, lo que a su vez impacta significativamente en el mantenimiento de un peso corporal saludable.

Los resultados de la revisión destacan que el consumo de alimentos procesados ejerce una influencia significativa en la composición de la microbiota intestinal, en contraste con el índice de masa corporal. Este hallazgo subraya la importancia de la calidad de la dieta en la modulación de la microbiota intestinal y, por ende, en el manejo del peso corporal.

Es fundamental promover hábitos alimenticios saludables y reducir el consumo de alimentos procesados en la prevención y tratamiento de la obesidad. Además, se sugiere explorar nuevas estrategias terapéuticas centradas en la modulación de la microbiota intestinal a través de la dieta. Por otro lado, aunque los tipos de bacterias asociadas con la obesidad pueden variar en diferentes estudios, es posible identificar ciertos tipos de bacterias predominantes en cada clasificación del índice de masa corporal, especialmente entre el grupo de personas delgadas y el grupo de personas obesas. Cabe mencionar que en Perú aún no se han realizado estudios sobre la asociación entre la composición de la microbiota intestinal y la obesidad. Por lo tanto, es importante llevar a cabo investigaciones en diversas regiones del país para obtener información sobre la microbiota intestinal en la población peruana y su relación con la obesidad según la clasificación del índice de masa corporal, así como su relación con la dieta consumida por grupos específicos. Estos estudios proporcionarán datos fundamentales para desarrollar estrategias efectivas de prevención y tratamiento de la obesidad en la población peruana.

## REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Andoh, A, Nishida, A, Takahashi, K, Inatomi, O, Imaeda, H, Bamba, S, Kito, K., Sugimoto, M., y Kobayashi, T. (2016). Comparison of the gut microbial community between obese and Lean Peoples using 16s gene sequencing in a Japanese population. *Journal of Clinical Biochemistry and Nutrition*. 59(1): 65–70. <https://doi.org/10.3164/jcbrn.15-152>
- Basain, J., Valdés, C., Miyar, E., Linares, H., y Martínez, A. (2015). Alteraciones en el microbiota intestinal por la dieta y su repercusión en la génesis de la obesidad. *MEDISAN*. 19(12): 1536-1546. [http://scielo.sld.cu/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S1029-30192015001200013&lng=es](http://scielo.sld.cu/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1029-30192015001200013&lng=es).
- Borgo, F., Garbossa, S., Riva, A., Severgnini, M., Luigiano, C., Benetti, A., Pontrioli, A., Morace, G., y Borghi, E. (2018). Body mass index and sex affect diverse microbial niches within the gut. *Frontiers in Microbiology*. 9. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2018.00213>
- Chávez-Carbajal, A., Nirmalkar, K., Pérez-Lizaur, A., Hernández-Quiroz, F., Ramírez-del-Alto, S., García-Mena, J., y Hernández-Guerrero, C. (2019). Gut Microbiota and Predicted Metabolic Pathways in a Sample of Mexican Women Affected by Obesity and Obesity Plus Metabolic Syndrome. *International Journal of Molecular Sciences*. 20(2):438. <https://doi.org/10.3390/ijms20020438>
- Chen, J., Ryu, E., Hathcock, M., Ballman, K., Chia, N., Olson, J., y Nelson, H. (2016). Impact of demographics on human gut microbial diversity in a US Midwest population. *PeerJ* 4: e1514 <https://doi.org/10.7717/peerj.1514>
- Ching-Hung, T., y Chun-Ying, W. (2019). The gut microbiome in obesity. *Journal of the Formosan Medical Association*. 118 (1) S3-S9
- Davis, J., Collier, F., Mohebbi, M., Stuart, A., Loughman, A., Pasco, J., y Jacka, F. (2020). Obesity, *Akkermansia muciniphila*, and Proton Pump inhibitors: Is there a link? *Obesity Research and Clinical Practice*. 14(6):524–30. <https://doi.org/10.1016/j.orcp.2020.10.006>
- Duan, M., Wang, Y., Zhang, Q., Zou, R., Guo, M., y Zheng, H. (2021). Characteristics of gut microbiota in people with obesity. *PLOS ONE*. 16(8). <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0255446>
- Ettehad, F., Moshiri, A., Sadat, M., Riazi, S., Taati, M., Sadati, S., Ghaheri, A., Masoomi, M., Vaziri, F., Fatet, A., Rohani, P., Tarashi, S., Masotti, A., Badi, S., y Siadat, S. (2020). The first report of differences in gut microbiota composition between obese and normal weight Iranian subjects. *Iranian Biomedical Journal*. 24(3):148–54. <https://doi.org/10.29252/ibj.24.3.148>



- Gao X, Zhang M, Xue J, Huang J, Zhuang R, Zhou X, Zhang, H., Fu, Q., y Hao, Y. (2018). Body mass index differences in the gut microbiota are gender specific. *Frontiers in Microbiology*. 9. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2018.01250> <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0929664618304376?via%3Dihub#bib9>
- Jinatham, V., Kullawong, N., Kespechara, K., Gentekaki, E., y Popluechai, S. (2018). Comparison of gut microbiota between lean and obese adult Thai individuals. *Microbiology and Biotechnology Letters*. 46(3):277–87. <https://doi.org/10.4014/mbl.1711.11003>
- John, G., y Mullin, G. (2016). The Gut Microbiome and Obesity. *Current Oncology Reports*. 18(45). <https://doi.org/10.1007/s11912-016-0528-7>
- Junjie, Q., Ruiqiang, L., Jeroen, R., Manimozhiyan, A., Kristoffer, S., Chaysavanh, M., Trine N., Nicolas, P., Levenez, F., Takuji Y., Mende, D., Junhua, L., Junming, X., Shaochuan, L., Dongfang, L., Jianjun, C., Bo, W., Huiqing, L., Huisong, Z ... Wang, J. (2010). A human gut microbial gene catalogue established by metagenomic sequencing. *Nature*. 464(7285): 59–65. <https://doi.org/10.1038/nature08821>
- Kaplan, R., Wang, Z., Usyk, M., Sotres-Alvarez, D., Daviglius, M., Schneiderman, N., Gregory, A., Talavera, M., Gellman, B., Jee-Young M., Vázquez-Baeza, Y., McDonald, D., Williams-Nguyen, J., Wu, M., North, K., Shaffer, J., Christopher, C., Qibin, S., Isasi, C. ... Burk, R. (2019). Gut microbiome composition in the Hispanic Community Health Study/ study of Latinos is shaped by geographic relocation, environmental factors, and obesity. *Genome Biology*. 20(1). <https://doi.org/10.1186/s13059-019-1831-z>
- Koliada, A., Syzenko, G., Moseiko, V., Budovska, L., Puchkov, K., Perederiy, V., Gavalko, Y., Dorofeyev, A., Romanenko, M., Tkach, S., Sineok, L., Lushchak, O., y Vaiserman, A. (2017). Association between body mass index and Firmicutes/Bacteroidetes Ratio in an adult Ukrainian population. *BMC Microbiology*. 17(1). <https://doi.org/10.1186/s12866-017-1027-1>
- Lv, Y., Qin, X., Jia, H., Chen, S., Sun, W., y Wang, X. (2019). The association between gut microbiota composition and BMI in Chinese male college students, as analysed by next-generation sequencing. *British Journal of Nutrition*. 122(9), 986–995. doi:10.1017/S0007114519001909
- Oduaran, O., Tamburini, F., Sahibdeen, V., Brewster, R., Gómez-Olivé, F., Kahn, K. A., Norris, S. M., Tollman, R., Twine, A. N., Wade, R. G., Wagner, Z., Lombard, A., y Hazelhurst, S. (2020). Gut microbiome profiling of a rural and urban South African cohort reveals biomarkers of a population in lifestyle transition. *BMC Microbiology*. 20(1). <https://doi.org/10.1186/s12866-020-02017-w>

- Org, E., Blum, Y., Kasela, S., Mehrabian, M., Kuusisto, J., Kangas, A.J., Pasi, S., Zeneng, W., Ala-Korpela, S., Markku, L., y Aldons, J. (2017). Relationships between gut microbiota, plasma metabolites, and metabolic syndrome traits in the METSIM cohort. *Genome Biology*. 18(1). <https://doi.org/10.1186/s13059-017-1194-2>
- Organisation for Economic Co-operation and Development (OECD). (2019). The Heavy Burden of Obesity: The Economics of Prevention, OECD Health Policy Studies, OECD Publishing, <https://doi.org/10.1787/67450d67>
- Organización Mundial de la Salud (OMS). (2020). Obesidad. [https://www.who.int/es/health-topics/obesity#tab=tab\\_1](https://www.who.int/es/health-topics/obesity#tab=tab_1)
- Organización Mundial de La Salud. (2022). A different scale: Global action to address obesity. <https://www.who.int/news-room/events/detail/2022/05/24/default-calendar/a-different-scale-global-action-to-address-obesity>
- Palmas, V., Pisanu, S., Madau, V., Casula, E., Deledda, A., Cusano, R., Uva, S., Vascellari, A., Loviselli, A., Manzin, A., y Velluzzi, F. (2021). Gut microbiota markers associated with obesity and overweight in Italian adults. *Scientific Reports*. 11(1). <https://doi.org/10.1038/s41598-021-84928-w>
- Pinart, M., Dötsch, A., Schlicht, K., Laudes, M., Bouwman, J., Forslund, S.K., Pischon, T., y Nimptsch, K. (2022). Gut Microbiome Composition in Obese and Non-Obese Persons: A Systematic Review and Meta-Analysis. *Nutrients*. 14 (12). <https://doi.org/10.3390/nu14010012>
- Rubio, S., Pacheco-Orozco, R. A., Gómez, A. M., Perdomo, S., y García-Robles, R. (2020). Secuenciación de Nueva Generación (NGS) de adn: Presente y futuro en la práctica clínica. *Universitas Médica*. 61(2). <https://doi.org/10.11144/Javeriana.umed61-2.sngs>
- Salah, M., Azab, M., Ramadan, A., y Hanora, A. (2019). New insights on obesity and diabetes from gut microbiome alterations in Egyptian adults. *OMICS: A Journal of Integrative Biology*. 23(10):477–85. <https://doi.org/10.1089/omi.2019.0063>
- Yun, Y., Kim, H., Kim, S. E., Heo, S. G., Chang, Y., Ryu, S., Shin, H., y Hyung-Lae, K. (2017). Comparative analysis of gut microbiota associated with body mass index in a large Korean cohort. *BMC Microbiology*. 17(1). <https://doi.org/10.1186/s12866-017-1052-0>