

UNIVERSIDAD TÉCNICA DE AMBATO

FACULTAD DE CIENCIAS DE LA SALUD

CARRERA DE LABORTORIO CLÍNICO

¨MICROBIOMA INTESTINAL EN DIABETES TIPO 2: ESTUDIOS METAGENÓMICOS, CORRELACIONES CLÍNICAS Y SU POTENCIAL DIAGNÓSTICO EN EL LABORATORIO CLÍNICO¨

Requisito previo para optar por el Título de Licenciada en Laboratorio Clínico

Modalidad: Artículo Científico

Autora: Gaibor Yanchatuña, Cynthia Pamela

Tutora: Bqf. Mg. Ramos Ramírez, Martha Cecilia

Ambato – Ecuador

Enero 2026

APROBACIÓN DEL TUTOR

En mi calidad de Tutora del Artículo Científico sobre el tema:

¨MICROBIOMA INTESTINAL EN DIABETES TIPO 2: ESTUDIOS METAGENÓMICOS, CORRELACIONES CLÍNICAS Y SU POTENCIAL DIAGNÓSTICO EN EL LABORATORIO CLÍNICO¨ desarrollado por Gaibor Yanchatuña Cynthia Pamela, estudiante de la Carrera de Laboratorio Clínico, considero que reúne los requisitos técnicos, científicos y corresponden a lo establecido en las normas legales para el proceso de graduación de la Institución; por lo mencionado autorizo la presentación de la investigación ante el organismo pertinente, para que sea sometido a la evaluación de docentes calificadores designados por el H. Consejo Directivo de la Facultad de Ciencias de la Salud.

Ambato, Enero 2026

LA TUTORA



Ramos Ramírez, Martha Cecilia

AUTORÍA DEL TRABAJO DE TITULACIÓN

Los criterios emitidos en el Artículo de Revisión ¨**MICROBIOMA INTESTINAL EN DIABETES TIPO 2: ESTUDIOS METAGENÓMICOS, CORRELACIONES CLÍNICAS Y SU POTENCIAL DIAGNÓSTICO EN EL LABORATORIO CLÍNICO**¨, como también los contenidos, ideas, análisis, conclusiones, son de autoría y exclusiva responsabilidad de la compareciente, los fundamentos de la investigación se han realizado en base a recopilación bibliográfica y antecedentes investigativos

Ambato, Enero 2026

LA AUTORA



Gaibor Yanchatuña Cynthia Pamela

CESIÓN DE DERECHOS DE AUTOR

Yo, Bqf. Mg. Ramos Ramírez Martha Cecilia con CC: 1803282209 en calidad de autora y titular de los derechos morales y patrimoniales del trabajo de titulación **¨MICROBIOMA INTESTINAL EN DIABETES TIPO 2: ESTUDIOS METAGENÓMICOS, CORRELACIONES CLÍNICAS Y SU POTENCIAL DIAGNÓSTICO EN EL LABORATORIO CLÍNICO¨.** Autorizo a la Universidad Técnica de Ambato, para que haga de este Artículo de Revisión o parte de él, un documento disponible con fines netamente académicos para su lectura consulta y procesos de investigación.

Cedo una licencia gratuita e intransferible, así como los derechos patrimoniales de mi Artículo de Revisión a favor de la Universidad Técnica de Ambato con fines de difusión pública; y se realice su publicación en el repositorio Institucional de conformidad a lo dispuesto en el Art. 144 de la Ley Orgánica de Educación Superior, siempre y cuando no suponga una ganancia económica y se realice respetando mis derechos de autora, sirviendo como instrumento legal este documento como fe de mi completo consentimiento.

Ambato, Enero 2026

Martha Cecilia Ramos Ramirez
Time Stamping Security Data

.....

Ramos Ramírez Martha Cecilia

CC: 1803282209

CESIÓN DE DERECHOS DE AUTOR

Yo, Gaibor Yanchatuña Cynthia Pamela con CC: 1804948113 en calidad de autora y titular de los derechos morales y patrimoniales del trabajo de titulación ¨**MICROBIOMA INTESTINAL EN DIABETES TIPO 2: ESTUDIOS METAGENÓMICOS, CORRELACIONES CLÍNICAS Y SU POTENCIAL DIAGNÓSTICO EN EL LABORATORIO CLÍNICO**¨. Autorizo a la Universidad Técnica de Ambato, para que haga de este Artículo de Revisión o parte de él, un documento disponible con fines netamente académicos para su lectura consulta y procesos de investigación.

Cedo una licencia gratuita e intransferible, así como los derechos patrimoniales de mi Artículo de Revisión a favor de la Universidad Técnica de Ambato con fines de difusión pública; y se realice su publicación en el repositorio Institucional de conformidad a lo dispuesto en el Art. 144 de la Ley Orgánica de Educación Superior, siempre y cuando no suponga una ganancia económica y se realice respetando mis derechos de autora, sirviendo como instrumento legal este documento como fe de mi completo consentimiento.

Ambato, Enero 2026



.....

Gaibor Yanchatuña Cynthia Pamela

CC: 1804948113

APROBACIÓN DEL TRIBUNAL EXAMINADOR

Los miembros del Tribunal Examinador aprueban en el informe del Proyecto de Investigación: ¨**MICROBIOMA INTESTINAL EN DIABETES TIPO 2: ESTUDIOS METAGENÓMICOS, CORRELACIONES CLÍNICAS Y SU POTENCIAL DIAGNÓSTICO EN EL LABORATORIO CLÍNICO**¨, de Cynthia Pamela Gaibor Yanchatuña, estudiante de la Carrera de Laboratorio Clínico.

Ambato, Enero 2026

Parar su constancia firma

……

Presidente

.....…… .....…….

1er Vocal 2 do Vocal

Depósito Legal e: ME2016000090 / ISSNe: 2610-797X
GICOS
Revista del Grupo de Investigación en Comunidad y Salud
UNIVERSIDAD DE LOS ANDES VENEZUELA
Departamento de Medicina Preventiva y Social
Facultad de Medicina - Mérida, Venezuela

Mérida, Venezuela 07 de diciembre de 2025

Estimados autores: Gaibor, Cynthia[1], Ramos, Martha[1]

[1]Universidad Técnica de Ambato, Ambato, Ecuador.

Correo-e de correspondencia: cgaibor8113@uta.edu.ec

La presente tiene por objeto informar que el artículo de revisión: *MICROBIOMA INTESTINAL EN DIABETES TIPO 2: ESTUDIOS METAGENÓMICOS, CORRELACIONES CLÍNICAS Y SU POTENCIAL DIAGNÓSTICO EN EL LABORATORIO CLÍNICO* luego de ser evaluado cumplió con las normas establecidas por la Revista GICOS, Facultad de Medicina, Universidad de Los Andes (Mérida, Venezuela), la cual se encuentra indizada en el Sistema Regional de Información en Línea para Revistas Científicas de América Latina, el Caribe, España y Portugal (Latindex), Actualidad Iberoamericana, Índice y Biblioteca Electrónica de Revistas Venezolanas de Ciencia y Tecnología (Revencyt), Google Académico, Information Matrix for the Analysis of Journals (MIAR), ERIH PLUS, Directory of Research Journals Indexing (DRJI), AmeliCA, Red Latinoamericana de Revistas (LatinREV – FLACSO, Argentina), PKP Index, Index Copernicus, CiteFactor, ESJIndex, Red de Bibliotecas Universitarias Españolas (REBIUN), Advanced Science Index (ASI), Root Indexing, Electronic Journals Library (EZB), además de las Bases de Datos Sociedad Iberoamericana de Información Científica (SIIC Data Bases), Dialnet, Red Iberoamericana de Innovación y Conocimiento Científico (REDIB), Directory of Open Access Journals (DOAJ), Periódica-BIBLAT, Europub, Redalyc. Por lo tanto, el artículo fue aceptado, aprobado y será publicado para el Volumen 11, Número 1, correspondiente a enero-abril de 2026 y se mostrará en la URL http://erevistas.saber.ula.ve/gicos/

Sin otro particular.
Atentamente,



Prof. Joan Fernando Chipia Lobo, PhD.
Editor Jefe de la Revista GICOS

DEDICATORIA

Dedico este trabajo, en primer lugar, a Dios, por darme la vida, la fortaleza y la fe necesarias para no rendirme en los momentos más difíciles, y por recordarme que cada meta llega en el momento indicado y con un propósito mayor. Gracias por guiar mis pasos y sostenerme incluso cuando las fuerzas parecían agotarse.

A mi hija, quien es mi mayor bendición y la razón más profunda de cada esfuerzo realizado. Su existencia le dio sentido a este camino y me impulsó a seguir adelante con valentía, amor y esperanza.

A mi pareja Diego, por su apoyo constante, su comprensión y paciencia durante este proceso, por creer en mí incluso en los momentos de mayor cansancio y por acompañarme con amor en cada etapa de este logro.

A mis abuelitos, Mario y Martha, por su amor incondicional, por cuidarme, guiarme y creer en mí cuando más lo necesitaba. Su apoyo y confianza fueron un pilar fundamental para alcanzar este objetivo.

A mi mamá, por su ejemplo de fortaleza y perseverancia, y a mi papá, porque su apoyo hizo posible culminar esta etapa de mi formación académica.

A mis tías Diana, Ali, y a mi tío Omar, por su acompañamiento constante, sus consejos y su respaldo en cada etapa de este proceso.

Finalmente, me dedico este logro a mí misma, por no rendirme, por levantarme después de cada obstáculo y por seguir adelante con determinación, aun cuando el camino parecía difícil. Este trabajo representa el fruto de mi esfuerzo, constancia y crecimiento personal.

Gaibor Yanchatuña, Cynthia Pamela

AGRADECIMIENTO

Agradezco, en primer lugar, a Dios, por concederme la salud, la fortaleza y la sabiduría necesarias para culminar esta importante etapa de mi vida académica.

A mi familia, por su apoyo incondicional, su comprensión y su amor constante, que fueron una fuente permanente de motivación durante todo este proceso.

A mi pareja Diego, por su acompañamiento, paciencia y palabras de aliento, por estar presente en los momentos de cansancio y celebrar conmigo cada avance alcanzado.

A mis amigos Sofí, Evelin, Gaby, Micaela, Ibeth, Joel y Anderson, por su compañía, apoyo sincero y ánimo constante, que hicieron este camino más llevadero y significativo.

Expreso mi gratitud a la Universidad Técnica de Ambato y a la Carrera de Laboratorio Clínico, por brindarme una formación académica y humana que contribuyó de manera fundamental a mi desarrollo profesional.

De manera muy especial, agradezco a mi tutora, Bq. Mg. Martha Cecilia Ramos Ramírez, por su orientación, paciencia y compromiso durante todo el proceso de investigación, así como por compartir sus conocimientos con profesionalismo y dedicación.

Finalmente, agradezco a todos los docentes que formaron parte de mi trayectoria académica, por sus enseñanzas y por aportar de manera significativa a mi formación.

Gaibor Yanchatuña, Cynthia Pamela

¨MICROBIOMA INTESTINAL EN DIABETES TIPO 2: ESTUDIOS METAGENÓMICOS, CORRELACIONES CLÍNICAS Y SU POTENCIAL DIAGNÓSTICO EN EL LABORATORIO CLÍNICO¨

RESUMEN

La microbiota intestinal desempeña un papel fundamental en el equilibrio metabólico y en la fisiopatología de la diabetes mellitus tipo 2 (DM2). Esta revisión analizó evidencia proveniente de estudios clínicos, metagenómicos y revisiones especializadas para identificar los patrones microbianos asociados a la enfermedad y su potencial uso diagnóstico. Los estudios revisados coinciden en que la DM2 se relaciona con una disminución de la diversidad microbiana, reducción de bacterias productoras de ácidos grasos de cadena corta y mayor presencia de microorganismos proinflamatorios. Asimismo, la evidencia metagenómica demuestra que ciertos perfiles bacterianos pueden predecir el riesgo de desarrollar DM2 antes de la manifestación clínica, lo que refuerza su valor como biomarcadores tempranos. También se identificó que intervenciones como dietas ricas en fibra, probióticos y prebióticos pueden modular favorablemente la microbiota y mejorar el metabolismo glucémico. Aunque aún existen limitaciones metodológicas que dificultan su implementación clínica, el análisis del microbioma intestinal representa un enfoque prometedor para el laboratorio clínico y para el desarrollo de estrategias terapéuticas más precisas

PALABRAS CLAVES: MICROBIOMA, MICROBIOTA INTESTINAL, METAGENÓMICA, DIABETES MELLITUS TIPO 2, DISBIOSIS**.**

¨MICROBIOMA INTESTINAL EN DIABETES TIPO 2: ESTUDIOS METAGENÓMICOS, CORRELACIONES CLÍNICAS Y SU POTENCIAL DIAGNÓSTICO EN EL LABORATORIO CLÍNICO¨

ABSTRACT

The gut microbiota plays a key role in the metabolic balance and pathophysiology of type 2 diabetes mellitus (DM2). This review analysed evidence from clinical studies, metagenomics and specialist reviews to identify the microbial patterns associated with the disease and their potential diagnostic use. The studies reviewed agree that DM2 is related to a decrease in microbial diversity, a reduction in bacteria that produce short-chain fatty acids, and a greater presence of pro-inflammatory microorganisms. Metagenomic evidence also demonstrates that certain bacterial profiles can predict the risk of developing DM2 before clinical manifestation, reinforcing their value as early biomarkers. It was also identified that interventions such as diets rich in fiber, probiotics and prebiotics can favorably modulate the microbiota and improve glycemic metabolism. Although there are still methodological limitations that hinder its clinical implementation, gut microbiome analysis represents a promising approach for the clinical laboratory and for the development of more precise therapeutic strategies.

KEY WORDS: MICROBIOME, GUT MICROBIOTA, METAGENOMICS, TYPE 2 DIABETES MELLITUS, DYSBIOSIS.

INTRODUCCIÓN

La microbiota intestinal se reconoce actualmente como un componente esencial en el mantenimiento de la homeostasis metabólica, inmunológica y endocrina del organismo. Diversos estudios describen que esta comunidad microbiana, compuesta por billones de microorganismos, actúa como un "órgano metabólico" debido a su influencia en funciones como la fermentación de carbohidratos, la producción de ácidos grasos de cadena corta (AGCC) y la regulación del sistema inmunitario (Zuñiga-Orozco et al., 2023; Moreno Calderón, 2022). En individuos sanos, la microbiota contribuye al equilibrio energético, la integridad intestinal y la modulación inflamatoria, aspectos fundamentales para preservar el estado metabólico general.

En el contexto de enfermedades crónicas, la diabetes mellitus tipo 2 (DM2) ha mostrado una asociación estrecha con alteraciones en la composición y funcionalidad de la microbiota intestinal. Martínez Colarossi et al. (2022) señalan que los pacientes con DM2 presentan una disbiosis caracterizada por una menor diversidad microbiana, reducción de bacterias beneficiosas como Faecalibacterium prausnitzii y Akkerma9 nsia muciniphila, y un aumento de microorganismos proinflamatorios. Estas modificaciones contribuyen a la resistencia a la insulina, la inflamación sistémica de bajo grado y la desregulación glucémica, procesos centrales en la fisiopatología de la DM2.

Los avances en metagenómica han permitido identificar perfiles microbianos específicos asociados a riesgo cardiometabólico. Vals-Delgado (2022) demostró que ciertas firmas microbianas pueden predecir la aparición de DM2 antes de que los marcadores clínicos tradicionales, como glucosa o HbA1c, se encuentren alterados. Esta evidencia sugiere que la microbiota no solo refleja el estado metabólico existente, sino que puede servir como un biomarcador temprano de riesgo (Martínez Colarossi et al., 2022). De igual forma, estudios

realizados en poblaciones latinoamericanas, como el de Campoverde Semiterra (2023), refuerzan la relación entre microbiota y control glucémico, mostrando patrones microbianos distintos según el grado de control metabólico.

Además del valor diagnóstico, la modulación de la microbiota intestinal a través de intervenciones dietéticas, probióticos, prebióticos o trasplante de microbiota fecal ha demostrado mejorar parámetros glucémicos y reducir la inflamación subclínica (Baars et al., 2024). Sin embargo, la variabilidad entre individuos sugiere que estas intervenciones requieren enfoques personalizados basados en perfiles microbianos, lo que abre nuevas posibilidades terapéuticas dentro de la medicina de precisión.

Dada la relevancia creciente del microbioma en el ámbito clínico, es necesario revisar la evidencia disponible sobre su relación con la DM2, incorporando hallazgos metagenómicos, correlaciones clínicas y su potencial diagnóstico. Por ello, esta revisión tiene como objetivo sintetizar el conocimiento actual sobre la microbiota intestinal en diabetes mellitus tipo 2, identificar los patrones microbianos asociados a la enfermedad y analizar su posible integración en el laboratorio clínico. Este enfoque permitirá comprender mejor su papel en la fisiopatología metabólica y su utilidad en estrategias terapéuticas innovadoras.

MÉTODOLOGÍA

La presente revisión bibliográfica se elaboró bajo un enfoque de revisión narrativa con elementos sistemáticos, orientada a sintetizar la evidencia disponible sobre la relación entre la microbiota intestinal, la disbiosis y su vínculo clínico con la diabetes mellitus tipo 2 (DM2).

Se efectuaron búsquedas en las bases de datos PubMed, Scopus, ScienceDirect, Web of Science y Google Scholar como plataforma complementaria. Se utilizaron combinaciones de descriptores MeSH y términos libres, tales como: “gut microbiota”, “intestinal microbiome”, “type 2 diabetes

mellitus", "metagenomics", "short-chain fatty acids", "dysbiosis" y "microbial diversity". Las ecuaciones de búsqueda incluyeron operadores booleanos para aumentar la precisión de los resultados.

Criterios de inclusión

- Investigaciones originales o revisiones científicas que analicen la relación entre el microbioma intestinal y la diabetes mellitus tipo 2.
- Estudios que utilicen técnicas modernas, como metagenómica, secuenciación de 16S rRNA o análisis metabolómicos asociados.
- Artículos publicados en inglés o español, permitiendo un acceso amplio a la literatura científica relevante.
- Publicaciones disponibles en bases de datos reconocidas: PubMed, Scopus, Web of Science, ScienceDirect, Redalyc o SciELO.
- Estudios publicados a partir del año 2015, con el fin de asegurar la actualización de la evidencia.
- Investigaciones enfocadas en población adulta, dado que esta es la más representativa en la epidemiología de la DM2.
- Artículos con acceso a texto completo, que permitan revisión detallada de metodología y resultados.

Criterios de exclusión

- Estudios con información insuficiente o que no describan claramente su metodología, resultados o conclusiones.
- Artículos de opinión, cartas al editor, resúmenes de congreso o textos sin revisión por pares.
- Publicaciones anteriores a 2015, por considerarse desactualizadas respecto a los avances recientes en microbioma.
- Trabajos con deficiencias metodológicas, tales como muestras muy pequeñas, ausencia de grupo control o diseño inadecuado.
- Estudios duplicados o que repitan datos de una misma población sin aportar nueva información.

- Artículos sin acceso a su versión completa, impidiendo su evaluación crítica.

Proceso de selección

Los artículos fueron evaluados inicialmente por título y resumen; posteriormente, los textos completos seleccionados fueron analizados para identificar:

- Composición microbiana,
- Cambios asociados a disbiosis,
- Correlaciones clínicas con parámetros metabólicos,
- Evidencia metagenómica relevante,
- Intervenciones dirigidas a modular la microbiota.

Para una mejor visualización del proceso de selección, se elaboró un diagrama de flujo adaptado al enfoque narrativo de la revisión (Figura 1).

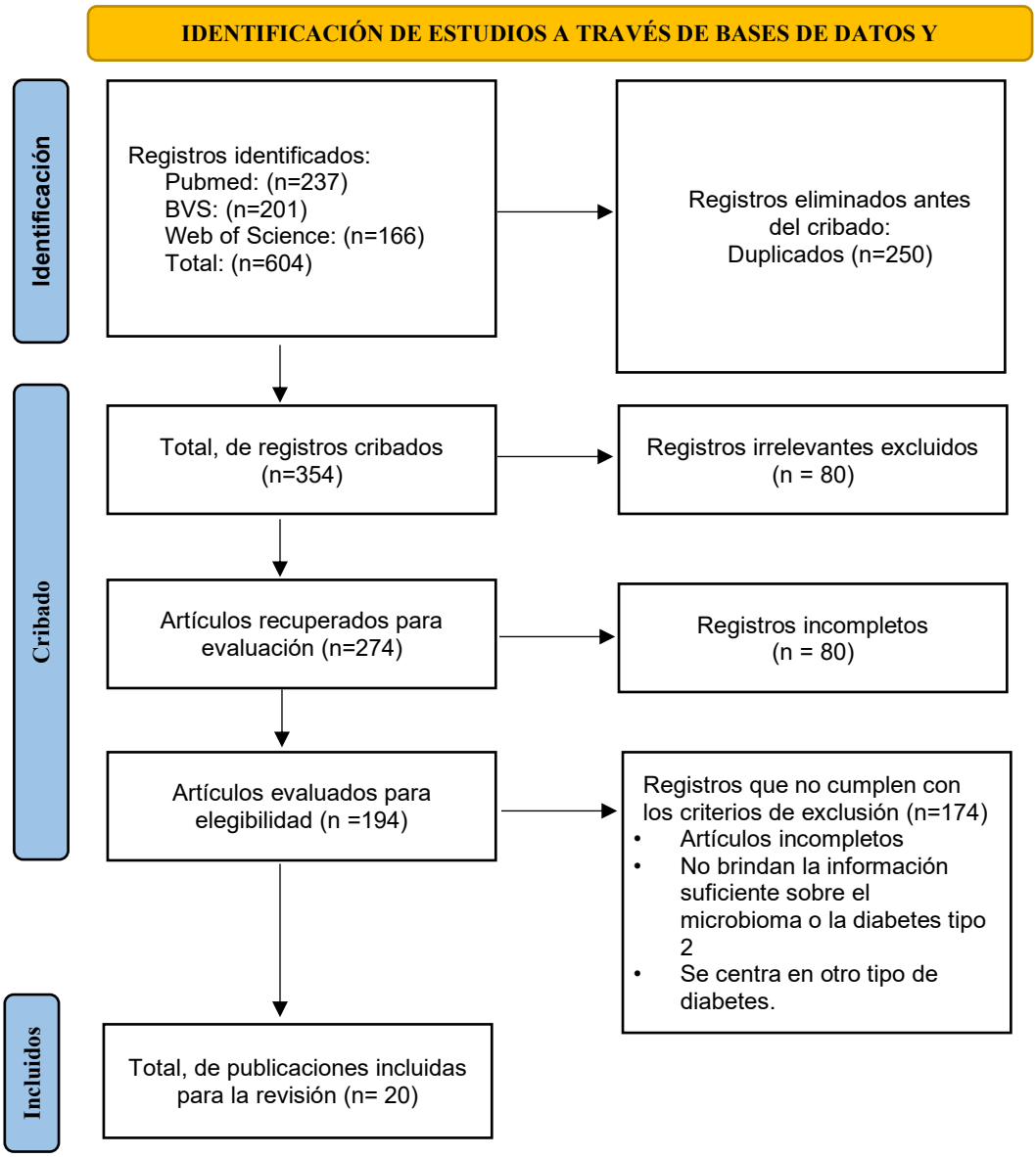


Figura 1. *Diagrama de flujo, basado en el método Prisma*

RESULTADOS

Microbiota intestinal en sujetos sanos

La microbiota intestinal se describe como una comunidad diversa de microorganismos que habita el tracto gastrointestinal y que mantiene una relación directa con la salud del ser humano. De acuerdo con Zuñiga-Orozco et al. (2023), esta comunidad cumple funciones tan relevantes en la fisiología del

organismo que muchos autores la consideran un “órgano metabólico” por su influencia en procesos digestivos, inmunológicos y energéticos. Esta evidencia permite comprender que, incluso en condiciones de normalidad, la microbiota es esencial para preservar el equilibrio del organismo.

En relación con su composición, se ha documentado que los filos Firmicutes y Bacteroidetes representan la mayor proporción de bacterias intestinales, seguidos por otros grupos como Actinobacteria y Proteobacteria, según lo reportado en estudios recientes (Zuñiga-Orozco et al., 2023; Moreno Calderón, 2022) . Además, Zuñiga-Orozco et al. (2023) explican que la microbiota intestinal puede alcanzar aproximadamente 10^{14} microorganismos, siendo el colon la región con mayor densidad microbiana debido a su ambiente favorable para la fermentación bacteriana. Con estos datos, se reconoce que la distribución microbiana es altamente dinámica y depende del ambiente fisiológico en cada parte del intestino.

La función metabólica es una de las más estudiadas. Los microorganismos intestinales fermentan carbohidratos no digeridos para producir ácidos grasos de cadena corta (AGCC) como acetato, propionato y butirato. Según Aguilera Méndez et al. (2024), estos compuestos representan una fuente energética importante para los colonocitos y participan en la regulación del metabolismo de la glucosa y los lípidos. Esta actividad evidencia que la microbiota contribuye directamente al procesamiento y aprovechamiento de nutrientes.

El sistema inmunitario también se ve influido por la microbiota. Moreno Calderón (2022) describe que una comunidad equilibrada mantiene la integridad de la barrera intestinal, regula la producción de citoquinas y limita la translocación de patógenos. Estos mecanismos sostienen una respuesta inmunológica adecuada y reducen el riesgo de inflamación crónica, aspecto clave para la salud intestino.

Otro componente relevante es la interacción entre la microbiota y el sistema nervioso central a través del eje intestino-cerebro. Moser et al. (2022) indican que metabolitos como los AGCC estimulan la liberación de hormonas reguladoras del apetito, incluyendo GLP-1 y PYY, además de influir en rutas neuronales mediadas por el nervio vago. Este vínculo demuestra la conexión entre procesos digestivos, comportamiento alimentario y regulación energética.

Finalmente, diversos factores pueden modificar la composición y funcionalidad de la microbiota. Entre ellos destacan la dieta, el uso de antibióticos, la edad y el estilo de vida. Zuñiga-Orozco et al. (2023) señalan que las dietas ricas en fibra favorecen bacterias fermentadoras, mientras que los patrones altos en grasas saturadas se asocian a un ambiente intestinal más inflamatorio. Estos elementos confirman que la microbiota es un sistema vital que se adapta a las condiciones del huésped.

Disbiosis en obesidad y diabetes mellitus tipo 2

La disbiosis intestinal se ha descrito como un cambio en la composición y funcionalidad del ecosistema microbiano, y múltiples estudios la vinculan con alteraciones metabólicas características de la obesidad y la diabetes mellitus tipo 2 (DM2). Álvarez et al. (2022), señalan que este desequilibrio suele incluir disminución de microorganismos beneficiosos, incremento de especies con potencial proinflamatorio y pérdida general de diversidad. Estos patrones sugieren un ambiente intestinal menos estable y más susceptible a la disfunción metabólica.

Diversos autores plantean que factores como dietas altas en grasas saturadas, bajo consumo de fibra y uso prolongado de antibióticos favorecen este desequilibrio microbiano. De acuerdo con Baars et al. (2024), estos elementos alteran la proporción de los filos dominantes, particularmente Firmicutes y Bacteroidetes, lo que se ha asociado a mayor susceptibilidad a la resistencia

insulínica. Estos hallazgos permiten entender la disbiosis como un componente que acompaña el deterioro metabólico.

Un rasgo repetidamente observado es la reducción de bacterias productoras de ácidos grasos de cadena corta (AGCC), entre ellas especies del género Faecalibacterium y Bifidobacterium. Martínez Colarossi et al. (2022), indican que esta disminución afecta la integridad intestinal y se asocia con niveles mayores de inflamación sistémica, un elemento relevante en la fisiopatología de la DM2. Aunque la magnitud del cambio microbiano varía entre estudios, la reducción de estas especies aparece como una tendencia común.

Paralelamente, se ha descrito un aumento de bacterias con capacidad proinflamatoria como Ruminococcus gnavus y algunas especies del género Prevotella .Solano et al. (2024) observaron que estas bacterias se encuentran en mayor proporción en personas con mal control glucémico, lo que se vincula a perfiles clínicos menos favorables. Estos cambios indican que la disbiosis no solo implica pérdida de funciones beneficiosas, sino también la presencia de microorganismos asociados a inflamación persistente.

La disminución global de la diversidad microbiana es otro aspecto señalado en la literatura. Campoverde Semiterra (2023) menciona que una diversidad reducida se relaciona con un intestino menos capaz de mantener su equilibrio y más propenso a presentar cambios desfavorables en el metabolismo. Aunque los mecanismos exactos aún se investigan, la evidencia sugiere que la pérdida de diversidad es un marcador distintivo de un estado metabólico alterado.

En conjunto, los estudios revisados muestran que la disbiosis intestinal se asocia con inflamación crónica, menor integridad de la barrera intestinal y perfiles metabólicos característicos de la DM2. Aunque las investigaciones difieren en algunos detalles taxonómicos, la tendencia general indica que los cambios microbianos forman parte del proceso metabólico alterado observado en esta enfermedad.

Tabla 1*.Principales bacterias intestinales, su función y su relación con la diabetes mellitus tipo 2.*

Autor/ Año	Bacteria / Género	Función principal en el intestino	Relación con la DM2 (según estudios revisados)	Ref
Martínez Colarossi et al. (2022); Campoverde Semiterra (2023)	*Akkermansia muciniphila*	Mantiene el moco intestinal; mejora la integridad de la barrera	↓ en DM2; menor integridad intestinal e inflamación aumentada	Martínez Colarossi et al. (2022); Campoverde Semiterra (2023)
Stoian et al. (2021); Vals-Delgado (2022)	*Faecalibacterium prausnitzii*	Productora de butirato; potente antiinflamatoria	↓ en DM2; asociada a resistencia a la insulina	Stoian et al. (2021); Vals-Delgado (2022)
Martínez Colarossi et al. (2022); Campoverde Semiterra (2023)	*Bifidobacterium spp*	Fermentación de fibra; producción de AGCC	↓ en DM2; menor producción de propionato y butirato	Martínez Colarossi et al. (2022); Campoverde Semiterra (2023)
Stoian et al. (2021)	*Roseburia spp.*	Productora de butirato	↓ en DM2; asociada a inflamación sistémica	Stoian et al. (2021)
Campoverde Semiterra	*Ruminococcus*	Asociada a inflamación	↑ en DM2; correlación con	Campoverde Semiterra

(2023)	*gnavus*	intestinal	HbA1c alta	(2023)
Moreno Calderón, (2022)	*Escherichia/Shigella*	Bacterias oportunistas; metabolismos fermentativos	↑ en disbiosis; relacionado a endotoxemia	Moreno Calderón, (2022)
Moreno Calderón, (2022)	*Prevotella spp.*	Fermentación de carbohidratos; producción de succinato	↑ en obesidad y DM2; favorece inflamación	Moreno Calderón, (2022)
Pardo et al. (2024)	*Clostridium sensu stricto*	Metabolismo proteico	↑ en DM2; altera ambiente intestinal	Pardo et al. (2024)

Nota. La flecha ↑ indica incremento o aumento del parámetro; la flecha ↓ indica disminución o reducción del parámetro**.**

Fuente. Elaboración propia.

Evidencia metagenómica en diabetes mellitus tipo 2

La metagenómica ha permitido caracterizar con mayor precisión los perfiles microbianos asociados a la diabetes mellitus tipo 2 (DM2), mostrando patrones que se repiten en diversas poblaciones. Los estudios incluidos coinciden en que la DM2 se asocia con una disminución de bacterias beneficiosas y una mayor presencia de especies vinculadas a procesos inflamatorios. Según Vals-Delgado (2022), estos cambios pueden identificarse incluso antes de que se presenten alteraciones glucémicas evidentes, lo que otorga a la metagenómica un valor predictivo relevante.

En el estudio de Vals-Delgado (2022), realizado con secuenciación 16S rRNA en el marco del proyecto CORDIOPREV, se observó que individuos que posteriormente desarrollaron DM2 presentaban menor abundancia de bacterias productoras de butirato y un perfil microbiano más proinflamatorio desde etapas tempranas. Por otro lado, Campoverde Semiterra (2023) encontró que en

pacientes con DM2 ya establecida, la reducción de Akkermansia y Bifidobacterium, junto con el aumento de Ruminococcus gnavus, se asociaba con peor control glucémico y mayor inflamación. Estas diferencias sugieren que el momento clínico del paciente influye en la magnitud y tipo de alteraciones microbianas observadas.

Martínez Colarossi et al. (2022) aportan una visión más amplia al señalar que, en diferentes estudios metagenómicos, se repiten ciertos patrones: menor diversidad, disminución de bacterias fermentadoras y aumento de especies proinflamatorias. Aunque la consistencia de estos hallazgos es alta, el autor también destaca que la variabilidad metodológica entre investigaciones dificulta una comparación totalmente homogénea. Aun así, la tendencia general respalda la asociación entre disbiosis y deterioro metabólico.

Stoian et al. (2021), complementan estos hallazgos al analizar la capacidad funcional del microbioma. Los autores indican que la menor producción de ácidos grasos de cadena corta (AGCC), especialmente butirato, podría influir en la inflamación sistémica y la alteración en la sensibilidad a la insulina observada en la DM2. Este enfoque funcional agrega un nivel adicional de interpretación, mostrando que no solo importa la composición taxonómica, sino también la actividad metabólica del ecosistema intestinal.

Finalmente, varios estudios concluyen que la metagenómica no solo permite identificar diferencias taxonómicas entre individuos sanos y diabéticos, sino que también puede reconocer firmas microbianas predictivas de progresión o mejoría de la enfermedad. Vals-Delgado (2022) mostro que el análisis metagenómico puede predecir incluso la remisión de la DM2 tras intervenciones dietéticas a largo plazo. Este hallazgo es especialmente relevante porque demuestra que la microbiota no solo refleja el estado metabólico actual, sino que también puede anticipar la respuesta a tratamientos, abriendo la puerta a estrategias de medicina personalizada.

Correlaciones clínicas entre la microbiota intestinal y los parámetros del control glucémico

La evidencia revisada muestra asociaciones consistentes entre los perfiles microbianos intestinales y los marcadores clínicos utilizados para evaluar el control glucémico. Según Vals-Delgado (2022), la composición de la microbiota se relaciona con variaciones en glucosa en ayunas, HbA1c y resistencia a la insulina, lo que sugiere un vínculo entre la disbiosis y el deterioro metabólico observado en la DM2.

Tabla 2.*Correlaciones clínicas entre la microbiota intestinal y los principales parámetros del control glucémico.*

Autor/ Año	**Parámetro clínico**	**Cambio microbiano asociado**	**Efecto metabólico reportado**	**Ref.**
Martínez Colarossi et al. (2022)	Glucosa en ayunas	↓ Diversidad microbiana total; ↓ B*ifidobacterium*, ↓ *Akkermansia*	↑ Resistencia a la insulina; menor producción de AGCC	Martínez Colarossi et al. (2022)
Campover de Semiterra (2023)	HbA1c	↑ *Ruminococcus gnavus*; ↓ *Akkermansia*, ↓ *ifidobacterium*	↑ Inflamación crónica; control glucémico deficiente	Campover de Semiterra (2023)
Stoian et al. (2021)	HOMA-IR	↓ Bacterias productoras de butirato: *Faecalibacterium prausnitzii*, *Roseburia*	↑ Permeabilidad intestinal; endotoxemia metabólica	Stoian et al. (2021)

Vals-Delgado (2022)	Triglicéridos	↓ Bacterias antiinflamatorias; ↑ géneros proinflamatorios	↑ Adiposidad, desregulación lipídica	Vals-Delgado (2022)
Pardo et al. (2024); Vals-Delgado (2022)	IMC / Adiposidad	↓ Diversidad microbiana; ↓ bacterias fermentadoras	↑ Inflamación sistémica; mayor resistencia insulínica	Pardo et al. (2024); Vals-Delgado (2022)
Vals-Delgado (2022)	Circunferencia abdominal	Perfil microbiano proinflamatorio; ↓ *Akkermansia*	↑ Riesgo cardiometabólico	Vals-Delgado (2022)

Nota. La flecha ↑ indica incremento o aumento del parámetro; la flecha ↓ indica disminución o reducción del parámetro**.**

Fuente. Elaboración propia.

Potencial diagnóstico del microbioma intestinal en el laboratorio clínico

La evidencia revisada muestra que el análisis metagenómico de la microbiota intestinal podría convertirse en una herramienta diagnóstica complementaria para la diabetes mellitus tipo 2 (DM2). Según Vals-Delgado (2022), ciertos perfiles microbianos se asocian con riesgo cardiometabólico antes de que se presenten alteraciones clínicas, lo que sugiere un potencial valor predictivo. Este enfoque ofrece información adicional a los marcadores tradicionales y abre la posibilidad de identificar sujetos en riesgo en etapas tempranas.

Una de las aplicaciones más prometedoras es la identificación de firmas microbianas, conformadas por combinaciones de bacterias cuya presencia o disminución se relaciona con perfiles metabólicos específicos. Vals-Delgado

(2022) observo que la reducción de bacterias beneficiosas y el aumento de especies proinflamatorias se relacionan con un mayor riesgo de desarrollar DM2. Esta información complementa los parámetros clínicos habituales y podría utilizarse como herramienta de apoyo en la evaluación del riesgo.

También se ha propuesto la utilidad del microbioma para orientar intervenciones personalizadas. Pardo et al. (2024) señalan que la composición microbiana puede influir en la respuesta individual a estrategias dietéticas, probióticos o medidas metabólicas, lo que permitiría adaptar tratamientos según las características del paciente. Si bien estos hallazgos aún requieren validación, sugieren que la metagenómica podría apoyar la toma de decisiones en enfoques de medicina personalizada.

Por otra parte, la evidencia revisada por Ortiz-Mejía et al. (2024), indican que el análisis del microbioma podría contribuir a diferenciar perfiles microbianos según el grado de control glucémico en pacientes con DM2. Esto podría aportar información útil en el seguimiento clínico, especialmente en situaciones donde los parámetros tradicionales no reflejan completamente el estado metabólico del paciente.

Adicionalmente, Castro Jalca et al. (2025) documentan que ciertos perfiles microbianos se han relacionado con la probabilidad de remisión metabólica en respuesta a intervenciones nutricionales a largo plazo. Este hallazgo sugiere que el microbioma podría funcionar como un indicador de pronóstico, capaz de anticipar la evolución metabólica del paciente, aunque aún requiere estudios más amplios para su implementación clínica.

En conjunto, la evidencia indica que el análisis del microbioma intestinal posee un potencial diagnóstico, pronóstico y de estratificación de riesgo en la DM2. Sin embargo, la variabilidad metodológica, la falta de estandarización y los costos de las técnicas metagenómicas limitan su uso rutinario en el laboratorio

clínico. A pesar de estas limitaciones, el microbioma representa una herramienta emergente con aplicaciones prometedoras para el abordaje integral de la diabetes mellitus tipo 2.

Intervenciones sobre la microbiota y su impacto en la diabetes mellitus tipo 2

Diversos estudios señalan que la microbiota intestinal puede modificarse mediante intervenciones dirigidas, lo que se relaciona con cambios favorables en el metabolismo glucémico. Bacardi-Sarmiento (2020) destaca que estrategias como la dieta, los probióticos, los prebióticos y otras modulaciones buscan aumentar bacterias beneficiosas y mejorar la producción de ácidos grasos de cadena corta (AGCC), elementos asociados a un perfil metabólico más saludable. Aunque la evidencia es variable, existe consenso en que estas intervenciones pueden influir positivamente en la regulación glucémica.

La dieta es uno de los moduladores más relevantes. Según Aranda Ramírez (2022), un consumo adecuado de fibra soluble favorece el crecimiento de bacterias fermentadoras como Bifidobacterium y otras especies productoras de butirato, lo cual se ha vinculado a mejor sensibilidad a la insulina y menor inflamación. Por el contrario, dietas altas en grasa saturada o pobres en fibra se asocian con disbiosis y perfiles metabólicos menos favorables, lo que subraya el papel de la alimentación como eje central en la modulación microbiana.

El uso de probióticos y prebióticos también ha mostrado resultados alentadores. Fu et al. (2025) reportan que los probióticos pueden incrementar la presencia de bacterias productoras de AGCC y reducir microorganismos proinflamatorios, mientras que los prebióticos sirven como sustrato para este tipo de bacterias. Los estudios citados describen mejoras moderadas en parámetros como la glucosa en ayunas y los triglicéridos, aunque la magnitud del efecto depende del estado inicial del microbioma.

Otra intervención emergente es el trasplante de microbiota fecal (FMT), utilizado para restaurar comunidades microbianas en pacientes con disbiosis marcada. Wang et al. (2015) indican que algunos ensayos han observado mejoras temporales en la sensibilidad a la insulina tras el FMT, aunque los resultados no son uniformes. Las diferencias entre estudios reflejan que la efectividad del procedimiento podría depender tanto de las características del donante como del receptor, lo que evidencia la necesidad de protocolos mejor estandarizados.

El análisis funcional también señala la importancia de intervenciones que aumenten la producción de AGCC. Zhang et al. (2021) mencionan que un incremento en bacterias productoras de butirato puede relacionarse con mejor regulación de la glucosa y menor inflamación sistémica, mientras que su disminución es frecuente en individuos con DM2. Esto sugiere que las estrategias que modulan la función microbiana, además de la composición, pueden tener un impacto clínico relevante.

Finalmente, dos de los estudios revisados coinciden en que las estrategias de intervención deben ser personalizadas. Gurung et al. (2020) y Vals-Delgado (2022), demostraron que ciertos perfiles microbianos pueden predecir la respuesta de un paciente a un tratamiento dietético o a modificadores de la microbiota, lo que abre la posibilidad de una medicina más individualizada. Esto significa que, en el futuro, la composición inicial de la microbiota podría guiar la elección de la intervención más efectiva para mejorar el control metabólico.

DISCUSIÓN

La evidencia revisada muestra asociaciones consistentes entre la microbiota intestinal y el estado metabólico en la diabetes mellitus tipo 2 (DM2). En general, los estudios coinciden en que los pacientes con DM2 presentan menor diversidad bacteriana, reducción de especies beneficiosas y aumento de

microorganismos vinculados a inflamación. Campoverde Semiterra (2023), Martínez Colarossi et al. (2022) y Vals-Delgado (2022) describen patrones similares en poblaciones distintas, lo que sugiere una tendencia común en el perfil microbiano asociado a la alteración metabólica. Esta convergencia respalda la relevancia de la microbiota en el contexto clínico de la DM2.

Sin embargo, las investigaciones presentan diferencias importantes respecto a la magnitud y el momento en que se observan las alteraciones microbianas Vals-Delgado (2022) reporta que ciertos perfiles microbianos pueden identificarse antes de la aparición de hiperglucemia, mientras que Campoverde Semiterra (2023) observa cambios más marcados en pacientes con DM2 ya establecida. Esta diferencia puede deberse al diseño de los estudios, ya que uno analiza cohortes prospectivas y el otro trabaja con pacientes en seguimiento clínico. La comparación sugiere que la disbiosis puede variar según el estadio metabólico, lo que implica una evolución dinámica del microbioma.

Los hallazgos funcionales también muestran puntos de coincidencia. Martínez Colarossi et al. (2022) y Stoian et al. (2021) señalan que la disminución de bacterias productoras de ácidos grasos de cadena corta, especialmente butirato, se asocia con inflamación sistémica y resistencia a la insulina. Aunque los mecanismos no se han establecido por completo, esta relación funcional aparece repetidamente en los estudios revisados. No obstante, pocos trabajos diferencian de manera detallada el papel de cada ácido graso, lo que revela una brecha relevante para futuras investigaciones.

En relación con el potencial diagnóstico, los estudios de Pardo et al. (2024) y Vals-Delgado (2022) coinciden en que los perfiles microbianos podrían aportar información adicional a los marcadores tradicionales, especialmente en la predicción del riesgo cardiometabólico o la respuesta a intervenciones dietéticas. Sin embargo, Martínez Colarossi et al. (2022) subrayan que la

variabilidad en técnicas de secuenciación y criterios de análisis limita la estandarización necesaria para su aplicación clínica inmediata. Esta diferencia en el enfoque metodológico muestra que la metagenómica tiene potencial, pero aún requiere validación y uniformidad.

Respecto a las intervenciones, la mayoría de los autores coinciden en que la dieta rica en fibra, los probióticos y los prebióticos pueden influir en la composición microbiana y mejorar parámetros metabólicos. No obstante, Pardo et al. (2024) destacan que la respuesta a estas estrategias depende del perfil microbiano individual, lo que explica la variabilidad observada entre estudios. Este punto marca una diferencia importante: mientras algunas investigaciones muestran mejoras consistentes, otras describen efectos más modestos, lo que refuerza la necesidad de un enfoque personalizado.

A pesar de los avances, esta revisión presenta limitaciones. Los estudios incluidos muestran heterogeneidad en técnicas metagenómicas, tamaño muestral, criterios de inclusión y diseño metodológico, lo que dificulta comparaciones directas. Además, gran parte de la evidencia es transversal, lo que limita la capacidad de establecer relaciones temporales o direccionales. La variabilidad poblacional también puede influir en los resultados, ya que los perfiles microbianos se aven afectados por dieta, entorno, edad y comorbilidades. Estas limitaciones enfatizan la necesidad de estudios longitudinales y estandarizados.

Finalmente, esta revisión identifica varias brechas de investigación que requieren ser atendidas. Entre ellas destacan la necesidad de estudios longitudinales que evalúen la evolución de la microbiota desde etapas previas a la DM2, la estandarización de métodos metagenómicos aplicables al laboratorio clínico y la exploración conjunta de microbiota, dieta y tratamientos farmacológicos. Asimismo, aún se requiere identificar biomarcadores microbianos que puedan integrarse a pruebas clínicas de manera rutinaria.

Estas brechas representan oportunidades importantes para avanzar hacia una medicina más personalizada y predictiva.

CONCLUSIONES

Los estudios revisados muestran que la microbiota intestinal desempeña un papel esencial en la fisiopatología de la diabetes mellitus tipo 2, especialmente por su relación con la inflamación crónica de bajo grado, la resistencia a la insulina y la alteración del metabolismo glucémico. La disminución de bacterias beneficiosas y la pérdida de diversidad microbiana son hallazgos consistentes en diferentes poblaciones estudiadas.

La evidencia metagenómica revela que ciertos perfiles microbianos pueden predecir el riesgo de desarrollar diabetes e incluso anticipar la respuesta a intervenciones dietéticas, lo que posiciona a la microbiota como un biomarcador emergente con valor diagnóstico y pronóstico. Sin embargo, la heterogeneidad metodológica limita su aplicación clínica inmediata.

Las intervenciones dirigidas a modular la microbiota, como la dieta rica en fibra, probióticos, prebióticos y estrategias emergentes como el trasplante fecal, muestran beneficios en el control glucémico, aunque su efectividad depende del perfil microbiano basal de cada individuo. Esto refuerza la necesidad de avanzar hacia enfoques personalizados.

REFERENCIAS

1) Aranda Ramírez, P. (2022). Función barrera intestinal y salud. http://www.racvao.es/
2) Aguilera Méndez, A., Martínez Alcántar, L., Estefanía, M., & Morales, C. (2024). Absorción y descomposición de nutrientes: Conociendo el sistema digestivo y la microbiota. Milenaria: Ciencia y Arte, 14(24), 15–20.
3) Álvarez, J., Fernández Real, J. M., Guarner, F., Gueimonde, M., Rodríguez, J. M., Saenz de Pipaon, M., et al. (2022). Gut microbes and health.

Gastroenterología y Hepatología, 44, 1–10. https://www.elsevier.es/gastroenterologia

4) Baars, D. P., Fondevila, M. F., Meijnikman, A. S., & Nieuwdorp, M. (2024). The central role of the gut microbiota in the pathophysiology and management of type 2 diabetes. Cell Host and Microbe, 32(12), 1280–1300.
5) Bacardi-Sarmiento, E. (2020). Efectos de los probióticos, prebióticos y simbióticos sobre la microbiota intestinal. http://www.revestusalud.sld.cu/index.php/estusalud/article/view/67
6) Campoverde Semiterra, D. A. (2023). Microbiota intestinal en el control glucémico de pacientes con diabetes mellitus tipo 2 (Tesis de grado). Universidad Nacional de Chimborazo.
7) Castro Jalca, J. E., Pin Pillasagua, F. A., Paredes Vite, M. F., Quimis Tigua, A. M., & Evelyn Isabel, S. V. (2025). Microbioma y las enfermedades metabólicas con énfasis en la obesidad y diabetes. Estudios y Perspectivas. Revista Científica y Académica, 5(1), 3503–3529.
8) Fu, L., Baranova, A., Cao, H., & Zhang, F. (2025). Gut microbiome links obesity to type 2 diabetes: Insights from Mendelian randomization. BMC Microbiology, 25(1).
9) Gurung, M., Li, Z., You, H., Rodrigues, R., Jump, D. B., Morgun, A., et al. (2020). Role of gut microbiota in type 2 diabetes pathophysiology. EBioMedicine, 51, 102590.
10) Moreno Calderón, X. (2022). Disbiosis en la microbiota intestinal. GEN, 76(1), 1–8. https://www.researchgate.net/publication/366015727
11) Martínez Colarossi, G. J., Melean López, Z. L. D. L. C., & Carrera Viñoles, F. J. (2022). Microbiota intestinal en pacientes con diabetes mellitus: Análisis de la evidencia actual. Revista Científica CMDLT, 15(1), 1–12.
12) Moser, B., Milligan, M. A., & Dao, M. C. (2022). The microbiota-gut-brain axis: Clinical applications in obesity and type 2 diabetes. Revista de Investigación Clínica, 74(6), 302–313.

13) Ortiz-Mejía, P. F., Peña-Cordero, S. J., & Salazar-Torres, Z. K. (2024). Disbiosis intestinal, obesidad y diabetes tipo 2: Una revisión de alcance. MQRInvestigar, 8(2), 3649–3676

14) Pardo, A., Tutelado, S., & Chaib, B. (2024). Microbiota intestinal y diabetes mellitus tipo 2: Correlaciones y nuevas estrategias terapéuticas (Trabajo de fin de grado). Universidad San Jorge.

15) Solano, D. M., Valerio Vega, M., & Chacón, S. M. (2024). El rol de la microbiota intestinal en la salud y enfermedad humana: Una revisión exhaustiva. Revista Científica de Salud BIOSANA, 4, 211–218. https://orcid.org/0009-0001-4297-719X

16) Stoian, S., Vicente, C., & Andrés, J. (2021). Relación de los ácidos grasos de cadena corta con la diabetes mellitus tipo 2: Revisión sistemática (Trabajo final de grado). Universidad Europea.

17) Vals-Delgado, C. (2022). La microbiota intestinal como factor predictivo asociado al desarrollo y remisión de la diabetes mellitus tipo 2: Estudio CORDIOPREV. Universidad de Córdoba. https://www.uco.es/ucopress/index.php/es/

18) .Wang, W. L., Xu, S. Y., Ren, Z. G., Tao, L., Jiang, J. W., & Zheng, S. S. (2015). Application of metagenomics in the human gut microbiome. World Journal of Gastroenterology, 21, 803–814.

19) Zhang, L., Chu, J., Hao, W., Zhang, J, Li, H., Yang, C., et al. (2021). Gut microbiota and type 2 diabetes mellitus: Association, mechanism, and translational applications. Mediators of Inflammation, 2021, 1–15.

20) Zuñiga-Orozco, A., Rodríguez, M. M. O., de Lima, T. S. P., Pérez, V. A., & Jiménez, K. R. (2023). Importancia del microbioma en la salud humana y aplicaciones médicas. Salud(i)Ciencia, 25(1), 271–279.