

UNIVERSIDAD HISPANOAMERICANA
CARRERA DE NUTRICIÓN

Tesis para optar por el grado académico de
Licenciatura en Nutrición

EFECTOS DE LOS PATRONES
DIETÉTICOS Y NUTRICIONALES DE LOS
VEGETARIANOS Y OMNÍVOROS SOBRE
LA MICROBIOTA INTESTINAL,
MEDIANTE UNA REVISIÓN
SISTEMÁTICA

YU-LIN TAI

MAYO, 2021

TABLA DE CONTENIDO

ÍNDICE DE TABLAS.....	4
ÍNDICE DE FIGURAS.....	4
RESUMEN.....	5
ABSTRACT.....	6
CAPÍTULO I: PROBLEMA DE INVESTIGACIÓN.....	7
1.1 PLANTEAMIENTO DEL PROBLEMA.....	8
1.1.1. Antecedentes del problema.....	8
1.1.2. Delimitación del problema.....	16
1.1.3. Justificación.....	17
1.2. REDACCIÓN DEL PROBLEMA CENTRAL: PREGUNTA DE INVESTIGACIÓN.....	18
1.3. OBJETIVOS DE LA INVESTIGACIÓN.....	19
1.3.1. Objetivo general.....	19
1.3.2. Objetivos específicos.....	19
1.4. ALCANCES Y LIMITACIONES.....	20
1.4.1. Alcances de la investigación.....	20
1.4.2. Limitaciones de la investigación.....	20
CAPÍTULO II: MARCO TEÓRICO.....	21
2.1. Patrón dietético y nutricional.....	22
2.1.1. Nutrientes.....	23
2.1.2. Dieta omnívora.....	28
2.1.3. Dieta vegetariana.....	28
2.1.4. Impacto de las dietas vegetariana y omnívora en la salud.....	31
2.2. Microbiota intestinal.....	34
2.2.1. Composición de la microbiota intestinal.....	35
2.2.2. Factores que modifica la composición de la microbiota intestinal.....	38
2.2.3. Función de la microbiota intestinal.....	45
CAPÍTULO III: MARCO METODOLÓGICO.....	51
3.1. ENFOQUE DE INVESTIGACIÓN.....	52
3.2. TIPO DE INVESTIGACIÓN.....	52
3.3. UNIDADES DE ANÁLISIS U OBJETOS DE ESTUDIO.....	52
3.3.1. Área de estudio.....	53
3.3.2. Fuentes de información primaria y secundaria.....	53
3.3.3. Población.....	53
3.3.4. Muestra.....	53
3.3.5. Criterios de inclusión y exclusión.....	55
3.4. INSTRUMENTO PARA LA RECOLECCIÓN DE DATOS.....	55

3.5. DISEÑO DE LA INVESTIGACIÓN.....	57
3.5.1. Términos, descriptores y palabras claves.....	57
3.6. OPERACIONALIZACIÓN DE VARIABLES	59
3.7. PLAN PILOTO	60
3.8. REVISIÓN SISTEMÁTICA.....	61
3.9. PROCEDIMIENTOS DE RECOLECCIÓN DE DATOS.....	65
3.9.1. Revisión bibliográfica.....	65
3.9.2. Datos de la revisión sistemática.....	66
3.10. ORGANIZACIÓN DE LOS DATOS.....	66
CAPÍTULO IV: PRESENTACIÓN DE RESULTADOS	69
4.1. RESULTADOS DE LA INVESTIGACIÓN	70
4.1.1. Características sociodemográficas de los participantes de los estudios incluidos. 70	
4.1.2. Patrones dietéticos y nutricionales vegetariano y omnívoro	75
4.1.3. Composición de la microbiota intestinal	77
4.1.4. Efectos de las dietas vegetariana y omnívora sobre la microbiota intestinal	
106	
CAPÍTULO V: DISCUSIÓN E INTERPRETACIÓN DE RESULTADOS.....	121
5.1. DISCUSIÓN E INTERPRETACIÓN DE LOS RESULTADOS	122
5.1.1. Características sociodemográficas	122
5.1.2. Patrones dietéticos y nutricionales vegetariano y omnívoro	125
5.1.3. Composición de la microbiota intestinal humana.....	128
5.1.4. Efectos de los patrones dietéticos y nutricionales vegetarianos y omnívoros sobre la microbiota intestinal	131
CAPÍTULO VI: CONCLUSIONES Y RECOMENDACIONES.....	137
6.1. CONCLUSIONES	138
6.2. RECOMENDACIONES	141
BIBLIOGRAFÍA	142
GLOSARIO Y ABREVIATURA.....	163
ANEXOS	166
DECLARACIÓN JURADA	167
CARTAS DE APROBACIÓN.....	168

ÍNDICE DE TABLAS

Tabla N°1. Criterios de inclusión y exclusión	55
Tabla N° 2. Términos, descriptores y palabras claves utilizadas en la búsqueda sistemática	58
Tabla N° 3. Operacionalización de variables.....	59
Tabla N° 4. Resultados de la búsqueda bibliográfica según palabras claves en cada base de datos.....	63
Tabla N° 5. Resultados incluidos en la revisión sistemática por base de datos y palabra clave	64
Tabla N°6. Principales características sociodemográficas, dietéticas y clínicas de la población vegetariana y omnívora de los estudios incluidos para la revisión sistemática..	73
Tabla N°7. Ingesta diaria de energía y nutrientes de los grupos vegetarianos y omnívoros de los estudios incluidos.....	76
Tabla N°8. Los grupos de alimentos más consumidos durante siete días entre los grupos vegetarianos y omnívoros.....	77
Tabla N°9. Los principales filos (o phylum) en los participantes de los estudios incluidos.	78
Tabla N°10. Composición de la microbiota intestinal que presenta mayor abundancia bacteriana en los participantes de los estudios incluidos.....	80
Tabla N°11. Composición de la microbiota intestinal con abundancia bacteriana media y baja en los participantes de los estudios incluidos.	86
Tabla N°12. Comparación de los efectos de las dietas vegana, lacto-ovo vegetariana y omnívora sobre la microbiota intestinal de los estudios incluidos.....	108

ÍNDICE DE FIGURAS

Figura 1. Diagrama de flujo de los procedimientos de recolección de datos, según la declaración PRISMA.....	54
---	----

RESUMEN

Introducción: Los estudios que se ha venido realizando sobre la microbiota intestinal, se ha encontrado patobiontes asociados a muchas enfermedades, como la obesidad, la enfermedad de intestino irritable; también se detecta que una composición equilibrada de la microbiota intestinal puede conferir beneficios al huésped, además se encuentra que el ecosistema microbiano puede ser modificado por muchos factores ambientales, como la dieta. **Objetivo general:** Determinar los efectos de los patrones dietéticos y nutricionales entre los vegetarianos y omnívoros sobre la microbiota intestinal. **Metodología:** Se llevó a cabo una revisión sistemática. La investigación es de carácter cualitativo, tipo correlacional, la unidad de estudio son los artículos incluidos para el análisis de resultados. La población son los resultados obtenidos tras la búsqueda bibliográfica que es un total de 3408 artículos buscados en 7 bases de datos que, mediante los criterios de inclusión, se obtiene 11 estudios incluidos para el análisis. **Resultados y discusión:** Los estudios incluidos presentan resultados consistentes, en el que la mayoría de los participantes son adultos sanos, que consumen dieta omnívora, caracterizada por mayor ingesta energética y proteína animal, y dieta vegetariana a corto y largo plazo, caracterizada por una ingesta alta en fibra y proteína vegetal. Se identifica en la composición microbiana de la mayoría de los participantes, la presencia de los filos *Firmicutes* y *Bacteroidetes*, de las cuales se derivan los géneros *Bacteroides* con mayor abundancia en los omnívoros y *Prevotella*, que predomina en la dieta vegetariana. **Conclusiones:** Se concluye que los patrones dietéticos y nutricionales vegetarianas y omnívoras influyen sobre la composición de la microbiota intestinal, dado que aportan los nutrientes que favorecen el crecimiento de ciertas bacterias intestinales.

Palabras Claves: microbiota intestinal, flora intestinal, bacteria intestinal, vegetariana, vegana, lacto-ovo vegetariana, omnívora

ABSTRACT

Introduction: The studies that have been carried out on the intestinal microbiota have found pathobionts associated with many diseases, such as obesity, irritable bowel disease; It is also found that a balanced composition of the intestinal microbiota can confer benefits on the host, in addition it is found that the microbial ecosystem can be modified by many factors, such as diet. **General Objective:** To determine the effects of dietary and nutritional patterns among vegetarians and omnivores on the intestinal microbiota. **Methodology:** A systematic review was carried out. The research is qualitative, correlational, the unit of study is the articles included for the analysis of results. The population is the results obtained after the bibliographic search, which is a total of 3408 articles searched in 7 databases that, through the inclusion criteria, obtained 11 studies included for the analysis. **Results and discussion:** The included studies present consistent results, in which most of the participants are healthy adults, who consume an omnivorous diet, characterized by higher energy intake and animal protein, and a vegetarian diet in the short and long term, characterized by a high in fiber and vegetable protein. The presence of the *Firmicutes* and *Bacteroidetes* phyla is identified in the microbial composition of most of the participants, from which the *Bacteroides* genera are derived with greater abundance in omnivores and *Prevotella*, which predominates in the vegetarian diet. **Conclusions:** It is concluded that vegetarian and omnivorous dietary and nutritional patterns influence the composition of the intestinal microbiota, since they provide the nutrients that favor the growth of certain intestinal bacteria.

Key Words: gut microbiota, gut flora, gut bacteria, vegetarian, vegan, lacto-ovo vegetarian, omnivorous, omnivores

CAPÍTULO I:
PROBLEMA DE INVESTIGACIÓN

1.1. PLANTEAMIENTO DEL PROBLEMA

En esta sección se describe brevemente acerca de los antecedentes de los estudios sobre la microbiota intestinal y su asociación con los factores dietéticos vegetarianos y omnívoros a nivel internacional y nacional, luego se presenta la delimitación del problema y la justificación de la investigación.

1.1.1. Antecedentes del problema

1.1.1.1. Estudios internacionales

Desde hace muchos años se ha venido estudiando sobre el microbioma humano, con el fin de esclarecer la diversidad, composición y función de la microbiota en el organismo humano.

Así, el proyecto europeo MetaHIT (*Metagenomics of the Human Intestinal Tract*) y el Proyecto Microbiano Humano (HMP, del inglés *Human Microbiome Project*) americano han contribuido a la disponibilidad del catálogo de genes de referencia, lo que facilita el estudio del microbioma intestinal humano mediante la metagenómica (W.-L. Wang et al., 2015).

Como parte del proyecto MetaHIT, se lleva a cabo una secuenciación profunda del ácido desoxirribonucleico (ADN) fecal total de una cohorte de 124 individuos sanos, con sobrepeso y obesidad de Europa, así como pacientes con enfermedad inflamatoria intestinal (EII) de Dinamarca y España, para establecer un catálogo de genes microbianos intestinales humanos; donde se halla al menos 160 especies bacterianas en cada individuo de la muestra y se identifica 75 especies comunes a >50% de los individuos y 54 especies comunes a >90%

(Qin et al., 2010). En otro estudio se realiza la caracterización de la ecología de las comunidades microbianas asociadas a los humanos, en el que se incluye tanto el gen marcador como los datos metagenómicos de 242 adultos sanos (129 hombres y 113 mujeres), del cual, se muestrea 18 hábitats corporales de mujeres y 15 hábitats de hombres, tales como la cavidad bucal y orofaringe, piel, colon y hábitats vaginales; de estos sitios corporales se encuentra mayor diversidad en las comunidades bucales y de heces, mientras que los sitios vaginales albergan comunidades simples (Huttenhower et al., 2012).

Adicionalmente, en otro estudio se evalúa la relación entre el índice de masa corporal (IMC) y la composición taxonómica del microbioma intestinal en el conjunto de datos de HMP y MetaHIT, resultando en una asociación negativa entre el IMC y la composición a nivel de filo, asimismo no se halla relación entre la riqueza bacteriana y la obesidad, lo que contradice con otros estudios; por lo que los autores sugieren que no existe una firma taxonómica simple de obesidad en el microbioma intestinal y la necesidad de realizar más investigaciones metagenómicas funcionales adicionales y trabajos epidemiológicos para estimar la proporción de obesidad humana atribuible a factores microbianos (Finucane et al., 2014).

Recientemente, el HMP desarrolla su segunda fase, el HMP Integrativo (iHMP o HMP2), la cual explora la interacción huésped-microbioma, incluida la inmunidad, el metabolismo y la actividad molecular dinámica, para obtener una visión más holística de las interacciones

huésped-microbio a lo largo del tiempo (The Integrative HMP Research Network Consortium, 2019). Además, en un estudio actual que recopila, compila y analiza genomas de un conjunto de datos del microbioma intestinal humano para generar catálogos de Genoma Gastrointestinal Humano Unificado (UHGG, del inglés, *Unified Human Gastrointestinal Genome*) y Proteína Gastrointestinales Humanas Unificadas (UHGP, del inglés *Unified Human Gastrointestinal Protein*), se obtuvo un total de 204.938 genomas no redundantes de 31 países en seis continentes y 170.602.708 genes (Almeida et al., 2021).

A raíz de los estudios realizados hasta ahora, se evidencia la presencia de billones de células microbianas en el cuerpo humano, con mayor densidad en el compartimiento intestinal, que en conjunto forman una comunidad microbiana compleja conocida como microbiota intestinal (Gerritsen et al., 2011; Milani et al., 2017). Las interacciones recíprocas entre bacterias y células intestinales han evolucionado conjuntamente logrando una relación simbiótica que cohabitan en nuestro cuerpo, donde las bacterias entéricas evolucionaron para vivir en nichos ecológicos especializados del tracto gastrointestinal y los mamíferos evolucionan para sobrevivir a la exposición constante a bacterias dañinas y útiles (Linares et al., 2015; Sartor & Wu, 2017).

Los patobiontes son microorganismos potencialmente dañinos que generalmente se mantienen en niveles bajos dentro de un intestino sano y no causan problemas en huéspedes inmunocompetentes; pero la expansión de estos patobiontes, incluyendo la pérdida de

organismos beneficiosos o comensales y de diversidad microbiana general, llegan a causar disbiosis, que tiene un impacto en cascada sobre el sistema inmunológico y permite la aparición y brote de patógenos (Berg et al., 2020; Petersen & Round, 2014).

Se halla que la composición equilibrada de la microbiota intestinal confiere beneficios al huésped, sin embargo, el microbioma puede ser perturbado por afecciones patológicas que se relaciona con la disbiosis, como la obesidad, la enfermedad inflamatoria intestinal (EII), la diabetes y las enfermedades cardiovasculares (Jang et al., 2017; The Integrative HMP Research Network Consortium, 2019). La patogenia de la EII se asocia con la alteración de la microbiota intestinal debido a la reducción de la diversidad bacteriana y cambios de composición de las especies microbianas, que incluye la expansión de los grupos inflamatorios (como *Proteobacteria*, *Escherichia coli*) y la disminución de los grupos protectores (como *Firmicutes*, *Lactobacillus*) (Marchesi et al., 2016; Sartor & Wu, 2017; Zheng et al., 2020). Mientras que se ha observado a nivel de filo el aumento de *Firmicutes* y disminución de *Bacteroidetes* en pacientes con síndrome de intestino irritable (SII) en comparación con el grupo control sano (Labus et al., 2017). Asimismo, se halla que los pacientes con mayor riesgo de obesidad presentan aumento en *Prevotella* y, disminución de *Bacteroides* y *Ruminococcaceae* (Jang et al., 2017).

A pesar de que algunas bacterias pueden causar enfermedades, otras juegan un papel beneficioso en la salud humana a través de una variedad de funciones fisiológicas, que

influyen en el desarrollo de componentes humorales del sistema inmunológico, actividad metabólica, producción de factores antiinflamatorios, compuestos analgésicos, antioxidantes y vitaminas para proteger y nutrir el cuerpo (Linares et al., 2015; Shetty et al., 2013; Thursby & Juge, 2017).

Además de las patologías, la composición de la microbiota intestinal es determinada e influenciada por múltiples factores, como el uso de antibiótico y la dieta; estos factores externos llegan a alterar la estructura de la comunidad microbiana, conduciendo a la pérdida de organismos beneficiosos para el huésped y el crecimiento excesivo de patobiontes (Clemente et al., 2012; Petersen & Round, 2014; H. Wang et al., 2018). Múltiples componentes dietéticos pueden impactar en la flora residente, generando disbiosis, disminuyendo o dañando la capa mucosa, aumentando la permeabilidad intestinal o la capacidad de la microbiota patológica para adherirse a las células epiteliales o translocarse a través de la barrera epitelial (Forbes et al., 2017). Los estudios epidemiológicos indican que la adopción de una dieta occidental (baja en frutas y verduras, rica en grasas, ácidos grasos n-6, carnes rojas y alimentos procesados) contribuye al aumento de la incidencia de la EII en los países en desarrollo (Sood et al., 2019).

En una revisión sistemática y metanálisis se analiza 2099 participantes de 64 publicaciones, encontrando que la intervención con fibra dietética a corto plazo no cambia la diversidad de la microbiota intestinal, pero induce mayor abundancia de *Bifidobacterium* y *Lactobacillus*

spp., con efectos significativos para *Bifidobacterium spp.*, esto probablemente se deba a las preferencias de sustrato entre los 2 géneros; además, se halla que las intervenciones de fibra dietética no afecta la abundancia de otros grupos bacterianos medidos (como *Faecalibacterium prausnitzii*), por ello, los autores sugieren que estas especies pueden ser estimuladas por componentes dietéticos distintos de la fibra y concluyen que se requieren más estudios para investigar el efecto de la fibra y otros componentes dietéticos (So et al., 2018).

De los diferentes tipos de dietas, la dieta vegetariana se ha popularizado en muchos países y la proporción de vegetarianos varía de un país a otro. India es el país que tiene el mayor porcentaje de vegetarianos, con estimaciones que oscilan entre 20 y 42% (Ruby et al., 2016).

Mientras que en los países europeos se estima que la población vegetariana oscila entre el 1,2 y el 1,5% en Portugal y España, y de 9-11% en Suiza, Italia, Austria, Reino Unido y Alemania (Nebl, Schuchardt, Wasserfurth, et al., 2019; Redecilla Ferreiro et al., 2020). En los Estados Unidos, de acuerdo a una encuesta del 2018, se estima que la población vegetariana es de 5% y 3% son veganos (Statista Research Department, 2020); en cambio, en Canadá se estima un 8% de vegetarianos (Paslakis et al., 2020).

Como se menciona anteriormente, el factor dietético influye en la composición y diversidad de la microbiota intestinal. En un estudio con un total de 29 voluntarios sanos divididos en tres grupos, 15 vegetarianos a corto plazo (3 meses), 7 omnívoros y 7 vegetarianos a largo

plazo, en el que se recolecta muestras de sangre y heces y se mide el peso de los días 0 y 91 para todos los individuos; se encuentra que una dieta vegetariana a corto plazo no tuvo efecto significativo en el sistema inmunológico y no hubo cambio en la diversidad alfa microbiana, mientras que en la dieta vegetariana a largo plazo se asocia a menor diversidad del repertorio de células T y una microbiota menos inflamatoria (C. Zhang et al., 2018).

En una revisión sistemática se incluye individuos vegetarianos y omnívoros de 16 estudios de diseño transversal, presenta resultados contradictorios para todos los taxones microbianos detectados, dado que en algunos estudios incluidos hay proporciones más altas de *Bacteroidetes*, *Prevotella* y *Roseburia* en veganos y vegetarianos, mientras que otros estudios revelan niveles más altos de *Bacteroides* y *Prevotella* en omnívoros; sumado la alta interindividualidad en los estudios incluidos fue difícil dar una conclusión uniforme, así como asociar la composición de la microbiota con el consumo vegano o vegetariano y omnívoro (Trefflich et al., 2020).

2.1.1.1. 1.1.1.2. Estudios nacionales

En Costa Rica, los estudios sobre la microbiota intestinal son escasos, la mayoría son revisiones bibliográficas. En una de las revisiones describe que el tipo de parto (natural o cesárea), la edad y la dieta influyen sobre la composición de la microbiota intestinal; además, explica que la microbiota está asociada con el mantenimiento de la salud y, a la vez, con el desarrollo de la EII, en el que presenta alta densidad microbiana con respuesta inflamatoria

persistente e inapropiada, y la obesidad, del cual se cree que la microbiota aumenta la extracción de nutrientes y estimula la lipogénesis que aún están siendo estudiados (Borge & Escoto, 2013). En otro estudio de revisión que asocia el cáncer de colon con la microbiota, describe que los factores genéticos o epigenéticos, estilo de vida, dietéticos, sedentarismo y ambientales influyen en la microbiota intestinal, la cual se relaciona con la producción de metabolitos que alteran enzimas encargadas de la regulación epigenética y que dan como resultado procesos malignos (García & Arias, 2020). Mientras que en otro estudio de revisión presenta la relación de la microbiota intestinal y la enfermedad cardiovascular, donde los autores concluyen que el mayor potencial aterogénico de las bacterias intestinales proviene de la ingesta de proteína animal, grasa y bajo consumo de fibra; por lo que proponen el beneficio de la dieta mediterránea, alta en fibra y vegetales para minimizar la producción de metabolitos tóxicos y disminuir inflamación sistemática (Álvarez Vega et al., 2021).

Además de las revisiones anteriores, se halla un estudio realizado en Costa Rica, que relaciona la microbiota fecal de hermanos con y sin trastornos afectivos y psicóticos, del cual incluye un total de 13 pares de hermanos residentes en el Gran Área Metropolitana de San José; los sujetos se dividieron en tres grupos: no afectados, afectados sin psicosis y afectados con psicosis. Los resultados del estudio indican baja abundancia y diversidad de los taxones de la microbiota intestinal de sujetos afectados, encontrando aumento de

Pseudomonas (proinflamatorias) y disminución de *Ruminococcaceae* productoras de butirato; además, se identifica asociación entre los trastornos mentales graves y los géneros poco abundantes como *Barnesiella* y *Odoribacter*, en el que los sujetos sin psicosis presentan niveles más altos y los afectados con psicosis los niveles más bajos de *Barnesiella* (Ouabbou et al., 2021).

En Costa Rica no hay datos estadísticos que estime la población vegetariana, sin embargo, según los resultados de un trabajo realizado por la Escuela de Estadísticas de la Universidad de Costa Rica (UCR) en 2019, se estima únicamente 0.4% de población vegetariana y un 0.3% vegana (Ramírez Hernández, 2019). Hasta donde se sabe, en Costa Rica no hay estudios experimentales ni revisiones de artículos que asocie los efectos del factor dietético sobre la microbiota intestinal.

1.1.2. Delimitación del problema

La presente investigación se desarrolla mediante una revisión sistemática de artículos publicados con 5 años de antigüedad, enfocado en los efectos entre la población con patrones dietéticos y nutricionales vegetarianos y omnívoros sobre la microbiota intestinal. La búsqueda de artículos se inició desde el 29 de enero al 5 de marzo del 2021, del cual se selecciona una muestra de 11 estudios recuperados en las bases de datos de PubMed, PubMed Central, Wiley Online Library, Cochrane Library y Google Académico; que cumplen con los criterios de inclusión para la presente revisión.

1.1.3. Justificación

El presente trabajo pretende dar a conocer la relación entre las dietas vegetariana y omnívora sobre la composición de la microbiota intestinal, dado que el conjunto de alimentos y nutrientes de una dieta influyen en el desarrollo de microorganismos beneficiosos o perjudiciales de la microbiota intestinal, la misma que se asocia con la salud humana.

Los resultados obtenidos del presente estudio contribuyen a comprender la composición de la microbiota intestinal y a generar conocimientos relacionados a los efectos entre las dietas vegetariana y omnívora sobre este ecosistema microbiano, a los profesionales en Nutrición, tomando en cuenta en las intervenciones dietéticas, las recomendaciones que favorezcan una mayor diversidad de la microbiota intestinal, y por ello, la prevención y tratamiento de ciertas enfermedades.

En la presente investigación se contempla los estudios actuales sobre la microbiota intestinal humana y su relación con las poblaciones con patrones dietéticos vegetariano y omnívoro, del cual se busca aclarar las evidencias encontradas de dichos estudios para facilitar la comprensión y aportar información confiable y actualizada.

1.2. REDACCIÓN DEL PROBLEMA CENTRAL: PREGUNTA DE INVESTIGACIÓN

Actualmente hay muchos estudios que evidencian los beneficios de una dieta vegetariana bien planificada en la salud, pero la influencia de esta dieta a base de plantas en comparación con las dietas a base de carne sobre la microbiota intestinal, según los estudios realizados hasta la fecha, presentan resultados variados y contradictorios.

Por ello, para lograr una mayor comprensión sobre la influencia de las dietas vegetariana y omnívora sobre la microbiota intestinal, en la presente revisión se contesta la siguiente pregunta: ¿Qué efectos hay entre los patrones dietéticos y nutricionales de los vegetarianos y omnívoros sobre la microbiota intestinal?

1.3. OBJETIVOS DE LA INVESTIGACIÓN

1.3.1. Objetivo general

Determinar los efectos de los patrones dietéticos y nutricionales entre los vegetarianos y omnívoros sobre la microbiota intestinal, mediante una revisión sistemática durante el I cuatrimestre del 2021; para la comprensión y elección de alimentos que beneficien la comunidad microbiana.

1.3.2. Objetivos específicos

- Caracterizar los perfiles sociodemográficos de la población vegetariana y omnívora de los artículos de revisión seleccionados, mediante una matriz de datos con información general de los participantes de cada estudio.
- Describir los tipos de patrones dietéticos y nutricionales de los estudios seleccionados para la revisión sistemática, mediante una matriz de datos con información de los alimentos y nutrientes de la dieta.
- Identificar la composición de la microbiota intestinal de la población de estudio, mediante una matriz de datos cualitativos.
- Determinar los efectos de los patrones dietéticos y nutricionales entre los vegetarianos y omnívoros sobre la microbiota intestinal.

1.4. ALCANCES Y LIMITACIONES

1.4.1. Alcances de la investigación

No se hallan alcances para la presente investigación.

1.4.2. Limitaciones de la investigación

La principal limitación de la investigación es que, de los artículos incluidos sólo en un estudio especifica la cantidad de alimentos consumidos por los participantes, lo que impide el análisis de la correlación del patrón alimentario completo sobre la composición de la microbiota intestinal humana.

No todos los estudios presentan la totalidad o la colección bacteriana representativa de la composición microbiana o no incluyen documentos complementarios, sino que se muestran algunas bacterias con mayor abundancia relativa, por ello se halla limitada la abundancia relativa de ciertas bacterias.

En todos los estudios incluidos se utiliza métodos para analizar las bacterias, por lo que se limita la comprensión del ecosistema completo de la diversidad microbiana, dado que se sabe que la microbiota intestinal se compone de bacterias, arqueas, virus y eucariotas.

CAPÍTULO II:
MARCO TEÓRICO

2.1. Patrón dietético y nutricional

El patrón dietético describe la totalidad de una dieta; la combinación, la variedad, la frecuencia y la cantidad de alimentos y bebidas consumidas habitualmente, asimismo las interrelaciones de las elecciones de alimentos y no los nutrientes de los alimentos de manera aislada (Cespedes & Hu, 2015; Schulze et al., 2018). Por ello, en muchas investigaciones, los patrones dietéticos son utilizados como métodos de medición de la ingesta habitual de combinaciones de alimentos en individuos y grupos, a través de dos enfoques: *a priori* y *a posteriori*; con el fin de examinar las relaciones entre la dieta y la salud (B. Allès et al., 2012; Tucker, 2010).

El enfoque *a priori* basado en el conocimiento utiliza un sistema de puntuación para evaluar la adherencia de los sujetos a una dieta saludable predefinida, tales como el Indicador de dieta saludable (IDH), el Índice de Alimentación Saludable (HEI), el Puntaje de Dieta Mediterránea (MeDi), entre otras; mientras que el enfoque *a posteriori* deriva de patrones empíricamente basados en la ingesta dietética real observada en una población determinada utilizando el análisis de componentes principales (PCA), el análisis factorial exploratorio

(EFA), o análisis de conglomerados (B. Allès et al., 2012; Fransen et al., 2014; van de Rest et al., 2015).

Un patrón dietético saludable es aquella que proporciona un enfoque más integral, tomando en cuenta los resultados de salud y ambiental relacionados con la dieta, la misma que aporta los nutrientes en proporciones adecuadas para satisfacer las necesidades energéticas y fisiológicas (Cena & Calder, 2020; Nelson et al., 2016). En general, los estudios actuales evidencian que un patrón dietético que es alto en alimentos de origen vegetal, como frutas, verduras, cereales integrales, legumbres y frutos secos; y bajo en el consumo de carnes grasas y procesadas, dulces y alcohol tienen menos probabilidades de desarrollar obesidad, presión arterial y otras enfermedades crónicas (Cena & Calder, 2020; McGuire, 2016; Ndanuko et al., 2016).

2.1.1. Nutrientes

Los nutrientes son componentes de los alimentos y son esenciales para la nutrición óptima y salud humana, ya que ayuda en la regulación de la expresión génica (como actividades de transcripción) y la función celular (como fuentes de combustible) (Chen et al., 2018; Tapsell

et al., 2016). Los nutrientes se clasifican según demanda nutricional humana que son los macronutrientes y los micronutrientes.

3.1.1.1. 2.1.1.1. Macronutrientes

Los macronutrientes son aquellos que se requieren en grandes cantidades, ya que sirven como bloques de construcción de estructuras celulares y sustratos de energía en todos los organismos; que incluyen carbohidratos, proteínas y grasas (Bellissimo & Akhavan, 2015; Chen et al., 2018).

2.1.1.1.1. Carbohidratos

Los carbohidratos son una clase de compuestos orgánicos que está formado por carbono, hidrógeno y oxígeno; y representa la principal fuente de alimento en la dieta humana (Bellissimo & Akhavan, 2015; Hounsome et al., 2018).

Los carbohidratos se clasifican según su característica de digestibilidad que provoca distintas respuestas fisiológicas, a saber, digeribles y no digeribles (Bellissimo & Akhavan, 2015; Singh et al., 2017). Los carbohidratos digeribles se degradan enzimáticamente en el intestino delgado e incluyen almidones y azúcares, como los monosacáridos (glucosa, fructosa y galactosa) y disacáridos (sacarosa, maltosa y lactosa); mientras que los

carbohidratos no digeribles, como la fibra (celulosa, pectina y hemicelulosa) y el almidón resistente, no se degradan enzimáticamente en el intestino delgado, sino que llegan al intestino grueso donde son fermentados por microorganismos residentes (Bellissimo & Akhavan, 2015; Hounsome et al., 2018; Singh et al., 2017).

2.1.1.1.2. Proteínas

Las proteínas dietéticas están formadas por un conjunto de aminoácidos que proporcionan una fuente de energía, así como material estructural para el cuerpo humano; y funcionan como enzimas, hormonas y anticuerpos (Cena & Calder, 2020; Hounsome et al., 2018).

Además, las fuentes de proteínas dietéticas se derivan tanto de animales (carne, lácteos, pescado y huevos) como de vegetales (legumbres, productos de soja, granos, nueces y semillas) (Cena & Calder, 2020).

La calidad de la proteína se determina según su contenido de aminoácidos esenciales y su digestibilidad (Minocha et al., 2017). Los aminoácidos están constituidos por un grupo amino básico (NH_2), un grupo de ácido carboxilo (COOH) y una cadena lateral unida a un átomo de carbono alfa; de la cual se clasifica en aminoácidos esenciales (arginina, histidina, isoleucina, leucina, lisina, metionina, fenilalanina, triptófano y valina), que se obtienen de

la dieta; y no esenciales (alanina, asparagina, ácido aspártico, cisteína, cistina, ácido glutámico, glutamina, glicina, prolina, serina y tirosina), son aquellos que el cuerpo humano puede sintetizar (Hounsone et al., 2018).

2.1.1.1.3. Grasas o lípidos

Los lípidos, también denominados grasas y aceites, contienen carbono, hidrógeno y oxígeno, se caracterizan por ser insolubles al agua y su unidad funcional son los ácidos grasos, que se clasifican según el grado de saturación en ácidos grasos insaturados, saturados y trans (Bellissimo & Akhavan, 2015; Cena & Calder, 2020; Hounsone et al., 2018). De las grasas insaturadas se derivan las grasas monoinsaturadas y poliinsaturadas, las cuales, promueven la salud y son cruciales para aliviar el riesgo de enfermedades crónicas (Singh et al., 2017).

Los ácidos grasos aportan energía al cuerpo humano y material estructural para las membranas celulares, y participa en la absorción de las vitaminas A y D, la coagulación de la sangre y la respuesta inmunitaria (Hounsone et al., 2018).

2.1.1.2. Micronutrientes

Los micronutrientes se requieren en pequeñas cantidades pero son necesarios para el mantenimiento de la homeostasis corporal, como el funcionamiento adecuado de las

proteínas y enzimas importantes, la respuesta inmune, la producción energética y la función cognitiva; del cual se clasifica en vitaminas y minerales (Chen et al., 2018; Maggini et al., 2018; Tardy et al., 2020).

2.1.1.2.1. Vitaminas

Las vitaminas son compuestos orgánicos que son esenciales en cantidades pequeñas para mantener la fisiológica normal, siendo una de las funciones importantes como cofactores de las enzimas (Q. Yang et al., 2020). Según la solubilidad de las vitaminas, se dividen en vitaminas solubles en grasa (vitamina A, D, E y K) y vitaminas solubles en agua (vitaminas del complejo B y C) (Y. Zhang et al., 2018).

2.1.1.2.2. Minerales

Los minerales dietéticos son compuestos inorgánicos que incluyen elementos y oligoelementos esenciales para el metabolismo humano, por ello, tanto la deficiencia como el exceso son responsables de diversas enfermedades en el ser humano (Q. Yang et al., 2020; Zand et al., 2015). Los elementos esenciales se encuentran en el cuerpo en cantidades de miligramos por kilogramo, que incluyen calcio, magnesio, sodio, potasio, hierro, zinc, iones de cloruro y fluoruro; mientras que los oligoelementos esenciales se requieren en cantidades

de miligramos y submiligramos, que incluyen cobre, manganeso, cobalto, cromo, selenio, molibdeno, níquel y yodo (Zand et al., 2015).

2.1.2. Dieta omnívora

La dieta omnívora se caracteriza por el consumo de todo tipo de alimentos tanto vegetales como animales, incluyendo las carnes, aves, pescados/mariscos y los productos derivados animales (Olfert & Wattick, 2018; Palacios & Maki, 2019). En el que se ha identificado mayor ingesta de energía, proteína total, grasa total (principalmente ácidos grasos saturados) y azúcar agregado, así como una ingesta elevada de vitaminas B2, B12, D, zinc, hierro, yodo, calcio y selenio; pero una baja en ingesta de fibra dietética en comparación con los grupos vegetarianos (Sobiecki et al., 2016; Weder et al., 2019).

2.1.3. Dieta vegetariana

La dieta vegetariana se caracteriza por la exclusión de carnes, aves y pescados/mariscos, pero también se llega a excluir el consumo de los productos derivados de animales, como ocurre en los veganos o vegetarianos estrictos, de la cual, la ingesta se basa principalmente en alimentos vegetales (Clarys et al., 2013; Palacios & Maki, 2019). La ingesta nutricional de los vegetarianos y veganos varía de un estudio a otro. Sin embargo, en general se

identifica una ingesta equilibrada de macronutrientes, con mayor ingesta de ácidos poliinsaturados, fibra dietética, betacaroteno, tiamina, vitaminas C, B6 y E, ácido fólico, magnesio, potasio, hierro y cobre; pero con menor ingesta de ácidos grasos monoinsaturados, saturados, trans y colesterol, así como ingesta baja en vitaminas A, D, B2, B3 y B12, calcio, fósforo, zinc, yodo y selenio en comparación con los grupos omnívoros (Kristensen et al., 2015; Sobiecki et al., 2016; Weder et al., 2019).

La dieta vegetariana es un término general que incluye cuatro patrones dietéticos principales: lacto-ovo-vegetariana, lacto-vegetariana, ovo-vegetariana y vegana (Wirnitzer et al., 2018), que a continuación se detalla (D. T. Thomas et al., 2016):

- El lacto-ovo vegetarianismo excluye la carne, pero incluye productos lácteos, huevos y miel, junto con una amplia variedad de alimentos vegetales. De esta dieta se subcategoriza el lacto-vegetarianismo que excluye los huevos, y el ovo-vegetarianismo que excluye los productos lácteos.
- El veganismo excluye la carne, los productos lácteos, los huevos y la miel, pero incluye una amplia variedad de alimentos vegetales.

La elección de un patrón dietético vegetariano se da por varios motivos, que abarca la mejora de la salud, las preocupaciones ambientales, las consideraciones socioeconómicas, los fundamentos éticos y las creencias espirituales o religiosas (Orlich et al., 2014; Sebastiani et al., 2019).

2.1.3.1. Breve historia de la dieta vegetariana

Hace muchos años atrás, la dieta vegetariana se consideraba como una alimentación nutricionalmente inadecuada. En la década de 1960 se pensaba que una dieta vegetariana tenía mayor riesgo de desarrollar una deficiencia de nutrientes que una dieta basada en carnes; pero en las décadas de 1980 y 1990 se documentaron beneficios de las dietas vegetarianas en la reducción de las enfermedades crónicas y degenerativas (Leitzmann, 2014).

Actualmente, hay evidencias sólidas sobre la calidad y los beneficios de la dieta vegetariana en la salud. Mediante el análisis de los patrones dietéticos entre sujetos vegetarianos y omnívoros se halla que la dieta vegetariana se acerca más a las recomendaciones nutricionales en comparación con la dieta omnívora (Clarys et al., 2013); además, basándose en diferentes aspectos de modelos dietéticos saludables, se indicó consistentemente que,

entre los tipos de dietas vegetarianas, la vegana es la más saludable (Clarys et al., 2014).

Según *Dietary Guidelines for Americans 2015-2020* (U.S. Department of Health and Human Services & U.S. Department of Agriculture, 2015), la dieta vegetariana se considera uno de los tres patrones dietéticos saludables en la alimentación de la población general. De acuerdo con la posición de la Sociedad Italiana de Nutrición, las dietas vegetarianas bien planificadas que incluyen una amplia variedad de alimentos vegetales y una fuente confiable de vitamina B12 proporcionan una ingesta adecuada de nutrientes (Agnoli et al., 2017).

2.1.4. Impacto de las dietas vegetariana y omnívora en la salud

Una dieta vegetariana saludable conduce a un menor riesgo de las enfermedades crónicas no transmisibles en comparación con una ingesta omnívora. Dado que se ha encontrado asociación de la dieta vegetariana con una disminución de múltiples factores de riesgo cardiovascular como el índice de masa corporal (IMC), la presión arterial y el perfil lipídico lo cual conduce a efectos beneficiosos del grosor íntima-media carotídeo (S.-Y. Yang et al., 2011), menor riesgo de cardiopatía coronaria, e inclusive riesgo reducido de algunos cánceres en comparación con los omnívoros (Glenn et al., 2019; Le & Sabaté, 2014; K. W. Lee et al., 2020). Adicionalmente, las dietas veganas, lacto-ovo vegetarianas y semi-

vegetarianas se han asociado con reducción del riesgo de diabetes en comparación con las dietas no vegetarianas (Tonstad et al., 2013). Una dieta vegetariana saludable (que incluye cereales integrales, frutas, verduras, frutos secos, legumbres y grasas insaturadas) tiene efecto protector contra el riesgo de la diabetes, así como en la reducción de los síntomas de la enfermedad; además, se encuentra mayores beneficios en una dieta vegana en la reducción de los niveles de glucosa plasmática en ayunas de las personas con diabetes y otras complicaciones como el riesgo de enfermedad cardiovascular (ECV) (Y. Lee & Park, 2017; Olfert & Wattick, 2018). Además, dicho patrón dietético vegetariano saludable concuerda con las recomendaciones nutricionales para las personas con diabetes mellitus tipo 2, la cual enfatiza la elección de ingesta aumentada de cereales integrales, frutas, verduras, grasas saturadas reducidas y productos lácteos bajos en grasa; y reduciendo las carnes rojas y procesadas, bebidas azucaradas y huevos (Fox et al., 2015; Schwingshackl et al., 2017).

Asimismo, la dieta vegetariana tiene efectos protectores sobre los riñones, debido a las ventajas y beneficios adicionales para controlar y prevenir las complicaciones metabólicas en pacientes con enfermedad renal crónica (ERC), ya que se ha encontrado bajos niveles de colesterol, glucosa, BUN (nitrógeno ureico en sangre, del inglés *Blood urea nitrogen*), sodio

y gravedad específica urinaria en el grupo vegetariano en comparación con el grupo omnívoro; también se halla que las dietas ricas en verduras y frutas reduce la carga ácida de la dieta (Carrero et al., 2020; Cases et al., 2019; Chauveau et al., 2019; C.-K. Lin et al., 2010). De igual manera, la dieta vegetariana conduce a menor riesgo de incidencia de cálculos renales (Ferraro et al., 2020).

Inclusive al comparar los patrones dietéticos lacto-ovo vegetarianos, veganos y omnívoros en los corredores recreativos y de resistencias, se halla que la dieta vegetariana, incluida la vegana, bien planificada y suplementada (vitamina B12, vitamina D e hierro) en caso de deficiencia, cubre las necesidades de macronutrientes y micronutrientes de los deportistas y también puede ser una alternativa apropiada, al menos igual y saludable a una dieta omnívora; además de las dietas evaluadas, no se encontró efectos perjudiciales sobre el rendimiento ni la capacidad de ejercicio entre los corredores (Nebl, Haufe, et al., 2019; Nebl, Schuchardt, Ströhle, et al., 2019; Nebl, Schuchardt, Wasserfurth, et al., 2019; Wirnitzer et al., 2018).

2.2. Microbiota intestinal

La microbiota abarca a todos los miembros vivos que forman parte del microbioma (Berg et al., 2020). La microbiota intestinal se refiere a la colección de microbios (compuesto por bacterias, arqueas y eucariotas, e incluso virus) que coloniza el tracto gastrointestinal humano estableciendo una relación trófica compleja entre sí y con su huésped humano (Milani et al., 2017; Thursby & Juge, 2017). Se estima que las bacterias por sí solas superan en número a las células humanas de un individuo (Methé et al., 2012), en cambio, la proporción de los hongos y los virus son un componente relativamente menor en la microbiota intestinal (Sartor & Wu, 2017). Esto concuerda con los resultados de un estudio, donde el 99% de los genes son de origen bacteriano y el resto en su mayoría son arqueas, con solo el 0.1% de origen eucariota y viral (Qin et al., 2010).

En cuanto al concepto del término “microbioma” que varía de acuerdo con los campos de estudios, ya sea ecología, microbiología y medicina. En general, el microbioma ha sido definido como “el genoma colectivo de la microbiota humana” (Maccaferri et al., 2011) o, también como la “colección de diferentes microbios y sus funciones o genes que se encuentran en un hábitat ambiental” (Marchesi et al., 2016). Sin embargo, actualmente,

llegando a un consenso entre expertos, el término microbioma se refiere a “toda la comunidad de los microorganismos (microbiota) y todo el espectro de moléculas producidas por los mismos, incluidos sus elementos estructurales (ácidos nucleicos, proteínas, lípidos, polisacáridos), metabolitos (moléculas de señalización, toxinas, moléculas orgánicas e inorgánicas), elementos genéticos móviles (fagos, virus y ADN "reliquia" y extracelular) y moléculas producidas por hospedadores coexistentes y estructurados por las condiciones ambientales circundantes” (Berg et al., 2020).

2.2.1. Composición de la microbiota intestinal

De acuerdo con Ley et al. (2006), se ha estimado una colección de hasta 100 billones de microbios que compone el cuerpo humano, diez veces el número de células humanas, y sugiere que codifican 100 veces más genes únicos que nuestro propio genoma (citado por Qin et al., 2010). Pero dicha proporción discrepa con una estimación actualizada en la que cuantifica una proporción de 1:1 entre las células bacteriana y humana (Sender et al., 2016).

De acuerdo al rango taxonómico que se clasifica en reino, filo (o phylum), clase, orden, familia, género y especie (Adl et al., 2019; Rinninella et al., 2019); se halla que las especies

constituyentes de la microbiota intestinal pertenecen a varios reinos, que incluyen bacterias, arqueas, eucariotas microbianos y virus (S. Thomas et al., 2017).

- **Bacterias**, son aquellas que se encuentran en mayor proporción en la microbiota intestinal, del cual se evidencia que la microbiota de un adulto sano está dominado por los filos *Bacteroidetes* (gramnegativos) y *Firmicutes* (grampositivos), que representan el 90% de la microbiota, y subdominado por los filos *Actinobacteria*, *Proteobacteria*, *Verrucomicrobia* y *Fusobacteria*, pero esto varía entre individuos (Belizário & Napolitano, 2015; Lawley & Walker, 2013; Lozupone et al., 2012; Marchesi et al., 2016; Rinninella et al., 2019; Shetty et al., 2013). Además, se identifica que el filo *Firmicutes* está compuesto por más de 200 géneros diferentes como *Lactobacillus*, *Bacillus*, *Clostridium*, *Enterococcus* y *Ruminococcus*; y en el filo *Bacteroidetes* se compone predominantemente de géneros como *Bacteroides* y *Prevotella* (Rinninella et al., 2019). Curiosamente, las especies del género *Bacteroides* constituyen aproximadamente el 30% de todas las bacterias en el intestino humano (Linares et al., 2015).

- **Arqueas (o *Archaea*)**, aunque se comprenden en una proporción muy pequeña de la microbiota, se halla representada por 5 filos, de las cuales, el género *Methanobrevibacter* es la más común de este dominio en el tracto gastrointestinal (Hillman et al., 2017; Lozupone et al., 2012; S. Thomas et al., 2017).
- **Eucariotas microbianos**, son extremadamente diversos e incluyen hongos, protistas, parásitos, protozoos y amebas (S. Thomas et al., 2017). La principal y más estudiada son los hongos, la misma que varía entre los individuos, se halla diversos filos y especies de hongos, que incluyen *Ascomycota* (*Candida albicans*), *Basidiomycota* (*Cryptococcus neoformans*), *Microsporida* (*Encephalitozoon intestinalis*), *Zygomycota* (*Rhizopus microsporus*); de las cuales, el más común es el género *Candida* (Hillman et al., 2017; S. Thomas et al., 2017).
- **Virus**, se componen principalmente de los fagos que infectan bacterias o bacteriófagos (90%) y en menor proporción los virus eucariotas (10%) (Hillman et al., 2017; Lozupone et al., 2012). Los bacteriófagos pueden desencadenar respuestas directas en las células eucariotas (incluidas las células epiteliales e inmunes) y en los virus eucariotas se identifican géneros considerados patógenos que residen con frecuencia

en el intestino humano sin causar enfermedad en pacientes inmunocompetentes, lo que indica el potencial patógeno del viroma entérico si no está estrictamente controlado por el sistema inmunológico (Metzger et al., 2018).

2.2.2. Factores que modifica la composición de la microbiota intestinal

Se han encontrado una gran abundancia de microbios en los diferentes nichos corporales humanos, como la boca, piel, vagina y tracto gastrointestinal (Huttenhower et al., 2012); de las cuales, cada nicho se ha caracterizado por uno o unos pocos filos, como *Firmicutes* en la vagina, *Actinobacteria* en la piel del pliegue retroauricular y las fosas nasales anteriores, *Proteobacteria* y *Firmicutes* en todos los sitios orales y *Bacteroidetes* en las heces (Aagaard et al., 2014). Siendo la comunidad microbiana intestinal el más abundante y principalmente estudiado, su densidad bacteriana es variable, donde se estima de 10^{11} - 10^{12} células/g (Linares et al., 2015) o alrededor de 10^{14} bacterias (Sender et al., 2016).

Las alteraciones en la composición de la microbiota intestinal conduce a varias afecciones crónicas, incluidas enfermedades fisiológicas y psicológicas (H. Wang et al., 2018).

Encontrando que la composición y la diversidad microbiana son afectados por múltiples factores individuales, poblacionales y ambientales; que incluyen la edad, la genética del

huésped, la dieta, el medio ambiente o ubicación geográfica y los medicamentos (Browne et al., 2017; Santoro et al., 2018; Thompson et al., 2017; Q. Yang et al., 2020).

2.2.2.1. Edad

Desde hace mucho tiempo se creía que los neonatos nacen estériles, es decir que el feto se encuentra en un ambiente estéril (Doré, 2019), y que la colonización de la microbiota intestinal humana inicia inmediatamente después del parto con comunidades simples de las bacterias de la madre y del medio ambiente (Bäckhed, 2012; Lawley & Walker, 2013). Sin embargo, la colonización sucede mucho antes, ya que se halla la presencia de microbios en la placenta, líquido amniótico y meconio, puesto que se han encontrado presencia de *Escherichia* o *Shigella*, *Lactobacillus*, *Propionibacterium*, *Bifidobacterium*, *Nitrobacter* y *Clostridium*; adicionalmente, de manera específica, se ha detectado en la placenta mayor abundancia de *Proteobacteria* y *Tenericutes*, asimismo *Firmicutes* como principal filo en el meconio de los recién nacidos (Aagaard et al., 2014; Collado et al., 2016; Rodríguez et al., 2015). La evidencia de la presencia de bacterias en las membranas fetales y en el meconio no necesariamente es un signo de infección (Doré, 2019).

La composición de la microbiota intestinal en la vida temprana es muy dinámica y variable, dado que es determinado y afectado de manera significativa por factores como la microbiota intestinal materna, el modo de parto (vaginal o cesárea), la edad gestacional al nacer, la dieta (leche materna o fórmula), la higiene y el tratamiento con antibióticos (Fouhy et al., 2019; Rodríguez et al., 2015; Stanislowski et al., 2018; Wampach et al., 2018). Generalmente, el tracto gastrointestinal del lactante en un inicio está colonizado por bacterias anaerobias facultativas (enterobacterias, estafilococos y estreptococos), pero a medida que avanza el tiempo, la cantidad de oxígeno disponible en el intestino disminuye, lo que permite el establecimiento de las bacterias estrictamente anaeróbicas (como *Bifidobacterium* y *Bacteroides*) y superan en número a los anaerobios facultativos (Linares et al., 2015).

A medida que el individuo crece, la diversidad de la microbiota aumenta, con más de 1000 especies que coloniza el colon humano (Lawley & Walker, 2013), y se convierte en una composición estable similar al de un adulto dentro de los primeros tres años después del nacimiento; mientras que en el adulto mayor la composición de la microbiota intestinal es afectada por cambios en la digestión y absorción de nutrientes y debilidad inmunológica (Rinninella et al., 2019; H. Wang et al., 2018; Yatsunenکو et al., 2012).

2.2.2.2. Genética del huésped.

La genética del hospedador determina la composición comunitaria de la microbiota óptima para promover la salud (Browne et al., 2017). Dado que se han informado interacciones complejas entre los antecedentes genéticos del hospedador, la microbiota intestinal y la dieta con el riesgo de desarrollar obesidad y síndrome metabólico (Cuevas-Sierra et al., 2019).

Por otro lado, se halla similitud significativa entre las redes de transferencia horizontal de genes materna e infantil específicas de la familia, lo que caracteriza los patrones de transmisión bacteriana de madre a hijo (C. Li et al., 2020). Asimismo, se encontró relación entre los genes y la microbiota intestinal en pacientes con cáncer colorrectal, debido a que la expresión de genes podría provocar la alteración de bilis y la biosíntesis de hormonas esteroides en los tejidos del cáncer colorrectal, cambiando la abundancia y composición de la microbiota intestinal y eventualmente podría desencadenar la aparición de cáncer (Q. Zhang et al., 2020).

2.2.2.3. Dieta.

La dieta consta de miles de moléculas químicas diferentes que varía en composición y regularidad del consumo entre los individuos, de la cual, los nutrientes contenidos llegan a

influir en el crecimiento o eliminación de ciertas especies bacterianas en particular (Kolodziejczyk et al., 2019). Por lo que las elecciones dietéticas también determinan la composición de la microbiota intestinal (Browne et al., 2017).

Una dieta occidental (alta en proteínas y grasas animales, baja en fibra) se asocia con cambios negativos en la composición de la microbiota intestinal, caracterizada por la disminución de bacterias totales y de especies con afecciones antiinflamatorias y capacidad de producir metabolitos beneficioso, como *Bifidobacterium*, *Akkermansia muciniphila*, *Faecalibacterium prausnitzii*, *Roseburia spp.*, *Eubacterium hallii*, *Clostridium clusters XIVa* y *Ruminococcus*, entre otros (Moles & Otaegui, 2020; Singh et al., 2017). Además, se halla que una dieta rica en grasas saturadas aumenta recuentos de microflora anaeróbica total y abundancia de *Bacteroides* y *Bilophila* (Singh et al., 2017); mientras que el consumo de ácidos grasos poliinsaturados omega-3 (PUFA) conduce a la abundancia de varias bacterias productoras de butirato (Kolodziejczyk et al., 2019).

Por otro lado, se informa que la diversidad de la microbioma intestinal aumenta de carnívoro a omnívoro y herbívoro (Shetty et al., 2013). El consumo alto en fibra, a través de frutas, verduras y legumbres en sujetos con mayor adherencia a la dieta mediterránea se asoció con

un aumento en los niveles de ácido graso de cadena corta (AGCC) fecales que es producido por ciertas bacterias de los filos *Firmicutes* y *Bacteroidetes* capaces de degradar carbohidratos indigeribles, así como las especies *Faecalibacterium prausnitzii* y *Clostridium cluster XIVa* (bacterias productoras de butirado); con reducción de los metabolitos de colina circundante, como el óxido de trimetilamina (TMAO, del inglés *Trimethylamine N-oxide*), que se asocia con riesgo de enfermedades cardiovasculares (De Filippis et al., 2016; Tindall et al., 2018).

2.2.2.4. Medio ambiente o ubicación geográfica

La ubicación geográfica es un factor que afecta el estilo de vida y los hábitos alimentarios de las personas, dado que ciertos cultivos y hortalizas son fácilmente cultivables en determinadas condiciones climáticas y la variedad de los patrones dietéticos de cada población (Jang et al., 2017; Shetty et al., 2013). Debido a estas diferencias geográficas y culturales, la composición microbiana predominante es distinta en cada país.

Se ha encontrado diferencias significativas en la composición filogenética de la microbiota fecal entre tres poblaciones (entre 0 a 70 años), que incluyen amerindios (Venezuela), Malawi y EE. UU.; con principal diferencia entre las comunidades intestinales de EE. UU.,

observando predominio del género *Prevotella* en la microbiota infantil estadounidense, mientras que la familia *Enterococcaceae* predominó en los bebés de Malawi y Amerindio (Yatsunenko et al., 2012). Además, se halla disminución de las especies de *Lactobacillus* y *Bifidobacterium* en adultos de una aldea del sur de la India, y un aumento en *Bacteroides*, *Eubacterium rectale* y *Faecalibacterium prausnitzii* durante la niñez tardía en esta población (Shetty et al., 2013). Asimismo, se encontró predominio de las familias *Bifidobacteriaceae* y *Ruminococcaceae*, y los géneros *Bacteroides*, *Prevotella*, *Clostridium XIVa* y *Roseburia* en adolescentes coreanos (Jang et al., 2017).

2.2.2.5. Medicamentos.

La ingesta de medicamentos como los inhibidores de la bomba de protones y los antibióticos promueven cambios microbianos hacia los confines superiores del tracto gastrointestinal (Appanna, 2018). Siendo el uso de antibióticos, uno de los principales factores ambientales más conocidos, que puede alterar la composición de la microbiota lo que compromete la defensa del genoma; además, su uso excesivo, conlleva al aumento de patógenos resistentes a los antibióticos (Belizário & Napolitano, 2015; Clemente et al., 2012).

Los antibióticos utilizados comúnmente tienen un impacto general en la comunidad microbiana intestinal, ya que matan tanto a los patógenos como a las bacterias comensales y benéficas; sumado a que muchos antibióticos tienen efectos duraderos en la microbiota, algunos organismos no se recuperan incluso meses después y otros se pierden permanentemente, mientras que otros superan y persisten (Clemente et al., 2012; Petersen & Round, 2014; Shetty et al., 2013). A medida que la comunidad bacteriana intestinal se reconfigura después del tratamiento con antibióticos, hay una resistencia reducida a la colonización, permitiendo que los microbios extraños superen a las bacterias comensales y causen cambios permanentes en la estructura de la microbiota y diversos estados de enfermedad (Clemente et al., 2012).

2.2.3. Función de la microbiota intestinal

La interacción funcional de la microbiota intestinal y su huésped se ha visto relacionada con varias vías que incluyen el ribosoma, la carga de nucleótidos, la síntesis de ATP, glucólisis, gluconeogénesis, biosíntesis del monofosfato de inosina y la vía del shikimato (Almeida et al., 2021; Huttenhower et al., 2012). Por lo que, la participación de la microbiota intestinal en los procesos metabólicos, nutricionales e inmunológicos del cuerpo humano, afectan

directa o indirectamente a la mayoría de nuestras funciones fisiológicas (Gerritsen et al., 2011; Shreiner et al., 2015) y por consiguiente a la salud.

2.2.3.1. Función metabólica

La actividad metabólica de la microbiota intestinal hace una contribución importante al estado nutricional del huésped a través de su capacidad para sintetizar ciertas vitaminas y varios metabolitos activos, como los ácidos grasos de cadena corta (AGCC) (Linares et al., 2015). Por otro lado, las bacterias contribuyen a la síntesis de micronutrientes, como las vitaminas K y B; sin embargo, las vitaminas derivadas de la microbiota no son suficientes para sustentar la fisiología humana y su capacidad para producir vitaminas no es estable (Kho & Lal, 2018; Kolodziejczyk et al., 2019).

2.2.3.2. Función inmunológica

Las interacciones entre la microbiota y el sistema inmunológico del huésped son numerosas, complejas y bidireccionales (Shreiner et al., 2015). El sistema inmunológico abarca una red compleja de componentes innatos y adaptativos en todos los tejidos, y es importante en la defensa del huésped contra agentes externos potencialmente dañinos y perturbaciones endógenas de la homeostasis (Zheng et al., 2020). Para defender y mantener la homeostasis,

la respuesta inmune distingue entre organismos comensales y patógenos mediante diferentes respuestas de señalización, las cuales son una familia de receptores conocidos como los receptores de reconocimiento de patrones (PRRs, del inglés *Pattern recognition receptors*), que incluyen receptores tipo Toll (TLRs, del inglés *Toll-like receptors*) y receptores similares a dominios de oligomerización de unión a nucleótidos (NOD, del inglés *Nucleotide-binding oligomerization domain-like*) (Browne et al., 2017; L. Lin & Zhang, 2017). A la vez, la microbiota intestinal educa al sistema inmunológico para que funcione correctamente, ya que los comensales beneficiosos o los productos derivados afectan el fenotipo de la memoria innata en los sitios distantes de la mucosa o los tejidos periféricos (Negi et al., 2019; Shreiner et al., 2015).

Los microbios pueden ejercer efectos tanto patógenos como protectores dependiendo de la señalización microbiana específica a través de PRR y los patrones moleculares asociados a microbios (MAMP, del inglés *Micobial-associated molecular patterns*) y la posterior respuesta inmune (Barko et al., 2018). Los PRR son expresados por células inmunes innatas como células dendríticas, monocitos/macrófagos y células asesinas naturales (NK, del inglés *Natural Killer*) (Negi et al., 2019). Los MAMP se derivan de microbios intestinales e

inducen respuestas adaptativas por parte del sistema inmunológico, resultando en el efecto de memoria de las células inmunitarias innatas (J. Yang et al., 2020).

Los TLRs son receptores inmunitarios innatos clave para percibir los patrones moleculares asociados a patógenos (PAMP, del inglés, *Pathogen-associated molecular patterns*) que están presentes en diversos linajes de bacterias, como los componentes de la pared celular bacteriana (lipopolisacárido y peptidoglicano) y flagelina (Clemente et al., 2012; L. Lin & Zhang, 2017). Después de detectar los PAMP microbianos, los TLR permiten el inicio de respuestas inflamatorias y eliminan a los invasores patógenos (L. Lin & Zhang, 2017). Los receptores tipo NOD también reconocen moléculas microbianas y pueden formar oligómeros (inflamomas) que sirven como sensores de patrones asociados al daño (Clemente et al., 2012). Los inflamomas son complejos multiproteicos que están implicados en una amplia gama de procesos inflamatorios, incluida la muerte celular programada (Marchesi et al., 2016).

La respuesta inmunitaria ejerce su acción cuando las bacterias colonizan un hábitat humano determinado, el huésped restringe la colonización a través de la secreción de péptidos antimicrobianos (AMP, del inglés, *Antimicrobial peptides*), como la lipocalina asociada a la

gelatinasa de neutrófilo (NGAL, del inglés *Neutrophil gelatinase associated lipocalin*), las defensinas α y β y las catelicidinas, que regulan al alza para limitar la propagación de bacterias (Belizário & Napolitano, 2015; Browne et al., 2017). Una diferencia entre la colonización por patógenos y comensales, es que las bacterias patógenas utilizan un estado de inflamación derivado del huésped para propagarse, mientras que los comensales no lo hacen y por ende disminuyen en número o se pierden durante la disbiosis (Browne et al., 2017). La disbiosis se define como el desequilibrio microbiano, que indica pérdida de la diversidad de la microbiota intestinal, la cual se relaciona con enfermedades autoinmunes, obesidad y afecciones cardiometabólicas (Valdes et al., 2018).

Los péptidos antimicrobianos son uno de los sistemas filogenéticamente más antiguos de la inmunidad innata, que intervienen en el mantenimiento de la función de barrera de la mucosa (Zheng et al., 2020). De igual manera, las células dendríticas juegan un papel crítico en la compartimentación de la microbiota entérica e intervienen en la presentación del antígeno a las células T vírgenes, que se diferencian en células Treg (T reguladoras) (Barko et al., 2018; Zheng et al., 2020). Se ha demostrado que la microbiota comensal intestinal modula respuestas de células T y Treg, que son necesarias para una defensa eficaz del huésped contra

patógenos y la supresión de respuestas inflamatoria y autoinmunitaria, por lo que es importante en la inducción de tolerancia del huésped (Kho & Lal, 2018; L. Lin & Zhang, 2017; Petersen & Round, 2014).

La barrera intestinal es la primera línea de defensa contra patógenos, está influenciada por las interacciones con las células inmunes de la mucosa y la microbiota intestinal, la cual se compone de una capa mucosa y una capa epitelial que sirve como interfaz entre el mundo exterior y el entorno interno del huésped, produce moco y secreta factores inmunes; sin embargo, esta barrera es vulnerable a agresiones microbianas persistentes y componentes antigénicos de la dieta (Hayes et al., 2018; Kho & Lal, 2018; L. Lin & Zhang, 2017). Por lo que la pérdida de la integridad del epitelio intestinal aumenta la permeabilidad intestinal permitiendo que las bacterias intestinales, las toxinas bacterianas, las grasas y proteínas digeridas de forma incompleta y los desechos pasen del epitelio al torrente sanguíneo, desencadenando respuestas inflamatorias (Kho & Lal, 2018; H. Wang et al., 2018).

CAPÍTULO III:
MARCO METODOLÓGICO

3.1. ENFOQUE DE INVESTIGACIÓN

El presente estudio se desarrolla con un enfoque cualitativo, ya que se pretende recolectar y presentar los datos obtenidos de los estudios incluidos en la revisión sistemática. Durante la revisión se compara y se analiza la información recolectada de los diferentes artículos relacionados con el tema de investigación, para determinar los efectos de los patrones dietéticos y nutricionales vegetariana y omnívora sobre la microbiota intestinal.

3.2. TIPO DE INVESTIGACIÓN

La presente investigación es de tipo correlacional y descriptivo que, mediante la búsqueda y el análisis de los resultados obtenidos de los estudios incluidos para la revisión sistemática, se busca relacionar entre las variables de la investigación y describir la influencia de las dietas vegetariana y omnívora sobre la composición de la microbiota intestinal.

3.3. UNIDADES DE ANÁLISIS U OBJETOS DE ESTUDIO

En este apartado se informa sobre el objeto y el área de estudio, así como los tipos de fuentes de información consultadas para el sustento de la presente revisión sistemática, la población, la muestra elegida y, los criterios de inclusión y exclusión para la elegibilidad de los artículos científicos o publicaciones consultadas.

La unidad de estudio son los artículos científicos y publicaciones que, mediante una revisión sistemática de diversas bases de datos, cumplen con los criterios de inclusión para su posterior análisis y presentación de resultados.

3.3.1. Área de estudio

El área de estudio son los países en que se desarrollaron los artículos científicos seleccionados para la presente revisión, que incluyen Italia, India, Brasil, Suecia, China, Australia y Estados Unidos.

3.3.2. Fuentes de información primaria y secundaria

Las fuentes consultadas para el desarrollo de la presente investigación se obtienen de fuentes primarias y secundarias. Se realiza la búsqueda de información de fuente primaria para la redacción de los antecedentes, marco teórico, resultados y discusión. Mientras que las fuentes secundarias se consultan para complementar la información de los antecedentes y marco teórico y discusión.

3.3.3. Población

La población se refiere a los artículos que resulta mediante la búsqueda bibliográfica asociada con la problemática del estudio sobre los efectos de los patrones dietéticos y nutricionales vegetariano y omnívoro sobre la microbiota intestinal, que se obtiene un total de 3408 artículos.

3.3.4. Muestra

La muestra de estudio son todos los artículos científicos que cumplen con los criterios de inclusión para la revisión sistemática, del cual se extrae y se compara la información que

presenta los diferentes estudios para el análisis y discusión. Se obtiene un total de 11 artículos.

A continuación, en la Figura 1, se presenta el proceso de selección de artículos, que incluye el número de registros totales obtenidos que cumplen con los criterios de inclusión.

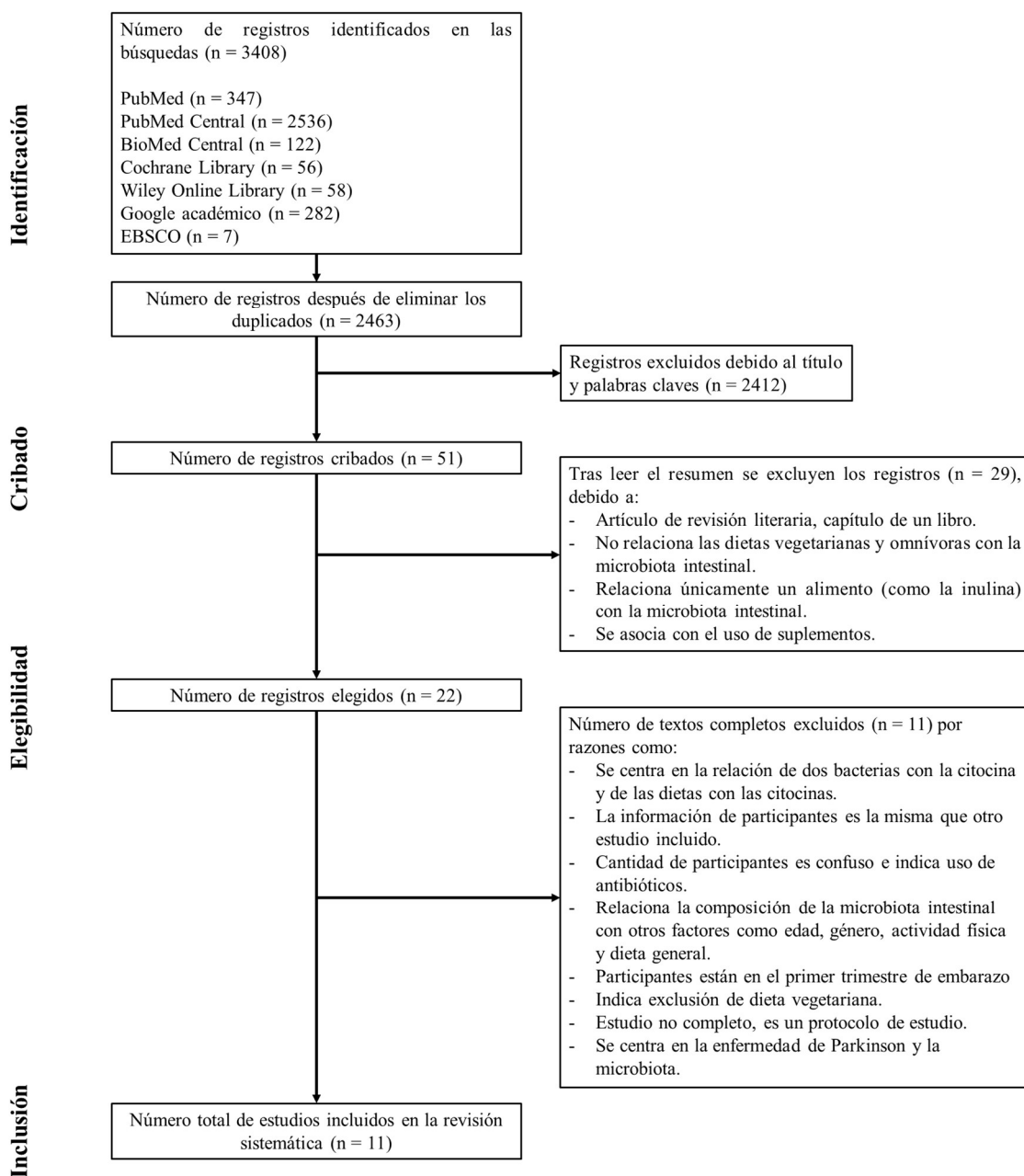


Figura 1. Diagrama de flujo de los procesos de recolección de datos, según la declaración PRISMA.

3.3.5. Criterios de inclusión y exclusión

A continuación, en la Tabla 1 se presenta los criterios de inclusión y exclusión empleados para la presente revisión.

Tabla N°1. Criterios de inclusión y exclusión

Criterios de inclusión	Criterios de exclusión
Población mayor de 18 años, de hombres y mujeres	Población de mujeres embarazadas o en períodos de lactancia
Ingesta de la dieta vegetariana (vegano, ovo-lacto-vegetariana, ovo-vegetariana o lacto-vegetariana) y la dieta omnívora (tipo occidentalizado, con principal consumo de carne animal)	Dietas semi-vegetariana, pesco-vegetariana y crudi-vegetariana
Ensayos controlados aleatorizados, ensayos clínicos, estudios de casos y controles, y estudio transversal, con 5 años de antigüedad	Estudios en animales o plantas Uso de probióticos, antibióticos o laxantes

Fuente: Elaboración propia, 2021.

3.4. INSTRUMENTO PARA LA RECOLECCIÓN DE DATOS

En este apartado se describe el instrumento diseñado para la recolección de datos necesarios para la revisión sistemática, la cual se describe a continuación:

Para la recolección de datos se construye una matriz de base de datos en la hoja de Microsoft Excel (ver Anexo 1) donde se enlista todos los resultados obtenidos de la búsqueda sistemática de los artículos científicos y su posterior revisión de texto completo, del cual se realizan múltiples pruebas y ajustes a la estructura de la base de datos; con el fin de guardar la información necesaria y detallada durante los procesos de búsqueda y revisión. El instrumento se diseña en base a las fases de la revisión sistemática de la declaración PRISMA, que son: identificación, cribado, elegibilidad e inclusión.

En cada una de las fases mencionadas, se recolecta la información necesaria para la selección de los artículos que cumplen con los criterios de inclusión (ver Anexo 1):

- En la parte de identificación, se incluye información del nombre de la base de datos, la ecuación de búsqueda realizada y los filtros añadidos.
- En la parte de cribado, se recolecta la información como el número del artículo, el título, el enlace de la página del artículo, el diseño del estudio y el año de publicación.
- En la parte de elegibilidad, se ingresa la información del resumen de artículo.
- Por último, en la parte de inclusión se recolecta información como el idioma, el objetivo, si indica o no comité de ética, número de población y muestra, lugar o país, criterios de inclusión/exclusión, métodos utilizados, resultados obtenidos, discusión y conclusión.

3.5. DISEÑO DE LA INVESTIGACIÓN

El diseño de la presente investigación es de tipo no experimental y transversal, ya que no hay manipulación de las variables de investigación, sino que se observa como tal en su contexto natural en un período determinado para su posterior análisis de resultados.

La presente revisión sistemática es una investigación no experimental transversal, ya que la búsqueda de artículos y recolección de datos se lleva a cabo desde octubre del 2020 hasta abril del 2021. Para efectuar la presente investigación, se realiza una búsqueda intensa sobre la microbiota intestinal y su relación con las dietas vegetariana y omnívora, que consta de información recuperada de artículos científicos y publicaciones con 5 años de antigüedad, desde 2016 al 2020; provenientes de diversas bases de datos, tales como PubMed, PubMed Central, BioMed Central, Cochrane Library, Wiley Online Library, Google Académico y EBSCO de la Universidad Hispanoamericana.

3.5.1. Términos, descriptores y palabras claves

La Tabla 2 presenta la ecuación de búsqueda tanto en inglés como en español realizada a través de la combinación de los siguientes términos.

Tabla N°2. Términos, descriptores y palabras claves utilizadas en la búsqueda sistemática

TÉRMINOLOGÍA EN ESPAÑOL	TERMINOLOGÍA EN INGLÉS
Microbiota intestinal y dietas vegetariana, omnívora	Gut microbiota and vegetarian, omnivorous diet
Microbiota intestinal y patrones dietéticos vegetarianos, omnívora	Intestinal microbiota and vegetarian, omnivorous dietary pattern
Microbiotaintestinal y patrón nutricional	Gut microbiota and nutritional pattern
Microbiota intestinal y dietas veganas, omnívoras	Gut microbiota and vegan, omnivorous diet
Microbiota gastrointestinal y dietas vegetarianas, omnívoras	Gastrointestinal microbiota and vegetarian, omnivorous diets
Microbioma gástrica y dietas vegetarianas, omnívoras	Gastric microbiome and vegetarian, omnivorous diets
Bacteria entérica y dietas vegetarianas, omnívoras	Enteric bacteria and vegetarian, omnivorous diets
Flora intestinal y dietas vegetarianas, omnívoras	Intestinal flora and vegetarian, omnivorous diets
Microbiota intestinal y a base de plantas Microflora intestinal y veganos, vegetarianos	Gut microbiota and plant-based Gut microflora and vegan, vegetarian
Virus, bacteria archaea intestinal y y dietas vegetarianas, omnívoras	Gut virus, bacteria, archaea and vegetarian, omnivorous diets

Fuente: Elaboración propia, 2021.

3.6. OPERACIONALIZACIÓN DE VARIABLES

A continuación, en la Tabla 3 se presenta la operacionalización de variables.

Tabla N°3. Operacionalización de variables

Objetivo específico	Variable	Definición conceptual	Definición operacional	Dimensión	Indicadores	Instrumento
Caracterizar los perfiles sociodemográficos de la población vegetariana y omnívora de los artículos de revisión seleccionados.	Perfiles sociodemográficos	Se refiere al conjunto de características demográfica, biológica y social de la muestra de estudio.	Se identifica los aspectos demográficos y sociales de la muestra de estudio.	Aspectos demográficos Aspectos sociales	Sexo Edad País Educación Tipo de alimentación Duración de la dieta vegetariana	Matriz de datos en la hoja de Excel
Describir los tipos de patrones dietéticos y nutricionales de los estudios seleccionados para la revisión sistemática.	Patrón dietético y nutricional	Se refiere a la combinación, frecuencia y cantidad de alimentos y nutrientes que componen las dietas vegetarianas y omnívoras.	Se identifica la variedad de los grupos de alimentos y nutrientes consumidos por la muestra de los estudios seleccionados.	Grupos de alimentos	Cereales Leguminosas Frutas Verduras Frutos secos y semillas Carnes de res, ave, pescado, cerdo. Lácteos Huevos	Matriz de datos en la hoja de Excel

Nutrientes

						Carbohidratos Proteínas Grasas Vitaminas y minerales	
Identificar la composición de la microbiota intestinal de la población de estudio.	Composición de la microbiota intestinal.	Se refiere al conjunto de microbios que coexisten en la microbiota intestinal.	Se identifica el ecosistema microbiano que conforman la microbiota intestinal.	Nivel de grado taxonómico	o Reino Filos Familia Género Especies		Matriz de datos cualitativos en la hoja de Excel

Fuente: Elaboración propia, 2021.

3.7. PLAN PILOTO

El plan piloto se basa en la estrategia de búsqueda realizada mediante la combinación de diferentes términos para formular la ecuación de búsqueda en las bases de datos PubMed, PubMed Central, BioMed Central, Cochrane Library, Wiley Online Library, Google Académico y EBSCO de la Universidad Hispanoamericana. De estas bases de datos, principalmente en PubMed, PubMed Central, Cochrane Library, Wiley Online Library y Google Académico, se logran encontrar los artículos que cumplen con los criterios de inclusión para la revisión sistemática.

La estrategia de búsqueda se realiza mediante las siguientes palabras, en combinación con los términos que se presenta en los Encabezados de Temas Médicos (MeSH, del inglés *Medical Subject Headings*) (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/mesh/?term=gut+microbiota>):

(gut microbiota OR human gut microbiota OR gastrointestinal microbiota OR gut flora OR gut microbiomes OR gut microflora) AND (vegetarian diet OR vegan) AND/OR (omnivorous diet OR omnivore).

3.8. REVISIÓN SISTEMÁTICA

La presente investigación se lleva a cabo mediante la metodología de la declaración PRISMA, donde se realiza una búsqueda intensa y detallada de las variables del estudio a través de diferentes combinaciones de las ecuaciones de búsqueda en las diferentes bases de datos, donde se define las palabras claves o terminologías que arrojan más resultados de la literatura requerida para la investigación; con el fin de abarcar la mayoría de los estudios recientes enfocados en las dietas vegetarianas y omnívoras sobre la composición de la microbiota intestinal, en otras bases de datos.

Las revisiones sistemáticas son estudios cuya población procede de un “estudio de estudios”, y como tal, en una revisión sistemática se recopila información generada por investigaciones clínicas de un tema determinado, mediante el uso de estrategias para limitar los sesgos y errores aleatorios (Manterola et al., 2013). La Declaración PRISMA consiste en una lista de comprobación de 27 ítems y un diagrama de flujo de cuatro fases, la cual tiene como objetivo mejorar la presentación de las revisiones sistemáticas y metaanálisis; además, puede ser útil para valoración crítica de revisiones sistemáticas publicadas, pero la lista de comprobación

PRISMA no es un instrumento para valorar la calidad de una revisión sistemática (Moher et al., 2009).

En la búsqueda de artículos para revisión sistemática, se identifican las bases de datos electrónicos centrados en revistas y publicaciones médicas y nutricionales, se limita la duración de las publicaciones de los artículos para incluir aquellos con 5 años de antigüedad y se revisan los estudios publicados en inglés y en español. También se identifican y se analizan estudios adicionales encontradas en las referencias bibliográficas de los artículos seleccionados, para obtener más información que pueda aportar en el análisis de la investigación.

En la revisión sistemática, se encuentran artículos con enfoques similares o que aborda contenido distinto a los propuestos, a pesar de ello, se da importancia a los estudios que contengan las variables de microbiota intestinal humana y, patrones dietéticos y nutricionales vegetariano y omnívoro como parte de sus resultados y análisis de datos.

Posterior a los resultados de la búsqueda de artículos, se realizan los siguientes patrones de revisión para seleccionar los estudios requeridos: se empieza por elegir los artículos mediante el título, el tipo de publicación, las palabras claves y el resumen, para conocer si cumplen con los criterios de inclusión establecidos; y luego se realiza la lectura completa del contenido.

La revisión sistemática se realiza en diferentes bases de datos y el proceso de búsqueda y revisión se realiza mediante las etapas de la declaración PRISMA, la cual se obtiene un total de 11 artículos, que se presenta en la Figura 1. Los términos o descriptores utilizados en las búsquedas de literatura se detallan en la Tabla 2, los resultados de la búsqueda de acuerdo con los términos usados en cada base de datos electrónicos se detallan en la Tabla 4 y, los resultados incluidos para la revisión según las bases de datos y las palabras claves, se detallan en la Tabla 5.

En la Tabla 4, se presenta los resultados obtenidos en la búsqueda bibliográfica por palabra clave en cada base de datos.

Tabla N°4. Resultados de la búsqueda bibliográfica según palabras claves en cada base de datos

Palabras claves	PubMed	PubMed Central	BioMed Central	Cochrane Library	Wiley Only Library	Google Académico	EBSCO (UH)
Gut microbiota and vegetarian, omnivorous diet	176	659	112	56	55	203	7
Intestinal microbiota and vegetarian, omnivorous dietary pattern	24	76	-	-	-	11	-
Gut microbiota and nutritional pattern	4	0	-	-	-	-	-
Gut microbiota and vegan, omnivorous diet	1	0	-	-	-	30	-

Gastrointestinal microbiota and vegetarian, omnivorous diets	42	26	-	-	-	-	-
Gastric microbiome and vegetarian, omnivorous diets	38	-	-	-	-	-	-
Enteric bacteria and vegetarian, omnivorous diets	10	-	-	-	-	-	-
Intestinal flora and vegetarian, omnivorous diets	8	30	10	-	3	38	-
Gut microbiota and plant-based	15	1745	-	-	-	-	-
Gut microflora and vegan, vegetarian	0	-	-	-	-	0	-
Gut virus, bacteria, archaea and vegetarian, omnivorous diets	29	-	-	-	-	-	-
Total de resultados por base de datos	347	2536	122	56	58	282	7

Fuente: Elaboración propia, 2021.

A continuación, en la Tabla 5 presenta los resultados incluidos en la revisión sistemática por palabra clave y base de datos.

Tabla N°5. Resultados incluidos en la revisión sistemática por base de datos y palabra clave

Base de datos electrónicos	Palabras claves	Total de estudios obtenidos
PubMed	Microbiota intestinal y patrones dietéticos, microbiota gastrointestinal y dietas vegetarianas, microbiota intestinal y dietas vegetarianas, omnívoras	4
PubMed Central	Microbiota intestinal y dietas vegetarianas, omnívoras	4
Wiley Only Library	Microbiota intestinal y dietas vegetarianas, omnívoras	1
Cochrane Library	Microbiota intestinal y dietas vegetarianas, omnívoras	1
Google académico	Microflora intestinal y vegetarianas, omnívoras	1
Total de estudios		11

Fuente: Elaboración propia, 2021.

3.9. PROCEDIMIENTOS DE RECOLECCIÓN DE DATOS

3.9.1. Revisión bibliográfica

Para iniciar con la investigación se realiza el sustento teórico mediante la búsqueda bibliográfica de artículos científicos, libros y publicaciones sobre los conceptos básicos y los conocimientos actuales del tema de interés, este proceso es importante y requerido para sentar las bases a fin de contribuir al desarrollo de la investigación; así como permite afinar la capacidad de búsqueda de información requerida. Por ello, se realizan investigaciones en revistas, artículos y documentos científicos teóricos, para el desarrollo del marco teórico y antecedentes del trabajo.

3.9.2. Datos de la revisión sistemática

Posterior a la revisión del sustento teórico de la investigación, se procede a recolectar los datos de la revisión sistemática, para lo cual identifica las bases de datos científicos relacionados con el área del tema de interés con el fin de realizar la búsqueda de la información, donde se toma en cuenta los términos de búsqueda y los criterios de inclusión y exclusión. Luego se realiza la búsqueda de los artículos y se introduce los resultados de la búsqueda en la matriz de base de datos (Anexo 1) diseñado.

3.10. ORGANIZACIÓN DE LOS DATOS

Posterior a la búsqueda de la información, se eligen los artículos que cumplen con los criterios de inclusión mediante la revisión de títulos, palabras claves y resumen; de los cuales, aquellos que cumplen con dichos criterios son seleccionados para la siguiente fase de revisión de lectura completa, que resulta en un total de 11 artículos para la revisión sistemática.

Para organizar la información de los artículos incluidos, se construye cuatro matrices de datos en el Microsoft Excel para la extracción y análisis de la información, que se divide en: características sociodemográficas de los participantes de los estudios incluidos, cantidad de ingesta dietética vegetariana y omnívora, composición de la microbiota intestinal y comparación de la microbiota intestinal con las dietas vegetariana y omnívora.

Las tablas de resultados se construyen en Excel y luego se da formato a las tablas en el documento Word en el capítulo de Resultados, que de manera general se presentan con: número de tabla, el título según los objetivos propuestos, en la parte inferior de la tabla se indica la fuente de la información obtenida y los detalles de cada tabla.

La tabla de las características sociodemográficas y clínicas de los participantes, se presenta la información principal: número de participantes, sexo, edad, país, educación, fumador (estilo de vida), duración de la dieta vegetariana, índice de masa corporal y estado de salud; en la parte inferior de la tabla se detalla la unidad de los datos, la cual se presenta en promedio o cantidad de mínimo a máximo y en porcentaje.

La tabla de los patrones dietéticos y nutricionales vegetariano y omnívoro, se presenta en dos tablas diferentes donde: en una, se presenta la ingesta diaria de nutrientes de los grupos vegetarianos y omnívoros con sus respectivas unidades, en kilocalorías o en gramos; en la parte inferior de la tabla se detalla que los datos se presentan como cantidad de mínimos a máximos. La otra tabla se describe los tipos de alimentos más consumido por los grupos vegetarianos y omnívoros.

La tabla de la composición de la microbiota intestinal se presenta según los grados taxonómicos, que son: filo, clase, familia, género y especie; de acuerdo con las abundancias relativas presentadas en cada estudio incluido según los grupos vegetarianos y omnívoros.

Para homogeneizar la variedad de abundancias microbianas de todos los artículos, se

establece rangos de cantidades y se presenta mediante flechas que significan mayor abundancia (↑), abundancia media (→) y baja abundancia (↓). En la parte inferior de la tabla se indica como mayor abundancia cuando la abundancia relativa presentada en los estudios son >10% o números medios >1000 o >200000000 UFC/g, se considera abundancia media cuando presenta >1% o números medios >100 o >50000000 UFC/g, y se considera abundancia baja cuando presenta <1% o números de medios <100 o <50000000 UFC/g.

Para la composición de la microbiota intestinal se clasifica según el grado o nivel taxonómico, de la cual se toma la información mostrada en los artículos incluidos, pero aquellos que no especifica el grado taxonómico se utiliza la página de navegador de taxonomía de PubMed Central (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/Taxonomy/Browser/wwwtax.cgi>) como referencia.

La tabla de los efectos de las dietas vegetarianas y omnívoras sobre la composición microbiana también se presenta según el grado taxonómico. Pero, a diferencia de la composición microbiana, sólo se incluyen los datos con cambios estadísticamente significativas (valor $p < 0.05$) según mostrado en los estudios incluidos; también se presentan las abundancias mediante flechas que significan mayor, media y baja abundancia, pero se establecen como tal, de acuerdo con la comparación de abundancias entre los grupos vegetarianos y omnívoros; esta información se detalla en la parte inferior de la tabla.

CAPÍTULO IV:
PRESENTACIÓN DE RESULTADOS

4.1. RESULTADOS DE LA INVESTIGACIÓN

En este capítulo se expone los resultados obtenidos tras la comparación y el análisis de los estudios incluidos para la revisión sistemática, del cual se divide en: características sociodemográficas de los participantes, descripción de la dieta de los participantes, diversidad de la microbiota intestinal de la población de estudio y el efecto de las dietas vegetariana y omnívora sobre la microbiota intestinal.

4.1.1. Características sociodemográficas de los participantes de los estudios incluidos.

El resultado de la búsqueda bibliográfica es de un total de 3408 artículos provenientes de siete bases de datos electrónicos y, posterior a la exclusión de los artículos que no cumplen con los criterios de inclusión y los duplicados, se obtienen 11 artículos para la revisión de lectura completa, la extracción y el análisis de la información.

De los artículos incluidos, ocho son estudios transversales (Das et al., 2018; De Filippis et al., 2016; Federici et al., 2017; Franco-de-Moraes et al., 2017; Losasso et al., 2018; Veca et al., 2020; F. Wang et al., 2019; C. Zhang et al., 2018), la cual se caracterizan por los participantes que consumen una dieta vegetariana a corto (menos de un año) y a largo plazo (más de un año); en tanto que tres artículos son ensayos clínicos aleatorizados (Djekic et al., 2020; Kahleova et al., 2020; Pagliai et al., 2020), que incluyen participantes con una ingesta dietética a corto plazo.

Las principales características sociodemográficas, dietéticas y clínicas de los participantes de los estudios se presentan en la Tabla 6. El total de participantes es de 983 adultos, donde el 40.2% son hombres y el 59.8% son mujeres, con edad promedio de entre 24 y 68 años. Los participantes proceden de siete países diferentes: Italia, 31.1% (De Filippis et al., 2016; Federici et al., 2017; Losasso et al., 2018; Pagliai et al., 2020); Brasil, 27.3% (Franco-de-Moraes et al., 2017); Estados Unidos, 17.1% (Kahleova et al., 2020); India, 8.5% (Das et al., 2018); Australia, 6.2% (Veca et al., 2020); Suecia, 6.1% (Djekic et al., 2020; C. Zhang et al., 2018); China, 3.7% (F. Wang et al., 2019). Sólo un estudio (Kahleova et al., 2020) presenta el nivel educativo de los participantes (que representa el 17% del total), donde hay mayor porcentaje de vegano con educación superior que los omnívoros; mientras que el resto de los estudios incluidos no reportan dicha información (que representa el 81% del total).

De todos los participantes, el 39.2% informan consumir una dieta omnívora (OMN), el 28.8% una dieta vegana (VEG) y el 30.1% una dieta lacto-ovo vegetariana (LOV); sin embargo, 19 participantes del estudio en India (Das et al., 2018) no reportan el tipo de dieta, a pesar de que están incluidos en el total de la muestra del estudio. De igual manera, 142 participantes masculinos (14.4%) y 168 participantes femeninos (17.1%) provenientes de tres estudios incluidos (Das et al., 2018; Franco-de-Moraes et al., 2017; Pagliai et al., 2020), no indican el tipo de dieta consumida según sexo, sino que presenta el total de participantes masculinos y femeninos.

En cuanto a la duración de la dieta vegetariana, el 40% del total de participantes indican consumir una dieta vegetariana a largo plazo o más de un año de ingesta y el 15% una dieta vegetariana a corto plazo o menos de un año.

Con respecto al estilo de vida, siete participantes de un estudio reportan ser fumadores (Veca et al., 2020). Del total de estudios, dos no indican la media del índice de masa corporal (IMC) (Das et al., 2018; Veca et al., 2020); en cambio en nueve estudios muestran que la población omnívora presenta un IMC levemente mayor en comparación con la población vegetariana (OMN: 20.8-33.6 kg/m²; LOV: 20.2-31.1 kg/m²; VEG: 19.8-32.6 kg/m²).

Con respecto a los datos clínicos, el 53.3% del total de participantes indican un estado de salud sano; mientras que en tres estudios (Djekic et al., 2020; Franco-de-Moraes et al., 2017; Kahleova et al., 2020) reportan presencia de exceso de peso (11.2%), prediabetes (8%), hipertensión (9%), diabetes tipo 2 (0.2%), sujetos que habían experimentado un infarto de miocardio por elevación del segmento ST (IAMCEST) (1.2%) e infarto de miocardio sin elevación del segmento ST (NSTEMI) (1.2%) antes del estudio, angina inestable (0.3%), angina (0.5%) y sobrepeso (17.1%) en los participantes.

Tabla N°6.

Principales características sociodemográficas, dietéticas y clínicas de la población vegetariana y omnívora de los estudios incluidos para la revisión sistemática

Características	TODOS	OMN	VEG	LOV	S. Inf.
<i>Datos sociodemográficos</i>					
Participantes, n (%)	983 (100%)	385 (39.2%)	283 (28.8%)	296 (30.1%)	19 (1.9%)
Sexo, n (%)					
Masculino	395 (40.2%)	105 (10.7%)	71 (7.2%)	77 (7.8%)	142 (14.4%)
Femenino	588 (59.8%)	169 (17.2%)	146 (14.9%)	105 (10.7%)	168 (17.1%)
Edad (mín. - máx.), años	28.1 a 67	24.8 a 67	29 a 49.6	26.9 a 68	
País de recolección de datos, n (%)					
Italia	306 (31.1%)	112 (11.4%)	87 (8.9%)	107 (10.9%)	
Brasil	268 (27.3%)	100 (10.2%)	66 (6.7%)	102 (10.4%)	
India	84 (8.5%)	28 (2.8%)	0	37 (3.8%)	19 (1.9%)
Suecia	60 (6.1%)	22 (2.2%)	0	38 (3.9%)	
China	36 (3.7%)	12 (1.2%)	12 (1.2%)	12 (1.2%)	
Australia	61 (6.2%)	27 (2.7%)	34 (3.5%)	0	
EE. UU.	168 (17.1%)	84 (8.5%)	84 (8.5%)	0	
Nivel educativo, n (%)					
Escuela secundaria	19 (1.9%)	11 (1.1%)	8 (0.8%)		
Asociados	1 (0.1%)	1 (0.1%)	0		

Universidad	52 (5.3%)	29 (3.0%)	23 (2.3%)		
Diploma de graduación	96 (9.8%)	43 (4.4%)	53 (5.4%)		
No reporta	796 (81.0%)	301 (30.6%)	199 (20.2%)	296 (30.1%)	
Fumador, n (%)	7 (0.7%)	6 (0.67%)	1 (0.1%)	0	
<i>Datos dietéticos</i>					
Duración de la ingesta vegetariana, n (%)					
1 a 3 meses	44 (4.5%)	N/A	1 (0.1%)	43 (4.4%)	
4 a 6 meses	87 (8.9%)	N/A	87 (8.9%)	0	
7 a 9 meses	7 (0.7%)	N/A	7 (0.7%)	0	
10 a 12 meses	10 (1.0%)	N/A	4 (0.4%)	6 (0.6%)	
>1 año	393 (40.0%)	N/A	183 (18.6%)	210 (21.4%)	
No reporta	38 (3.9%)	N/A	1 (0.1%)	37 (3.8%)	
<i>Datos clínicos</i>					
IMC (mín. - máx.), kg/m ²		20.8 - 33.6	19.8 - 32.6	20.2 - 31.1	
Estado de salud, n (%)					
Sano	524 (53.3%)	186 (18.9%)	133 (13.5%)	178 (18.1%)	27 (2.7%)
Exceso de peso	110 (11.2%)	55 (5.6%)	17 (1.7%)	38 (3.9%)	
Prediabetes	79 (8.0%)	36 (3.7%)	14 (1.4%)	29 (3.0%)	
Hipertensión	88 (9.0%)	40 (4.1%)	12 (1.2%)	36 (3.7%)	
Diabetes mellitus tipo 2	2	0		2	

	(0.2%)		(0.2%)
IAMCEST (infarto de miocardio por elevación del segmento ST)	12 (1.2%)	6 (0.6%)	6 (0.6%)
NSTEMI (infarto de miocardio sin elevación del segmento ST)	12 (1.2%)	8 (0.8%)	4 (0.4%)
Angina inestable	3 (0.3%)	0	3 (0.3%)
Angina	5 (0.5%)	1 (0.1%)	4 (0.4%)
Sobrepeso	168 (17.1%)	84 (8.5%)	84 (8.5%)

Fuente: Elaboración propia, 2021 (información obtenida de Das et al., 2018; De Filippis et al., 2016; Djekic et al., 2020; Federici et al., 2017; Franco-de-Moraes et al., 2017; Kahleova et al., 2020; Losasso et al., 2018; Pagliai et al., 2020; Veca et al., 2020; F. Wang et al., 2019; C. Zhang et al., 2018). Todos los datos mostrados son números de participantes (n), porcentaje (%) y la media o promedio de rangos mínimo a máximo (mín. a máx.). OMN: Omnívoro. VEG: Vegano. LOV: Lacto-ovo vegetariano. S. Inf: Sin información del tipo de dieta. N/A: No Aplica. Índice de Masa Corporal (IMC). IAMCEST (infarto de miocardio por elevación del segmento ST), NSTEMI (infarto de miocardio sin elevación del segmento ST).

4.1.2. Patrones dietéticos y nutricionales vegetariano y omnívoro

En cuanto a los patrones dietéticos y nutricionales de los participantes, en siete estudios (De Filippis et al., 2016; Djekic et al., 2020; Federici et al., 2017; Kahleova et al., 2020; Losasso et al., 2018; Pagliai et al., 2020; F. Wang et al., 2019) presentan la cantidad promedio de la ingesta diaria de energía y nutrientes consumidos por los participantes vegetarianos (refiriéndose tanto a los veganos como a los lacto-ovo vegetarianos) y omnívoros, la cual se muestra en la Tabla 7 mediante un rango de cantidad de mínimo a máximo.

Al comparar la ingesta diaria entre los dos grupos dietéticos, se observa mayor consumo de energía, proteína total y animal, grasa total, colesterol, grasa saturada y monoinsaturada en el grupo OMN en comparación con los vegetarianos. En cambio, en el grupo vegetariano, principalmente en los veganos, se muestra mayor consumo de carbohidratos, fibra, proteína vegetal y grasa poliinsaturada, en comparación con los omnívoros.

Tabla N°7.

Ingesta diaria de energía y nutrientes de los grupos vegetarianos y omnívoros de los estudios incluidos.

	VEG	LOV	OMN
Energía (kcal)	1294 - 2417	1649 - 2393	1663 - 2594
Carbohidratos (g)	145.54 - 365	134.71 - 293.52	116.44 - 295
Fibra (g)	14.5 - 49	10.9 - 34.5	5.7 - 41.76
Proteína total (g)	29.04 - 66	29.06 - 89.6	36.72 - 95
Proteína animal (g)	0 - 1.2	6.32 - 19	22.62 - 60
Proteína vegetal (g)	28.96 - 66	22.24 - 50	13.62 - 35
Lípidos/grasas (g)	24.3 - 82	30.41 - 96.7	43.62 - 110
Colesterol (mg)	0 - 5.1	53.59 - 183.2	132.75 - 513.2
Grasa saturada (g)	4.8 - 15	11.28 - 37.5	16.13 - 42
Grasa monoinsaturada (g)	7.9 - 46	21.66 - 49	21.73 - 50
Grasa poliinsaturada (g)	7.98 - 21	6.29 - 17	5.94 - 18

Fuente: Elaboración propia, 2021 (con información obtenida de De Filippis et al., 2016; Djekic et al., 2020; Federici et al., 2017; Kahleova et al., 2020; Losasso et al., 2018; Pagliai et al., 2020; F. Wang et al., 2019). Los datos mostrados son valores medios de rango mínimo a máximo. OMN: Omnívoro. VEG: Vegano. LOV: Lacto-ovo vegetariano.

De todos los artículos de la revisión, sólo un estudio presenta la ingesta alimentaria registrado durante siete días de los participantes vegetarianos y omnívoros, la cual se resume

en la Tabla 8; donde se muestra los grupos de alimentos de mayor consumo entre los grupos VEG, LOV y OMN.

Tabla N°8.

Los grupos de alimentos más consumidos durante siete días entre los grupos vegetarianos y omnívoros.

DIETAS	PRINCIPALES GRUPOS DE ALIMENTOS
VEG	Cereales, harinas, patata, leguminosas, frutas, jugos de frutas, vegetales, leche vegetal y derivado, aceites y grasas
LOV	Cereales, pan, patata, leguminosas, frutas, queso, huevos, vegetales, dulces
OMN	Pan, patata, jugos de frutas, carne, pescado, carne en conserva, leche animal y derivado, queso, huevos, dulces

Fuente: Elaboración propia, 2021 (Modificado de De Filippis et al., 2016). OMN: Omnívoro. VEG: Vegano. LOV: Lacto-ovo vegetariano.

4.1.3. Composición de la microbiota intestinal

En cuatro estudios muestran el porcentaje de los principales filos en la composición de la microbiota intestinal de los participantes, la cual se detalla en la Tabla 9.

Al comparar la abundancia de los principales filos, uno de los cuatro estudios muestra mayor porcentaje de *Bacteroidetes* (49.1%) (Losasso et al., 2018), lo que contradice con los resultados de los otros estudios que presentan mayor abundancia de *Firmicutes* (40.70% - 64.9%). A pesar de los diferentes porcentajes, se evidencia en todos los estudios incluidos la dominancia de dos filos, que son los *Firmicutes* y *Bacteroidetes*, seguido de los filos *Actinobacteria*, *Proteobacteria* y *Verrucomicrobia*. El dominio de los filos *Firmicutes* y

Bacteroidetes en la microbiota también se evidencia en las Tablas 10 y 11, donde los géneros y especies más abundantes se derivan de dichos filos.

Tabla N°9.

Los principales filos (o phylum) en los participantes de los estudios incluidos.

Bacteroidetes	Firmicutes	Actinobacteria	Proteobacteria	Verrucomicrobia	Autores, país
49.10%	40.61%		3.02%	0.11%	(Losasso et al., 2018), Italia
39.50%	40.70%				(Franco-de-Moraes et al., 2017), Brasil
13.60%	64.90%	14.80%		4.70%	(Pagliai et al., 2019), Italia
24%	62%	5.20%	4.20%	0.03 a 0.05%	(Das et al., 2018), India

Fuente: Elaboración propia, 2021 (información obtenida de Das et al., 2018; Franco-de-Moraes et al., 2017; Losasso et al., 2018; Pagliai et al., 2020).

Las Tablas 10 y 11 presentan los resultados obtenidos sobre la composición de la microbiota intestinal de los participantes; de las cuales, en la Tabla 10 se muestra las bacterias que ocupan mayor abundancia, mientras que la Tabla 11 se encuentran aquellas con una abundancia media y baja en la composición microbiana, de acuerdo con los resultados mostrados en los estudios incluidos.

Como se muestra en ambas tablas, la microbiota intestinal está dominada por el reino bacteria y en menor abundancia por las arqueas (o *archaea*). En la Tabla 10, se identifica en más de cinco estudios los géneros *Anaerostipes*, *Roseburia*, *Subdoligranulum*,

Faecalibacterium, *Blautia*, *Streptococcus* (*Firmicutes*) y *Bifidobacterium* (*Actinobacteria*), pero sólo uno o dos de los estudios hallan mayor abundancia de dichos géneros en la composición microbiana; en cambio, más de cuatro de los estudios identifican mayor abundancia de los géneros *Bacteroides* y *Prevotella* (*Bacteroidetes*). De igual manera, en la Tabla 11 se observa en más de cinco estudios la identificación de los géneros *Dorea*, *Veillonella*, *Dialister* (*Firmicutes*), *Alistipes*, *Paraprevotella*, *Parabacteroides*, *Odoribacter*, *Barnesiella* (*Bacteroidetes*) y *Collinsella* (*Actinobacteria*) con una abundancia media a baja en la composición microbiana de los participantes.

Las especies identificadas con mayor abundancia, presentadas en la Tabla 10, son *Faecalibacterium prausnitzii*, *Bacteroides stercoris* y *Prevotella copri*.

Del reino arquea se identifica el filo *Euryarchaeota*, del cual, en dos estudios hallan menor abundancia del género *Methanobrevibacter* y, en otro estudio halla menor abundancia del género *Methanosphaera* y su especie *Methanosphaera stadtmanae*.

Tabla N°10.

Composición de la microbiota intestinal que presenta mayor abundancia bacteriana en los participantes de los estudios incluidos.

Filo	Clase	Familia	Género	Especie	VEG	LOV	OMN	Referencias
Firmicutes					↑	↑	↑	[5] [6] [8]
	Clostridia				↑	↑	↑	[2] [8]
		Lachnospiraceae			↑	↑	↑	[2] [6] [8] [10]
					→	→	→	[7]
			Blautia		→	→	→	[1] [9] [10]
						→	↑	[8]
					↓	↓	↓	[7] [11]
						↑	↑	[3]
			Agathobacter			↑	↑	[3]
					→		→	[9]
			Lachnospira		→		↓	[9]
						→	→	[3]
					↑	↑	↓	[2]
			Anaerostipes		→	→	→	[3] [8] [9]
					↑		↑	[6]
					↓	↓	↓	[1] [10] [11]
			Roseburia		→	→	→	[3] [11] [9]
					↓	↓	↓	[7][8][5]
					↑	↑	↓	[2]

		↓	→	→	[10]
		↑		↑	[6]
Ruminococcaceae/Oscillospiraceae		↑	↑	↑	[6] [8] [10]
		→	→	→	[3] [7]
	Ruminococcus_2		↑	↑	[3]
			→	→	[8]
			→	↓	[1]
	Subdoligranulum		↑	↑	[3] [8]
		↓	↓	↓	[11]
		↓		→	[9]
		↓	→	↓	[7]
		→	↓	→	[10]
	Faecalibacterium	→	→	→	[5][7][8][9][11]
		→	→	↑	[10]
			↑	↑	[1][3]
	Faecalibact erium prausnitzii	↑		↑	[6]
	Oscillospira	↓	↑	↑	[2]
		↓	↓	↓	[3][7]
	L-Ruminococcus	↓	↓	↑	[2]
Clostridiaceae		↑	↑	↑	[2]

	Erysipelotrichia	Erysipelotrichaceae	↓	↓	↓	[3][10]
			↑	↑	↑	[2]
				→	→	[8]
	Bacilli	Streptococcaceae	↓	↓	↓	[10]
				→	↓	[8]
			↑	↑	↑	[2]
		Streptococcus		→	→	[1][3]
				→	↓	[8]
			↓	↓	↓	[9][10][11]
			↓	↓	↑	[2]
	Negativicutes	Veillonellaceae	→	→	↑	[10]
				↓	↓	[8]
			↑	↑	↑	[2]
		Selenomonadaceae		→	→	[1]
		Megamonas	→	→	↑	[10]
		Streptococcus-Lactococcus	↑	↑	↑	[4]*
Bacteroidetes			↑	↑	↑	[5][6][8]
	Bacteroidia			↓	↓	[3]
			↑	↑	↑	[2] [8]
		Bacteroidaceae	↑	↑	↑	[2] [7][10]
				→	→	[8]
		Bacteroides	↑	↑	↑	[3][5][7][9][10][11]

		→	→	→	[1][6][8]
	Bacteroides		↓	↓	[11]
	stercoris	→	→	↑	[10]
Porphyromonadaceae		↓	→	→	[10]
			↓	↓	[8]
		↑	↑	↑	[2]
Rikenellaceae		↓	↓	→	[10]
			↓	↓	[8]
		↑	↑	↑	[2]
Prevotellaceae		↑	↑	→	[10]
			↓	↓	[8]
		→	→	→	[7]
		↑	↑	↑	[2]
	Prevotella	→	→	→	[6][7][11]
		↑	↑	→	[10]
		↑	→	↑	[5]
			↑	↑	[1]
		↑	↑	↓	[2]
	Prevotella_9	→	↑	↑	[3][9]
	Prevotella				
	copri	↑	→	→	[10][11]
Actinobacteria		↑	↑	↑	[6][8]

	Actinomycetia			↑	→	[8]
		Bifidobacteriaceae	↓	↓	→	[10]
				↑	↓	[8]
			↑	↑	↑	[4]*
		Bifidobacterium	↑		↑	[6]
			→	↓	↓	[1] [9]
				↑	→	[8] [3]
			↓	↓	→	[10]
				→	→	[11]
	Coriobacteriia			↓	↓	[3]
				↑	↑	[8]
		Coriobacteriaceae	↓	↓	↓	[10]
			↑	↑	↑	[2]
Proteobacteria	Gamma proteobacteria	Enterobacteriaceae	→		→	[6]
			↑	↓	↓	[8][9]
			→	↓	↓	[10]
			→	→	↑	[4]*
		Succinivibrionaceae		↓	↓	[1]
		Succinivibrio	↓	↓	↑	[5]
		Halomonadaceae		↓	↓	[1]
		Halomonas	↓	↓	↑	[5]
<u>Verrucomicrobia</u>		Akkermansiaceae		→	→	[3]
		Akkermansia				

Verrucomicrobi
ae

→	↓	→	[7]
→	↓	↓	[1][9]
↑		↑	[6]

Fuente: Elaboración propia, 2021 (información obtenida de [1] Das et al., 2018; [2] De Filippis et al., 2016; [3] Djekic et al., 2020; [4] Federici et al., 2017; [5] Franco-de-Moraes et al., 2017; [6] Kahleova et al., 2020; [7] Losasso et al., 2018; [8] Pagliai et al., 2020; [9] Veca et al., 2020; [10] F. Wang et al., 2019; [11] C. Zhang et al., 2018). **Abundancia:** Mayor (↑): >10% o números medios >1000 o *>200000000 UFC/g. Medio (→): >1% o números medios >100 o *>50000000 UFC/g. Menor (↓): <1% o números de medios <100 o *<50000000 UFC/g.

Tabla N°11.

Composición de la microbiota intestinal con abundancia bacteriana media y baja en los participantes de los estudios incluidos.

Reino	Filo	Clase	Familia	Género	Especie	VEG	LOV	OMN	Referencias
Bacterias	Firmicutes	Clostridia	Lachnospiraceae	Blautia	Blautia hydrogenotrophica		↓	↓	[11]
					Blautia hansenii		↓	↓	[11]
				Anaerostipes	Anaerostipes caccae		↓	↓	[11]
				Dorea		→	↓	[1]	
						→	→	[3]	
						↓	↓	↓	[7][8][9][10][11]
					Dorea longicatena		↓	↓	[11]
				Coprococcus		↓	↓	↓	[7] [11]
						→	↓	↓	[10]
							→	↓	[1]
				Coprococcus_1			→	→	[3]
						↓	↓	↓	[8] [9]
				Coprococcus_2			→	→	[3]
						→	↓	↓	[8] [9]
				Coprococcus_3			→	→	[3]
						↓		↓	[9]
Lachnoclostridium		↓	→	→	[3] [8] [10]				
		↓		↓	[9]				
				Clostridium symbiosum	↓	↓	[11]		

Mediterraneibacter	Ruminococcus lactaris		↓	↓	[11]
	Ruminococcus torques	↓	↓	↓	[9] [11]
			→	→	[8]
Lachnospiraceae incertae sedis			→	→	[1]
Lachnospiraceae FCS020		↓	↓	↓	[3] [8] [9] [10]
Lachnospiraceae UCG.005		↓	↓	↓	[10]
Lachnospiraceae UCG.004		↓	↓	↓	[10]
Lachnospiraceae UCG.001		↓	↓	↓	[10]
Lachnospiraceae UCG.008		↓	↓	↓	[10]
Lachnospiraceae UCG.010		↓	↓	↓	[3] [10]
Lachnospiraceae NK4A136		→	→	→	[3] [9]
		→	↓	↓	[8] [10]
Lachnospiraceae_NC2004		↓	↓	↓	[8] [10]
Lachnospiraceae ND3007		↓	↓	↓	[9] [10]
Pseudobutyrvibrio		→	→	→	[7] [10]
(Sin rango)	Lachnospiraceae bacterium		↓	↓	[11]
1_4_56FAA					
(Sin rango)	Lachnospiraceae bacterium		↓	↓	[11]
3_1_57FAA CT1					
Oribacterium	Oribacterium sp. oral taxon		↓	↓	[11]
	108				
Fusicatenibacter			→	→	[3] [8]

		↓	↓	↓	[9] [10]
	Howardella		↓	↓	[1] [3] [7] [8]
	Butyrivibrio		→	→	[3] [7]
		↓	↓	↓	[7] [11]
	Shuttleworthia		↓	↓	[3] [11]
	Marvinbryantia		→	→	[3]
		↓	↓	↓	[9] [8]
	UC5-1-2E3		↓	↓	[3]
	GCA-900066755		↓	↓	[3]
	Roseburia	Roseburia inulinivorans	↓	↓	[11]
	Tyzzarella		↓	↓	[3] [9] [10]
	Tyzzarella_3		↓	↓	[3] [9]
	Anaerospobacter		↓	↓	[9]
Oscillospiraceae	Ruminococcaceae UCG-002	→	↓	→	[8] [9]
		→	↓	↓	[10]
	Ruminococcaceae UCG-003	↓	↓	↓	[9] [10]
	Ruminococcaceae UCG-004	↓		↓	[9]
	Ruminococcaceae UCG-005	↓	↓	↓	[8] [9] [10]
			→	→	[3]
	Ruminococcaceae UCG-007		↓	↓	[3]
	Ruminococcaceae UCG-009		↓	↓	[3]
	Ruminococcaceae UCG-010	↓		↓	[9]

Ruminococcaceae UCG-013		→	→	[3]
		↓	↓	[8] [9] [10]
Ruminococcaceae UCG-014		↓	↓	[10]
		→	↓	[9]
			→	[8]
Ruminococcaceae NK4A214		↓	↓	[10] [9]
			→	[3]
Ruminococcus_1			→	[3]
		↓	↓	[8] [9]
Ruminiclostridium		↓	↓	[9] [10]
Ruminiclostridium_5		↓	↓	[8] [9]
			→	[3]
Ruminiclostridium_6		↓	↓	[9]
Ruminiclostridium_9		↓	↓	[9]
Flavonifractor		↓	↓	[3] [1] [9] [10]
(Sin rango) Oscillospiraceae	Oscillospiraceae bacterium VE202-24	↓	↓	[10]
Oscillibacter		↓	↓	[3] [11] [9]
			→	[1]
Hydrogenoanaerobacterium		↓	↓	[3] [7]
Angelakisella			↓	[3]
Anaerofilum			↓	[3]

	Anaerotruncus	↓	↓	↓	[10] [11]
	Pseudoflavonifractor		↓	↓	[11]
	Sporobacter		↓	↓	[1]
	Ruminococcus	↓	→	→	[10]
		→	→	→	[1] [7] [11]
			↓	↓	[11]
	Ruminococcus sp. SR1/5		↓	↓	[11]
	Ruminococcus gauvreauii	↓		↓	[9]
	Fournierella	↓		↓	[9]
Ruminococcaceae	DTU089		↓	↓	[3]
Peptostreptococcaceae		↓	↓	↓	[10]
			→	→	[8]
	Peptostreptococcus		↓	↓	[11]
	Peptostreptococcus anaerobius		↓	↓	[11]
	Filifactor		↓	↓	[11]
	Intestinibacter		→	→	[8] [3]
		↓	↓	↓	[10]
	Romboutsia	↓	↓	↓	[9] [10]
			→	→	[3]
	Terrisporobacter	↓	↓	↓	[9] [3]
Clostridiaceae	Clostridium	→		→	[6]
		↓	↓	↓	[7] [11]
	Clostridium kluyveri		↓	↓	[11]

		Clostridium XVIII	↓	↓	[1]
		Clostridium IV	↓	↓	[1]
		Butyricicoccus	→	→	[3]
			↓	↓	[1] [8] [9]
Clostridiaceae_1			↓	↓	[8] [10]
		Clostridium sensu stricto 1	↓	↓	[1] [9] [8] [10]
			→	→	[3]
Clostridiales XIII					
Incertae_Sedis		Anaerovorax	↓	↓	[1]
Family_XIII			↓	↓	[3] [8] [10]
		Family XIII UCG-001	↓	↓	[3]
		Family_XIII_AD3011	↓	↓	[3] [8] [9]
Natranaerobiaceae		Natranaerobius	↓	↓	[11]
Thermoanaerobact		Moorella	↓	↓	[11]
eraceae					
Eubacteriaceae		Acetobacterium	0	↓	[11]
		Eubacterium	↓	↓	[1] [6] [11]
		Eubacterium	→	→	[8] [9]
		coprostanoligenes	↓	↓	[10]
		Eubacterium ruminantium	↓	↓	[8] [9] [10]
		Eubacterium ventriosum	↓	↓	[8] [9] [10] [11]
		Eubacterium xylanophilum	↓	↓	[9]

		Eubacterium nodatum	0		↓	[9]
		Eubacterium hallii	↓	↓	↓	[9] [11]
		Eubacterium eligens	↓		↓	[9]
	Christensenellaceae		↓	→	→	[7]
				↓	→	[8]
			↓	↓	↓	[10]
		Christensenellaceae	↓	↓	↓	[8] [10]
		R 7	→		↓	[9]
	Peptococcaceae		↓	↓	↓	[3] [7]
		Peptococcus	↓	↓	↓	[1] [9]
		Desulfitobacterium		↓	↓	[11]
	Thermoanaerobacteraceae			↓	↓	[11]
		Caldanaerobacter		0	↓	[11]
		Thermoanaerobacter		↓	↓	[11]
		pseudethanolicus				
(Sin rango)	Eubacteriales incertae sedis	Gemmiger		→	→	[1]
(Sin rango)	Eubacteriales incertae sedis	Bacteroides pectinophilus	↓	↓	↓	[9] [11]
(Sin rango)	Firmicutes sensu stricto incertae sedis	Negativibacillus		↓	↓	[3]
		(Sin rango) Firmicutes bacterium	↓		0	[9]
		(Sin rango) Bacterium adhufec202	↓		↓	[9]

Erysipelotrichia			→	→	[8]
Erysipelotrichacea	Erysipelotrichaceae UCG-003		↓	↓	[9] [10]
e	Erysipelotrichaceae UCG-004		↓	↓	[9]
	Holdemanella		→	→	[3]
	Erysipelotrichaceae incertae sedis		→	→	[1]
	Erysipelatoclostridium		↓	↓	[3] [9]
		Clostridium ramosum		↓	[11]
		Clostridium spiroforme		↓	[11]
	Bulleidia		↓	↓	[11]
		Bulleidia extracta		↓	[11]
	Catenibacterium		→	→	[1] [3]
	Turcibacter		→	↓	[3]
			↓	↓	[1] [8] [9] [11]
	(Sin rango) Erysipelotrichaceae	Erysipelotrichaceae		↓	[11]
		bacterium 5_2_54FAA		↓	[11]
	Holdemania		↓	↓	[3] [9] [11]
	Candidatus-stoquefichus		↓	0	[9]
Bacilli				→	[8]
Lactobacillaceae	Lactobacillus		↓	↓	[3] [9] [11]
				→	[1]
		Lactobacillus salivarius		↓	[11]
		Lactobacillus amylovorus		↓	[11]

		Lactobacillus plantarum		↓	↓	[11]	
	Enterococcaceae	Enterococcus	↓	↓	↓	[1] [7] [9] [11]	
			↓	→	→	[4]*	
		Enterococcus gallinarum		↓	↓	[11]	
		Enterococcus casseliflavus		↓	↓	[11]	
		Enterococcus faecium		↓	↓	[11]	
	Streptococcaceae	Streptococcus		↓	↓	[11]	
			Streptococcus peroris		↓	↓	[11]
			Streptococcus thermophilus		↓	↓	[11]
			Streptococcus mitis		↓	↓	[11]
			Streptococcus pyogenes		↓	↓	[11]
			Streptococcus sp. oral taxon 056		↓	↓	[11]
		Lactococcus	↓	↓	↓	[9] [3] [11] [7]	
Negativicutes	Staphylococcaceae	Staphylococcus		↓	↓	[11]	
			↓	↓	→	[4]*	
			Macrococcus		↓	↓	[11]
				↓	↓	[8]	
	Acidaminococcaceae		→	→	→	[10]	
		Phascolarctobacterium	→	→	→	[3] [10]	
				↓	↓	[8] [1] [11]	
			↓	→	→	[7] [9]	
		Phascolarctobacterium succinatutens		↓	↓	[11]	

Bacteroidetes			Acidaminococcus		↓	↓	↓	[1][3][7][9][11]	
			Acidaminococcus fermentans			↓	↓	[11]	
		Veillonellaceae	Veillonella		↓	↓	↓	[1][8][9][10][11]	
						→	↓	[3]	
				Veillonella dispar			↓	↓	[11]
				Veillonella parvula			↓	↓	[11]
				Veillonella atypica			↓	↓	[11]
				Veillonella sp. oral taxon 780			↓	↓	[11]
		Veillonellaceae	Megasphaera		→	↓	→	[6] [1]	
						↓	↓	↓	[10] [11]
		Veillonellaceae	Dialister		↓	↓	↓	[9] [11]	
					→	↓	→	[7]	
					→	→	→	[1] [3] [10]	
				Dialister invisus			↓	↓	[11]
		Selenomonadaceae	Mitsuokella				↓	↓	[1] [11]
		Tissierellia	Peptoniphilaceae	Parvimonas	Parvimonas micra		↓	↓	[11]
				Finegoldia	Finegoldia magna		↓	↓	[11]
				Peptoniphilus	Peptoniphilus duerdenii		↓	↓	[11]
		Bacteroidia	Bacteroidaceae	Bacteroides	Bacteroides fragilis	→	→	→	[4]* [6]
						↓	→	→	[10]
			Bacteroides finegoldii			↓	↓	[11]	

Bacteroides stercoris CAG	↓	↓	→	[10]
Bacteroides clarus	↓	↓	↓	[10] [11]
Bacteroides faecichinchillae	↓	↓	↓	[10]
Bacteroides gallinarum	↓	↓	↓	[10]
Bacteroides sartorii	↓	↓	↓	[10]
Bacteroides sp. 1_1_14	↓	↓	↓	[10]
Bacteroides sp. 1_1_30	↓	↓	↓	[10]
Bacteroides sp. 1_1_6	↓	↓	↓	[10]
Bacteroides sp. 2_1_22	↓	↓	↓	[10]
Bacteroides sp. 2_1_33B	↓	↓	↓	[10]
Bacteroides sp. 2_2_4	↓	↓	↓	[10]
Bacteroides sp. 3_1_19	↓	↓	↓	[10]
Bacteroides sp. 3_1_23	↓	↓	↓	[10]
Bacteroides sp. 3_1_40A	↓	↓	↓	[10]
Bacteroides sp.4_3_47FAA	↓	↓	↓	[10]
Bacteroides sp. D22	↓	↓	↓	[10]
Bacteroides sp. I48	↓	↓	↓	[10]
Bacteroides vulgatus	→	→	→	[10]
Bacteroides vulgatus CAG	↓	↓	↓	[10]
Bacteroides xylanisolvens	↓	↓	↓	[10] [11]
Bacteroides acidifaciens	↓	↓	↓	[10]

		Bacteroides cellulolyticus	↓	↓	↓	[10]
		CAG				
		Bacteroides uniformis		→	→	[11]
		Bacteroides ovatus		↓	↓	[11]
		Bacteroides ovatus CAG	↓	↓	↓	[10]
		Bacteroidales bacterium 55_9	↓		↓	[9]
Porphyromonadae	Porphyromonas			↓	↓	[11]
		Porphyromonas endodontalis		↓	↓	[11]
		Porphyromonas gingivalis		↓	↓	[11]
		Porphyromonas sp. 31_2	↓	↓	↓	[10]
Rikenellaceae	Alistipes		→	→	→	[3][7][9][11]
			↓	↓	→	[10]
				↓	↓	[1][8]
		Alistipes sp. HGB5		↓	↓	[11]
		Alistipes shahii		↓	↓	[11]
		Alistipes putredinis CAG	↓	↓	↓	[10]
		Alistipes putredinis	↓	↓	→	[10]
				→	→	[11]
Prevotellaceae	Prevotella_7			↓	↓	[3]
			↓		→	[9]
	Prevotella_2		↓		→	[9]

		Prevotella sp. oral taxon 472	↓	↓	[11]	
		Prevotella disiens	↓	↓	[11]	
		Prevotella buccalis	↓	↓	[11]	
		Prevotella oris	↓	↓	[11]	
		Prevotella tannerae	↓	↓	[11]	
		Prevotella sp. oral taxon 299	↓	↓	[11]	
		Prevotella amnii	↓	↓	↓	[10]
		Prevotella bivia	↓	↓	↓	[10]
		Prevotella bryantii	↓	↓	↓	[10]
		Prevotella buccae	↓	↓	↓	[10]
		Prevotella copri CAG	→	→	↓	[10]
		Prevotella sp. AGR2160	↓	↓	↓	[10]
		Prevotella sp. CAG	→	→	↓	[10]
		Prevotella sp. KHD1	↓	↓	↓	[10]
		Prevotella sp. P5-60	↓	↓	↓	[10]
		Prevotella stercorea CAG	↓	↓	↓	[10]
	Paraprevotella		↓	↓	↓	[1] [3] [7] [8] [9] [10] [11]
	Hallella			↓	↓	[1]
	Alloprevotella		↓		↓	[9]
				→	→	[1]
Tannerellaceae	Parabacteroides		→	→	→	[3] [7] [9]

	Corynebacteriaceae		↓	↓	↓	[4]*
	Actinomycetaceae	Mobiluncus		↓	↓	[11]
		Actinomyces	↓	↓	↓	[1] [3] [9] [11]
	Micromonosporaceae	Actinoplanes		↓	↓	[11]
	Micrococcaceae	Micrococcus		↓	0	[11]
		Micrococcus luteus		↓	↓	[11]
	Nocardiaceae	Rhodococcus		↓	↓	[1]
Coriobacteriia	Coriobacteriaceae	Collinsella		→	→	[1] [3] [8]
		Collinsella aerofaciens	↓	↓	↓	[9] [10] [11]
	Atopobiaceae	Atopobium	↓	↓	↓	[10]
		Lancefieldella		↓	↓	[11]
		Olsenella		↓	↓	[1] [3] [9] [11]
	Eggerthellaceae	Cryptobacterium		↓	↓	[11]
		Eggerthella		↓	↓	[1] [3] [8] [11]
		Enterorhabdus		→	→	[8]
		Adlercreutzia	↓	↓	↓	[1] [9]
		DNF00809	↓	↓	↓	[3] [9] [10]
		Senegalimassilia		↓	↓	[3]
		Slackia	↓	↓	↓	[1] [3] [9] [11]

Proteobacteria

					↓	↓	[8]
				→		→	[6]
Alphaproteobac	Caulobacteraceae	Brevundimonas			↓	↓	[1]
teria	Bradyrhizobiaceae	Rhodopseudomonas			↓	↓	[11]
	Rhodobacteraceae	Ruegeria			↓	↓	[11]
		Thalassospira		→	↓	→	[7]
	Rhodospirillaceae	Azospirillum	Azospirillum sp. 47_25	↓		0	[9]
Betaproteobacteria					0	↓	[8]
	Oxalobacteraceae	Oxalobacter		↓	↓	↓	[3] [9] [11]
	Alcaligenaceae			↓	→	↓	[8] [10]
		Taylorella			↓	↓	[11]
	Sutterellaceae	Parasutterella		↓	↓	↓	[1] [3] [10] [11]
				↓		→	[9]
		Sutterella		→	→	→	[7] [9]
					↓	↓	[1]
	Comamonadaceae	Pelomonas		↓	↓	↓	[1] [7]
	Comamonadaceae	Delftia		0		↓	[9]
	Neisseriaceae	Neisseria			↓	↓	[11]
				↓	0	0	[7]
			Neisseria mucosa		↓	↓	[11]
Gammaproteobacteria					↓	↓	[8]
	Pasteurellaceae			↓	↓	↓	[10]

Histophilus		↓	↓	[11]
Haemophilus		↓	↓	[1][3][9][10][11]
	Haemophilus influenzae		↓	[11]
	Haemophilus haemolyticus		↓	[11]
	Haemophilus parainfluenzae		↓	[11]
Aggregatibacter			↓	[11]
	Aggregatibacter segnis		↓	[11]
	Aggregatibacter actinomycetemcomitans		↓	[11]
Actinobacillus			↓	[11]
	Actinobacillus pleuropneumoniae		0 ↓	[11]
Escherichia		↓	↓	→ [7] [11]
Escherichia/Shigella			→	→ [3]
			↓	→ [1]
		↓	↓	↓ [8] [9] [10]
Enterobacter			→	→ [1]
		↓	↓	↓ [8] [9] [11]
Klebsiella		↓	↓	↓ [1][3][9][10] [11]
	Klebsiella aerogenes		↓	↓ [11]
	Klebsiella oxytoca		↓	↓ [11]

	Burkholderiaceae	Sutterella		→	→	→	[3] [7]
				↓	↓	↓	[10] [11]
		Ralstonia			0	↓	[11]
	Aeromonadaceae	Aeromonas-Pseudomonas		→	→	→	[4]*
	Pseucomonadaceae	Pseudomonas		↓	↓	→	[7]
				↓	↓	↓	[1] [9] [11]
	Morganellaceae	Proteus			↓	↓	[11]
			Proteus mirabilis		↓	↓	[11]
	Xanthomonadaceae	Stenotrophomonas			↓	↓	[11]
	Vibrionaceae	Vibrio			→	→	[1]
					↓	↓	[11]
	Hafniaceae	Edwardsiella	Edwardsiella ictaluri/tarda		↓	↓	[11]
	Moraxellaceae	Acinetobacter	Acinetobacter baumannii		↓	↓	[11]
Deltaproteobacteria	Desulfovibrionaceae			↓	↓	↓	[10]
		Lawsonia	Lawsonia intracellularis		↓	↓	[11]
		Desulfovibrio		↓	↓	↓	[9] [11]
			Desulfovibrio aespoensis		↓	↓	[11]
			Desulfovibrio alaskensis		↓	↓	[11]
			Desulfovibrio piger		↓	↓	[11]
		Bilophila		↓	↓	↓	[1][3][9][10] [11]

				Bilophila wadsworthia	↓	↓	↓	[10] [11]
				Bilophila sp. 4_1_30	↓	↓	↓	[10]
		Geobacteraceae	Geobacter	Geobacter sp. M18		↓	↓	[11]
		Syntrophobacteraceae	Syntrophobacter			↓	↓	[11]
				Syntrophobacter fumaroxidans		↓	↓	[11]
	Epsilonproteobacteria	Campylobacteraceae	Campylobacter			↓	↓	[11]
				Campylobacter concisus		↓	↓	[11]
	Verrucomicrobia					→	→	[8]
		Verrucomicrobiae				→	→	[8]
			Verrucomicrobiaceae		→	↓	→	[7]
						→	→	[8]
Espirochetas			Leptospira			↓	↓	[11]
Fusobacteria	Fusobacteriia	Leptotrichiaceae	Streptobacillus			↓	↓	[11]
		Fusobacteriaceae	Fusobacterium		↓		0	[9]
						↓	↓	[11]
				Fusobacterium ulcerans		↓	↓	[11]
Cyanobacteria	Melainabacteria					↓	↓	[3]

Archea	Tenericut ae	Mollicutes			↓	↓	[3]			
		Anaeroplasmataceae	Asteroleplasma		↓	↓	[1] [9]			
					↓	→	↓	[7]		
	Lentisphaeria ae	Victivallaceae	Victivallis		↓	↓	↓	[3] [7] [9] [11]		
	Cloroflexi ae	Dehalococcoidia	Dehalococcoidaceae	Dehalococcoides			↓	↓	[11]	
			(Sin rango)	Dehalogenimonas			0	↓	[11]	
				Dehalogenimonas lykanthroporepellens				↓	↓	[11]
								↓	↓	[8]
	Euryarchaeota		Methanobacteria					↓	↓	[8]
		Methanobacteriaceae	Methanobrevibacter		→	→	→	[3] [6]		
							↓	↓	[8] [11]	
					↓		0	[9]		
		Methanosphaera					↓	↓	[11]	
			Methanosphaera stadtmanae				↓	↓	[11]	

Fuente: Elaboración propia, 2021 (información obtenida de [1] Das et al., 2018; [2] De Filippis et al., 2016; [3] Djekic et al., 2020; [4] Federici et al., 2017; [5] Franco-de-Moraes et al., 2017; [6] Kahleova et al., 2020; [7] Losasso et al., 2018; [8] Pagliai et al., 2020; [9] Veca et al., 2020; [10] F. Wang et al., 2019; [11] C. Zhang et al., 2018).] **Abundancia:** Medio (→): >1% o números medios >100 o *>50000000 UFC/g. Menor (↓): <1% o números de medios <100 o *<50000000 UFC/g.

4.1.4. Efectos de las dietas vegetariana y omnívora sobre la microbiota intestinal

En la Tabla 12, se presenta la comparación de la diferencia que resulta estadísticamente significativa entre las dietas vegetarianas y omnívoras sobre la composición de la microbiota intestinal de los estudios incluidos. En todos los estudios se indican como diferencia estadísticamente significativa cuando los resultados muestran un valor-p <0.05 . Los 11 estudios presentan taxones de diferente grado inferior, donde ocho estudios muestran taxones a nivel de género y tres a nivel de especie.

Los cambios significativos a nivel de filo *Bacteroidetes* se hallan en tres de cuatro estudios que muestran mayor abundancia en los LOV y todos los cuatro estudios indican mayor abundancia en VEG; y en dos estudios muestran mayor abundancia de *Firmicutes* en los vegetarianos.

En dos estudios muestran cambios significativos en la familia *Bacteroidaceae* con mayor abundancia en LOV, mayor abundancia del género *Lachnospira* en los vegetarianos; mientras que los géneros *Clostridium sensu stricto*, *Oscillospira*, *Phascolarctobacterium* y *Bilophila* son más abundantes en los OMN. En tres estudios concuerdan que los géneros *Anaerostipes*, *Roseburia* y *Faecalibacterium* son más abundantes en los vegetarianos; mientras que los géneros *Parabacteroides* y *Alistipes* son más abundantes en los OMN. En cuatro estudios muestran mayor abundancia del género *Bacteroides* en los vegetarianos, pero dos de los cuatro estudios muestran mayor abundancia en OMN. De igual manera, en cuatro

estudios muestran cambios significativos del género *Prevotella*, en el que tres de cuatro estudios indican mayor abundancia en los VEG, mientras que en un estudio resulta mayor abundancia en OMN.

Sólo en tres estudios se presentan las bacterias a nivel de especie. De las cuales, en dos estudios muestran cambios significativos a nivel de especie *Bacteroides fragilis* con mayor abundancia en los OMN y LOV, *Bacteroides ovatus* con mayor abundancia en LOV; mientras que los *Bacteroides stercoris* y *Alistipes putredinis* son más abundantes en los OMN.

Tabla N°12.

Comparación de los efectos de las dietas vegana, lacto-ovo vegetariana y omnívora sobre la microbiota intestinal de los estudios incluidos.

Filo	Clase	Familia	Género	Especies	VEG	LOV	OMN	Referencias
Bacteroidetes					↑	↑	↓	[2][6][7]
					↑	↓	→	[5]
	Bacteroidia	Bacteroidaceae			↓	↑	↓	[7]
					↓	↑	↑	[10]
			Bacteroides		↓	↑	↑	[9] [10]
					→	↑	↓	[7]
					↑	→	↑	[5]
				Bacteroides uniformis		↑	↓	[11]
				Bacteroides finegoldii		↓	↑	[11]
				Bacteroides clarus	↓	↓	↑	[10]
				Bacteroides faecichinchillae	↓	↑	↓	[10]
				Bacteroides fragilis	↓	↑	↑	[6] [10]
				Bacteroides gallinarum	↓	↓	↑	[10]
				Bacteroides ovatus	↓	↑	↓	[10] [11]
				Bacteroides ovatus CAG	↓	↑	→	[10]
				Bacteroides sartorii	↓	↑	↑	[10]
				Bacteroides sp. 1_1_14	↓	↑	→	[10]
				Bacteroides sp. 1_1_30	↓	↑	→	[10]

	Bacteroides sp. 1_1_6	↓	↑	→	[10]
	Bacteroides sp. 2_1_22	↓	↑	↑	[10]
	Bacteroides sp. 2_1_33B	↓	↑	→	[10]
	Bacteroides sp. 2_2_4	↓	↑	→	[10]
	Bacteroides sp. 3_1_19	↓	↑	↑	[10]
	Bacteroides sp. 3_1_23	↓	↑	↓	[10]
	Bacteroides sp. 3_1_40A	↓	→	↑	[10]
	Bacteroides sp.4_3_47FAA	↓	↓	↑	[10]
	Bacteroides sp. D22	↓	↑	↑	[10]
	Bacteroides sp. I48	↓	↑	→	[10]
	Bacteroides stercoris	↓	↓	↑	[10] [11]
	Bacteroides stercoris CAG	↓	↓	↑	[10]
	Bacteroides vulgatus	↓	→	↑	[10]
	Bacteroides vulgatus CAG	↓	↓	↑	[10]
	Bacteroides xylanisolvens	↓	↑	→	[10]
	Bacteroides acidifaciens	→	↑	↓	[10]
	Bacteroides cellulosilyticus	↓	↑	↓	[10]
	CAG				
Porphyromonadaceae	Porphyromonas		↑	↓	[11]
	Porphyromonas gingivalis		↓	↑	[11]
	Porphyromonas sp. 31_2	↓	↓	↑	[10]
Prevotellaceae		↑	→	↓	[10]

	↓	↓	↑	[7]
Prevotella_9	↓		↑	[9]
Prevotella_2	↓		↑	[9]
Prevotella	↑	↓	→	[5]
	↑	↑	↓	[2]
	↑	→	↓	[10]
		↓	↑	[1]
Prevotella buccalis		↓	↑	[11]
Prevotella oris		↓	↑	[11]
Prevotella sp.oral taxon 472		↓	↑	[11]
Prevotella sp.oral taxon 299		0	↑	[11]
Prevotella tanneriae		↓	↑	[11]
Prevotella amnii	↑	→	↓	[10]
Prevotella bivia	↑	↓	↓	[10]
Prevotella bryantii	↑	→	↓	[10]
Prevotella buccae	↑	→	↓	[10]
Prevotella copri	↑	→	↓	[10]
Prevotella copri CAG	↑	→	↓	[10]
Prevotella sp. AGR2160	↑	↓	↓	[10]
Prevotella sp. CAG	↓	↑	↓	[10]
Prevotella sp. KHD1	↓	↑	↓	[10]
Prevotella sp. P5-60	↑	↑	↓	[10]

			Prevotella stercorea CAG	↓	↑	↓	[10]
	Odoribacteraceae	Odoribacter		↑		↓	[9]
	Tannerellaceae	Parabacteroides			↓	↑	[3]
				↓	↑	↑	[9] [10]
			Parabacteroides distasonis	↓	↑	↑	[10]
			Parabacteroides merdae	↓	→	↑	[10]
			Parabacteroides sp. 20_3	↓	↑	→	[10]
			Parabacteroides sp. D26	↓	↑	→	[10]
	Rikenellaceae			↓	↓	↑	[10]
		Alistipes		↑		↓	[9]
				↓	↓	↑	[11] [10]
			Alistipes sp. HGB5		↓	↑	[11]
			Alistipes shahii		↓	↑	[11]
			Alistipes putredinis	↓	↓	↑	[11] [10]
			Alistipes putredinis CAG	↓	↓	↑	[10]
	Flavobacteriia	Flavobacteriaceae	Leeuwenhoekiella		↓	↑	[11]
			Capnocytophaga		↑	↓	[11]
			Capnocytophaga sp. oral taxon 329		↑	↓	[11]
		Zunongwangia	Zunongwangia profunda		↓	↑	[11]
Firmicutes				↓	↑	→	[5]
				↑		↓	[6]

Clostridia	Lachnospiraceae	↑	↑	↓	[7]
		↓		↑	[6]
	Lachnospiraceae_NK4A136_group	↓		↑	[9]
	Blautia	↑		↓	[9]
	Blautia hansenii		↓	↑	[11]
	Blautia hydrogenotrophica		↑	↓	[11]
	Shuttleworthia		↑	↓	[3]
	Agathobacter	↓		↑	[9]
	Roseburia	↑	↑	↓	[9] [2]
		→	→	↓	[5]
	Roseburia inulinivorans		↑	↓	[11]
	Coprococcus		↑	↓	[1]
	Coprococcus_2	↑		↓	[9]
	Lachnospira	↑	↑	↓	[9] [2]
	Anaerostipes	↑	↑	↓	[9] [6] [8]
	Anaerostipes caccae		↓	↑	[11]
	Howardella		↑	↓	[1]
	Mediterraneibacter		↑	↓	[11]
	Ruminococcus lactaris		↑	↓	[11]
	Ruminococcus torques		↓	↑	[11]
	Dorea		↓	↑	[11]
	Dorea longicatena		↓	↑	[11]

	Oribacterium	Oribacterium sp. oral taxon 108		↓	↑	[11]
	Lachnospiraceae_NC2004_group		↓	↑	↑	[10]
	Lachnoclostridium	Clostridium symbiosum m		↑	↓	[11]
	(Sin rango)	Lachnospiraceae bacterium 1_4_56FAA		↓	↑	[11]
	(Sin rango)	Lachnospiraceae bacterium 3_1_57FAA CT1		↓	↑	[11]
	Lachnoclostridium		↓	↑	↓	[10]
	Fusicatenibacter			↑	↓	[3]
Clostridiaceae	Clostridium	Clostridium kluyveri		↓	↑	[11]
	Clostridium IV			↑	↓	[1]
Clostridiaceae_1				↓	↑	[8]
	Clostridium sensu stricto 1			↓	↑	[3] [8]
Peptococcaceae	Desulfitobacterium			↓	↑	[11]
	Peptococcus			↓	↓	[1]
Oscillospiraceae	Faecalibacterium		→	↑	↓	[5]
			↓		↑	[9]
			↑	↓	↓	[7]
		Faecalibacterium prausnitzii	↑		↓	[6]

	Flavonifractor		↓	↑	↑	[10]
	L-Ruminococcus		↓	↓	↑	[2]
	Oscillospira		↓	↑	↑	[2]
				↓	↑	[3]
		Oscillospiraceae bacterium VE202-24	↓	↓	↑	[10]
	Ruminococcus_2			↑	↓	[1]
Ruminococcaceae			↓	↑	→	[7]
	Ruminococcaceae_UCG002		↑		↓	[9]
	DTU089			↓	↑	[3]
	Ruminiclostridium_5			↓	↑	[3]
	Ruminococcaceae_UCG.014		↑	→	↓	[10]
	Negativibacillus			↓	↑	[3]
	Anaerofilum			↓	↑	[3]
Natranaerobiaceae	Natranaerobius			↓	↑	[11]
Eubacteriaceae	Eubacterium	Eubacterium coprostanoligenes	↓		↑	[9]
	Acetobacterium			↓	↑	[11]
Thermoanaerobactera ceae	Moorella			↑	↓	[11]
	Thermoanaeroba cter	Thermoanaerobacter pseudethanolicus		↓	↑	[11]

		Caldanaerobacter		↓	↑	[11]
Bacilli	Staphylococcaceae	Staphylococcus	↓	↓	↑	[4]
				↑	↓	[11]
	Lactobacillaceae	Lactiplantibacillus		↑	↓	[11]
		Lactobacillus		↓	↑	[11]
	Streptococcaceae	Streptococcus		↑	↓	[11]
		Streptococcus		↓	↑	[11]
		Streptococcus		↑	↓	[11]
	Enterococcaceae	Enterococcus		↓	↑	[11]
		Enterococcus		↑	↓	[11]
Negativicutes	Acidaminococcaceae	Phascolarctobacterium	↓	↓	↑	[9] [11]
		Phascolarctobacterium		↓	↑	[11]
	Veillonellaceae		↓	↓	↑	[2]
		Veillonella		↓	↑	[8]
				↑	↓	[11]
		Veillonella		↑	↓	[11]
		Veillonella		↑	↓	[11]
		Veillonella		↑	↓	[11]
		Dialister		↓	↑	[11]

			Dialister invisus	↓	↑	[11]	
Erysipelotrichia	Erysipelotrichaceae	Bulleidia		↓	↑	[11]	
		Erysipelatoclostridium	Clostridium ramosum	↑	↓	[11]	
			Peptoniphilus duerdenii	↑	↓	[11]	
	(Sin rango)	Erysipelotrichaceae	Erysipelotrichaceae bacterium 5_2_54FAA	↓	↑	[11]	
		Holdemania		↓	↑	[11]	
		Erysipelotrichaceae incertae sedis		↑	↓	[1]	
Tissierellia	Peptoniphilaceae	Finegoldia	Finegoldia magna	↓	↑	[11]	
Actinobacteria				↑	↑	↓	[5]
Actinomycetia	Corynebacteriaceae			↓	↓	↑	[4]
	Actinomycetaceae	Mobiluncus		↓	↑	[11]	
			Mobiluncus curtisii	↓	↑	[11]	
	Micromonosporaceae	Actinoplanes		↑	↓	[11]	
	Micrococcaceae	Micrococcus		↑	0	[11]	
			Micrococcus luteus	↑	0	[11]	
	Bifidobacteriaceae	Bifidobacterium		↑	0	[6]	
			Bifidobacterium longum	↓	↓	↑	[10]
		Parascardovia	Parascardovia denticolens	0	↑	[11]	
Coriobacteriia	Coriobacteriaceae			↓	↓	↑	[10]
		Collinsella		↓	↓	↑	[10]
	Eggerthellaceae	Cryptobacterium		↑	↓	[11]	

		Eggerthella		↓	↑	[11]	
		Enterorhabdus		↓	↑	[8]	
	Atopobiaceae	Atopobium		↑	↓	[11]	
Proteobacteria			↓		↑	[6]	
Alphaproteobacteria	Rhodobacteraceae	Ruegeria		0	↑	[11]	
Betaproteobacteria	Oxalobacteraceae	Oxalobacter		↓	↑	[11]	
	Neisseriaceae	Neisseria		↑	↓	[11]	
	Sutterellaceae	Sutterella	↓		↑	[9]	
	Alcaligenaceae	Taylorella		0	↑	[11]	
	Neisseriaceae	Neisseria	Neisseria mucosa	↑	↓	[11]	
Gammaproteobacteria	Succinivibrionaceae	Succinivibrio		↓	↓	↑	[5]
	Halomonadaceae	Halomonas		↓	↓	↑	[5]
	Enterobacteriaceae			↑		↓	[9]
	Morganellaceae	Proteus		↓	↑	[11]	
			Proteus mirabilis	↓	↑	[11]	
	Pasteurellaceae	Haemophilus		↑	↓	[11]	
			Haemophilus haemolyticus	↑	↓	[11]	
			Haemophilus influenzae	↑	↓	[11]	

			Haemophilus	↑	↓	[11]	
			parainfluenzae				
		Aggregatibacter		↑	↓	[11]	
			Aggregatibacter				
			actinomycetemcomitans	↑	↓	[11]	
			Aggregatibacter segnis	↑	↓	[11]	
		Actinobacillus		↑	↓	[11]	
			Histophilus	↓	↑	[11]	
	Burkholderiaceae	Ralstonia		0	↑	[11]	
	Hafniaceae	Edwardsiella	Edwardsiella ictaluri/tarda	0	↑	[11]	
	Moraxellaceae	Acinetobacter	Acinetobacter baumannii	↓	↑	[11]	
	Burkholderiaceae	Parasutterella		↓	↑	[3]	
Epsilonproteo	Campylobacteraceae	Campylobacter		↓	↑	[11]	
bacteria			Campylobacter concisus	↑	↓	[11]	
Deltaproteoba	Desulfovibrionaceae			↓	↓	↑	[10]
acteria							
	Desulfovibrionaceae	Bilophila		↓	↓	↑	[10] [11]
			Bilophila wadsworthia		↓	↑	[11]
			Bilophila sp. 4_1_30	↓	↓	↑	[10]
			Bilophila wadsworthia	↓	↓	↑	[10]
Deltaproteoba	Desulfovibrionaceae	Desulfovibrio		↓	↑	[11]	
acteria							

				Desulfovibrio piger	↓	↑	[11]	
				Desulfovibrio alaskensis	0	↑	[11]	
				Desulfovibrio aespoeensis	0	↑	[11]	
		Syntrophobacteraceae	Syntrophobacter		0	↑	[11]	
				Syntrophobacter fumaroxidans	0	↑	[11]	
		Geobacteraceae	Geobacter	Geobacter sp. M18	0	↑	[11]	
Verrucomicrob ia	Verrucomicro biae	Verrucomicrobiaceae			→	↓	→	[7]
		Akkermansiaceae	Akkermansia		↑	↓	[3]	
Espiroquetas	Spirochaetia	Leptospiraceae	Leptospira		↓	↑	[11]	
Fusobacteria	Fusobacteriia	Leptotrichiaceae	Streptobacillus		0	↑	[11]	
		Fusobacteriaceae	Fusobacterium	Fusobacterium ulcerans	0	↑	[11]	
Cloroflexi	Dehalococcoidia		Dehalogenimonas		0	↑	[11]	
				Dehalogenimonas lykanthroporepellens	0	↑	[11]	
Cyanobacteria	Melainabacteria				↓	↑	[3]	
Euryarchaeota		Methanobacteriaceae	Methanosphaera		0	↑	[11]	
				Methanosphaera stadtmanae	0	↑	[11]	
			Methanobrevibacter		↑	↓	[6]	

Fuente: Elaboración propia, 2021 (información obtenida de [1] Das et al., 2018; [2] De Filippis et al., 2016; [3] Djekic et al., 2020; [4] Federici et al., 2017; [5] Franco-de-Moraes et al., 2017; [6] Kahleova et al., 2020; [7] Losasso et al., 2018; [8] Pagliai et al., 2020; [9] Veca et al., 2020; [10] F. Wang et al., 2019; [11] C. Zhang et al., 2018). La información mostrada son los resultados que presentaron diferencias estadísticamente significativas (valor $p < 0.05$) de los estudios incluidos para la revisión sistemática. El nivel de abundancia de la composición microbiana fue determinado mediante la comparación de los resultados mostrados de los estudios entre las dietas veganas (VEG), lacto-ovo vegetariana (LOV) y omnívora (OMN), la cual se presenta con flechas que representan: mayor abundancia (\uparrow), abundancia media y menor abundancia (\downarrow)

CAPÍTULO V:
DISCUSIÓN E INTERPRETACIÓN DE RESULTADOS

5.1. DISCUSIÓN E INTERPRETACIÓN DE LOS RESULTADOS

La presente revisión sistemática determina los efectos de los patrones dietéticos y nutricionales vegetarianos y omnívoros sobre la composición de la microbiota intestinal de los participantes reclutados en los 11 estudios revisados.

Para la interpretación de los principales resultados, se agrupan los estudios revisados según la coincidencia de los datos proporcionados, con el fin de analizar las características sociodemográficas, los patrones dietéticos y nutricionales vegetarianos y omnívoros, la composición de la microbiota intestinal y los efectos de las dietas sobre la microbiota.

5.1.1. Características sociodemográficas

Las principales características sociodemográficas de los 983 participantes, que muestra en la Tabla 6, compara el nivel educativo y estilo de vida entre los grupos dietéticos, donde los veganos muestran mayor porcentaje de individuos graduados con nivel educativo superior en comparación con los omnívoros, lo que coincide con otros estudios (Sebastiani et al., 2019; Tong et al., 2018), del cual muestran que en los vegetarianos se predominan las mujeres e individuos con nivel educativo más alto que los omnívoros. Esto podría explicarse debido a que la educación influye en las habilidades y los conocimientos, lo que motiva al individuo a comprender y utilizar todo tipo de información nutricional, como pautas, habilidades culinarias, mensajes de promoción de la salud (Benjamin Allès et al., 2017),

información sobre protección del medio ambiente (Wozniak et al., 2020); lo que contribuye en la elección alimentaria vegetariana.

Además, el estilo de vida entre los vegetarianos y omnívoros se destaca mayor porcentaje de fumadores en el grupo OMN, lo que concuerda con otros estudios que muestran un estilo de vida saludable en los vegetarianos en comparación con los consumidores de carne (Benjamin Allès et al., 2017; Rizzo et al., 2013). Esto puede deberse a que los individuos con una dieta vegetariana buscan mejorar su salud y disminuir o prevenir riesgo de enfermedades no transmisibles, lo que influye positivamente en la calidad de vida (Hargreaves et al., 2021).

Por otro lado, la salud de la mayoría de los participantes de los estudios se halla en un estado sano, excepto algunos de los participantes de tres estudios incluidos; donde muestran niveles bajos de IMC y menor prevalencia de exceso de peso, prediabetes e hipertensión en los vegetarianos, tanto a corto como a largo plazo, en comparación con los omnívoros; de los cuales son consistentes con los resultados de varios estudios. En un ensayo clínico aleatorizado de cinco semanas muestra mejora del estado metabólico de los lípidos y la insulina en veganos, debido a la ingesta elevada de fibra, densidad de micronutrientes, grasas poliinsaturadas y alimentos con índice glucémico más bajo contenida en un patrón dietético vegano equilibrado; en cambio, la dieta omnívora reporta ligera elevación del contenido total

de grasa y aumento significativo de grasas saturadas y aminoácidos ramificados, lo que puede potenciar un aumento en la resistencia a la insulina (Draper et al., 2018).

En un estudio transversal evalúa la prevalencia de factores cardiometabólicos en sudasiáticos vegetarianos y no vegetarianos que viven en Estados Unidos, muestra que los vegetarianos presentan niveles bajos de IMC, circunferencia de cintura, colesterol LDL, resistencia a la insulina, presión arterial y aterosclerosis subclínica en comparación con los no vegetarianos; dado que los vegetarianos consumen mayor frecuencia legumbres y cereales integrales, menor proporción de grasas saturadas y trans, mientras que los no vegetarianos muestran consumo frecuente de dulces y postres, y mayor consumo de carne roja y procesada (Jin et al., 2018).

Asimismo, en otro estudio con dietas a largo plazo, que incluyen 70 mujeres posmenopáusicas sanas, donde 35 son vegetarianas durante 2 a 35 años y 35 son omnívoras; los resultados muestran una presión arterial más óptima y concentraciones de lípidos favorables en comparación con las omnívoras (Fu et al., 2006). Los perfiles nutricionales de la dieta vegetariana reduce los riesgos cardiovasculares, como la hipertensión, debido al contenido de fibras dietéticas, ácido fólico, antioxidantes, fitoquímicos y minerales (como potasio y magnesio) ricos en frutas, verduras, cereales integrales, legumbres y frutos secos; y niveles bajos de azúcar refinada, colesterol, grasas saturadas y trans (Carey et al., 2018; Kowalska et al., 2020; Le & Sabaté, 2014).

A diferencia de los estudios anteriores, en un estudio de cohorte prospectivo en adultos surcoreanos, se observan que las dietas vegetales menos saludables (alta en carbohidratos refinados, azúcares, vegetales salados) se asocian con un mayor riesgo de síndrome metabólico incidente, en particular obesidad abdominal y presión arterial elevada; lo cual concluyen que es importante considerar la calidad de los alimentos saludables en las dietas vegetales para la prevención del síndrome metabólico (H. Kim et al., 2020).

5.1.2. Patrones dietéticos y nutricionales vegetariano y omnívoro

De los siete estudios incluidos que muestran la ingesta nutricional entre los grupos vegetarianos y omnívoros presentan resultados similares con otros estudios. En dos estudios, comparan entre dietas vegetarianas y omnívoras, hallan que los vegetarianos tienen alto consumo de proteínas vegetales, ácidos grasos poliinsaturados, carbohidratos totales y carbohidratos simples, así como ingesta elevada de fibra dietética; mientras que los omnívoros tienen mayor ingesta de proteínas animales, grasas totales, ácidos grasos saturados y monoinsaturados, y colesterol (Benjamin Allès et al., 2017; Clarys et al., 2014).

Los carbohidratos proporcionan gran parte de la energía en la dieta de los adultos (Lovegrove et al., 2017), y se clasifican como simples y complejos, según el número de azúcar encadenado (Y. Li et al., 2015). Los carbohidratos simples se metabolizan rápidamente y es más probable que provoquen picos de glucosa e insulina, y pueden

augmentar el riesgo de resistencia a la insulina; se halla en azúcares, dulces, chocolate, pasteles y galletas (Clarys et al., 2014; Richter et al., 2015). Mientras que los carbohidratos complejos se metabolizan lentamente y proporcionan nutrientes asociados con presión arterial más baja, estos se hallan en cereales integrales, legumbres, tubérculos, frutas y hortalizas, algas, levaduras y otros hongos (Lovegrove et al., 2017; Richter et al., 2015).

La fibra dietética se encuentra en las frutas, vegetales, cereales integrales, semillas, leguminosas (Camerotto et al., 2019); que mejora la salud intestinal, reduce el colesterol LDL elevado, reduce el exceso de peso y obesidad, disminuye la diabetes, enfermedades cardiovasculares y mortalidad (Dreher, 2018).

La proteína animal, dependiendo de la fuente, puede asociarse con determinadas enfermedades, como el consumo de pescado que contribuye a la reducción del accidente cerebrovascular, mientras que las carnes rojas y procesadas se asocia con riesgo de cardiopatía coronaria (Richter et al., 2015); esta proteína se obtiene de carne, pescado, mariscos, lácteos y huevos (Mariotti & Gardner, 2019). En cuanto a la proteína vegetal, ahora se considera una opción saludable para satisfacer las necesidades y/o recomendaciones de proteínas, siempre que se consuma una variedad razonable de alimentos y se satisfagan las necesidades de ingesta energética; la cual se puede obtener de leguminosas, cereales integrales, nueces y semillas, así como alimentos bajos en proteínas, como verduras y frutas (Mariotti & Gardner, 2019; Richter et al., 2015).

Las grasas se diferencian en ácidos grasos saturados (AGS), ácidos grasos trans, ácido graso monoinsaturado (MUFA) y ácido graso poliinsaturado (PUFA) (Richter et al., 2015). La mayoría de los AGS (mantequilla y grasas sólidas) en la dieta aumenta los niveles en sangre de colesterol de lipoproteínas de baja densidad (LDL), y la ingesta de grasas *trans* se asocia con mayor riesgo de cardiopatía coronaria; dado esto se encuentra que, reemplazando la ingesta de AGS con MUFA (como aceite de oliva y aceite de canola, nueces y semillas), PUFA (como aceites vegetales, nueces y semillas) o carbohidratos de cereales integrales se asocia con menor riesgo de cardiopatía coronaria (Y. Li et al., 2015; Orlich et al., 2014).

Dado esto, en otros estudios hallan que una dieta con mayor densidad calórica, grasas totales, saturadas y trans y colesterol se asocia con tasas altas de enfermedad vascular, las mismas que se encuentran más altas en las dietas omnívoras y más baja en las dietas vegetarianas, esta última, además, contiene cantidades elevadas de fibras dietéticas y antioxidantes que impactan positivamente a la salud (Rizzo et al., 2013; Wozniak et al., 2020). Los antioxidantes pueden proteger las células mediante la conversión de las especies reactivas de oxígeno en especies no radicales (dependen del antioxidante involucrado), que se encuentra en frutas, verduras, bebidas, cereales y otros productos alimenticios de consumo común (Lourenço et al., 2019).

5.1.3. Composición de la microbiota intestinal humana

A pesar de la alta variabilidad y diversidad microbiana, se reportan los hallazgos similares y consistentes de los estudios incluidos, de las cuales, destacan el dominio de las bacterias intestinales pertenecientes a los filos *Firmicutes* y *Bacteroidetes*; de las que se derivan los géneros *Bacteroides*, *Prevotella*, *Faecalibacterium*, *Roseburia* y *Anaerostipes*.

La microbiota intestinal humana se compone de todos los reinos principales, que incluye arqueas, virus, bacterias y eucariotas microbianos (Lloyd-Price et al., 2016; S. Thomas et al., 2017). Sin embargo, en la presente revisión se identifica únicamente dos reinos, con mayor abundancia del reino bacteriano y menor abundancia del reino arqueas, esto puede deberse al método utilizado en el análisis de las muestras fecales de los participantes mediante la secuenciación de ácido ribonucleico ribosómico (ARNr) 16S (Das et al., 2018; De Filippis et al., 2016; Djekic et al., 2020; Franco-de-Moraes et al., 2017; Kahleova et al., 2020; Losasso et al., 2018; Pagliai et al., 2020; Veca et al., 2020; F. Wang et al., 2019), la incubación de bacterias comunes en medios de cultivo (Federici et al., 2017) y la secuenciación de escopeta metagenómica (C. Zhang et al., 2018). La secuenciación del gen ARNr 16S es el método más común para analizar la composición de las bacterias y arqueas intestinales, debido a la ventaja de ser simple y económico; pero generalmente los cebadores de la secuenciación se optimizan para detectar comunidades bacterianas y no amplifican las secuencias del gen ARNr 16S de arqueas, lo que puede dar lugar a una representación menos

completa de las arqueas (Rowan-Nash et al., 2019). Mientras que en el estudio de las comunidades eucariotas microbianas se logra a través de la pirosecuenciación de ARNr 18S (Y. Wang et al., 2014) y los hongos se detectan mediante la amplificación y secuenciación del espaciador transcrito interno ribosómico (ITS, del inglés *internal transcribed spacer*) (Auchtung et al., 2018). La secuenciación de escopeta metagenómica consiste en la secuenciación del ADN bacteriano aislado de toda la comunidad microbiana ya que permite definir con más precisión a nivel de especie (Laudadio et al., 2018). Adicionalmente, las técnicas de elaboración de perfiles moleculares para arqueas, virus y eucariotas están menos desarrolladas que las de las bacterias (Lloyd-Price et al., 2016); sumado a que las bacterias son los más abundantes de la microbiota y los más estudiados en las últimas décadas por sus efectos sobre la salud y las enfermedades humanas (Matijašić et al., 2020). Por ello, de los estudios incluidos se muestran principalmente miembros del reino bacteriano.

De las bacterias que componen la microbiota intestinal de los participantes de los estudios revisados, se halla que las especies bacterianas de mayor abundancia pertenecen a dos filos dominantes, que son los filos *Firmicutes* y *Bacteroidetes*.

En el ecosistema colónico, los filos *Firmicutes* (Gram-positivos) y *Bacteroidetes* (Gram-negativos) son bacterias anaeróbicas obligadas que constituyen la mayoría de las bacterias y codifican una variedad de enzimas para hidrolizar carbohidratos complejos no digeribles por el huésped, como el almidón y la fibra (Hills et al., 2019; Rowan-Nash et al., 2019).

Todos los estudios incluidos muestran resultados consistentes sobre el dominio de los filos *Firmicutes* y *Bacteroidetes*, a pesar de las diferencias interindividuales como el tipo de dietas; la cual coincide con los resultados de un ensayo clínico que incluye 38 individuos obesos y 11 sobrepeso con una intervención dietética alta en proteínas y con restricción calórica durante 6 semanas, del cual los resultados muestran predominio de los *Firmicutes* y *Bacteroidetes* (Cotillard et al., 2013). Sin embargo, los hallazgos de la presente revisión son contradictorios con un estudio que muestra asociación positiva de *Firmicutes* y asociación negativa de *Bacteroidetes* al aumentar el IMC en adultos con sobrepeso y obesidad de la población de Ucrania (Koliada et al., 2017). Esto puede explicarse debido a la capacidad de ciertas bacterias, especialmente del filo *Firmicutes*, para producir más enzimas responsables de la degradación y fermentación de los carbohidratos, como *Ruminococcus bromii* que muestra asociación con la obesidad (Stojanov et al., 2020).

En un estudio con seis sujetos obesos sometidos a intervención dietética vegana que muestran pérdida de peso, se halla disminución de la abundancia de *Firmicutes* y aumento significativo de *Bacteroidetes* (M.-S. Kim et al., 2013). De acuerdo, con una hipótesis planteada en un estudio, que indica que una dieta más baja en productos animales se asocia con mayor recuento de *Bacteroidetes* (Tomova et al., 2019). Estos hallazgos coinciden con cuatro estudios de la revisión que muestran aumento de *Bacteroidetes* en los grupos VEG que se caracteriza por el consumo nulo de carne (De Filippis et al., 2016; Franco-de-Moraes

et al., 2017; Kahleova et al., 2020; Losasso et al., 2018). Pero no coincide con la abundancia relativa aumentada de *Firmicutes* en los VEG, en uno de los estudios incluidos (Kahleova et al., 2020), esto puede estar asociado a otros factores moduladores de la composición microbiana como el área geográfico, la etnia, entre otras.

5.1.4. Efectos de los patrones dietéticos y nutricionales vegetarianos y omnívoros sobre la microbiota intestinal

La abundancia de la microbiota intestinal puede modificarse por los factores externos como la dieta, por lo que, a continuación, se presenta los efectos de las dietas vegetarianas y omnívoras sobre las principales bacterias intestinales de los participantes.

5.1.4.1. Bacteroides y Prevotella

Los géneros bacterianos principalmente identificados en la mayoría de los estudios son los *Bacteroides* y *Prevotella*. Estos géneros se encargan de degradar los polisacáridos indigeribles para extraer y proveer energía de la dieta al huésped (Johnson et al., 2017; M.-S. Kim et al., 2013). De manera específica, los *Bacteroides* contribuyen a la formación de propionato en el colon (Duncan et al., 2007). El butirato y el propionato participan en la homeostasis energética de la mucosa intestinal (Cuevas-Sierra et al., 2019).

Uno de los estudios revisados que incluye participantes con sobrepeso, muestra que la abundancia de los *Bacteroides fragilis* se correlaciona positivamente con los cambios de la

sensibilidad a la insulina (Kahleova et al., 2020), la cual es similar a otro estudio que indica el papel beneficioso de los *Bacteroides* en el metabolismo de la glucosa, donde los *Bacteroides acidifaciens* y *Bacteroides uniformis* mejoran la intolerancia a la glucosa y la resistencia a la insulina en ratones diabéticos (Gurung et al., 2020). Las *Bacteroides fragilis* presentan varias especies que pueden tener enfermedad humana (Duncan et al., 2007), ya que fuera de su nicho colónico, las *B. fragilis* es un patógeno oportunista y solo representa el 2% del total de *Bacteroides* intestinales, pero es el agente de más del 70% de las infecciones por *Bacteroides* (Tajkarimi & Wexler, 2017).

Otro estudio de la presente revisión muestra mayor abundancia de *Prevotella* en el grupo vegetariano, quienes presentan datos antropométricos y mejor perfil lipídico en comparación con los omnívoros (Franco-de-Moraes et al., 2017); sin embargo, en un estudio que recluta sujetos con sobrepeso y obesidad, muestra asociación significativa y positiva de *Prevotella* con el área de grasa visceral (que se asocia fuertemente con las enfermedades cardiovasculares), a pesar de ajustar los factores de análisis con la ingesta de fibra dietética total (Ozato et al., 2019). Dado esto, los autores sugieren que se requiere más estudios.

Por otro lado, en un estudio se halla mayor abundancia de *Prevotella* asociada con una dieta alta en vegetales y baja en carne, mientras que las proporciones de *Alistipes*, *Bacteroides*, *Parabacteroides*, *Odoribacter* y *Barnesiella* muestran significativamente mayor en una dieta occidentalizada (Martínez et al., 2015). Esto es similar a los resultados de un estudio

tailandés que incluye 36 vegetarianos sanos a largo plazo (más de tres años) y 36 no vegetarianos sanos adultos, del cual resulta mayor abundancia de *Prevotella* en los vegetarianos y *Bacteroides* en los no vegetarianos (Ruengsomwong et al., 2016). Estos hallazgos son consistentes con la mayoría de los estudios incluidos, lo que indica que *Prevotella* está adaptado a un metabolismo dominado por carbohidratos y una dieta vegetariana, y los *Bacteroides* se relaciona con dietas ricas en proteínas y productos derivados de animales (Losasso et al., 2018).

El enriquecimiento de géneros tales como *Prevotella* puede favorecer una microbiota intestinal capaz de producir altos niveles de ácido graso de cadena corta (AGCC) en una dieta basada en plantas (Wu et al., 2016). Lo que explica el aumento de *Prevotella* en los vegetarianos, principalmente en el grupo VEG.

Los AGCC son productos de fermentación microbiana de fibra dietética no digerible, que incluyen propionato, acetato, butirato y formiato; además, son una fuente de energía importante que afectan las respuestas de la mucosa intestinal y, también sirve a las comunidades microbianas y al huésped de alimentación, estimulan protección a las mucosas y las funciones de regulación inmunitaria, ácidos biliares y sulfuro de hidrógeno nocivo, y modula la tumorigénesis en el intestino (Marchesi et al., 2016; Petersen & Round, 2014; Sartor & Wu, 2017; Shreiner et al., 2015). Adicionalmente, el butirato tiene actividades antiinflamatorias y, mediante la inducción de un estado de hipoxia en el colon que resulta en

la estabilización del factor de transcripción HIF-1 (del inglés, *Hypoxia-inducible factor 1-alpha*) y el aumento de la integridad epitelial, atenúa la traslocación bacteriana (L. Lin & Zhang, 2017; H. Wang et al., 2018). Además de la fermentación de carbohidratos, se halla que durante la fermentación de aminoácidos se libera AGCC beneficiosos, pero también se produce una variedad de compuestos potencialmente dañinos, que ocasionan enfermedades intestinales (Marchesi et al., 2016).

5.1.4.2. Faecalibacterium, Roseburia y Anaerostipes

Posterior a los *Bacteroides* y *Prevotella*, los géneros que se identifican en la mayoría de los estudios son los géneros *Faecalibacterium*, *Roseburia* y *Anaerostipes*. La mayoría de las bacterias productoras de butirato pertenecen a los filo *Firmicutes*, como *Eubacterium spp.*, *Roseburia spp.*, *Anaerostipes spp.*, *Clostridium leptum*, Grupo de clostridios I, *Ruminococcus spp.*, Grupo de clostridios XIVa, *Butyricoccus pullicaecorum* y *Faecalibacterium prausnitzii* (Gui et al., 2020; Louis & Flint, 2009; Rivière et al., 2016).

Estas bacterias productoras de butirato pueden utilizar una amplia gama de polisacáridos lo que contribuye de manera importante a la fermentación colónica de los componentes de la dieta (Louis & Flint, 2009); además, estas bacterias actúan como un tipo de probiótico intestinal, inhiben el crecimiento de bacterias gastrointestinales dañinas, promueve la absorción de nutrientes, mejora la función intestinal y son beneficiosas para la salud humana en general (Gui et al., 2020).

En un estudio se recluta 60 pacientes hipertensos y 60 controles sanos, donde se halla que *Faecalibacterium* (*F. prausnitzii*), *Roseburia* (*R. intestinalis* y *R. hominis*), *Bacteroides* spp. (*B. uniformis*, *B. nordii* y *B. dorei*), *Megasphaera* spp. (*M. micronuciformis*) y *Aeromicrobium masiliense* se encuentran elevados en individuos sanos (Yan et al., 2017). En otro estudio se reporta que los géneros de *Bifidobacterium*, *Bacteroides*, *Faecalibacterium*, *Akkermansia* y *Roseburia* (*R. inulinivorans* y *R. 272*) se asocian negativamente con la diabetes mellitus tipo 2 (DM2), mientras que los géneros de *Ruminococcus*, *Fusobacterium* y *Blautia* se asocian positivamente con la DM2 (Gurung et al., 2020). Estos hallazgos sobre el aumento del género *Faecalibacterium* y *Roseburia* en los sujetos sanos son consistentes con la mayoría de los estudios incluidos.

En un estudio muestra que una dieta occidental alta en nueces consumido durante 8 semanas aumenta la abundancia de las bacterias productoras de probióticos y ácido butírico en individuos sanos, pero disminuye la abundancia relativa de *Anaerostipes* y *Blautia* (Bamberger et al., 2018). Mientras que, en un ensayo cruzado, concluyen que el consumo de inulina derivada de la achicoria durante 4 semanas, aumenta la abundancia de *Bifidobacterium* y *Anaerostipes* (Vandeputte et al., 2017). Lo que coincide con tres de los estudios incluidos (Kahleova et al., 2020; Pagliai et al., 2020; Veca et al., 2020), que muestran aumento de *Anaerostipes* en los vegetarianos, dado que la inulina está presente en muchos vegetales, frutas y cereales.

Se halla una abundancia significativamente menor de *Faecalibacterium* en una dieta semi-vegetariana (Martínez et al., 2015). Lo cual sugiere que la abundancia disminuida de *Faecalibacterium* se relaciona con dietas de origen animal, dado que coincide con estudios incluidos, que muestra menor abundancia de éste género en los grupos OMN (Franco-de-Moraes et al., 2017; Losasso et al., 2018). De igual manera, en un estudio indica que la dieta de origen animal disminuye la abundancia del género *Roseburia* (David et al., 2014). Lo cual es consistente con los estudios incluidos (De Filippis et al., 2016; Franco-de-Moraes et al., 2017; Veca et al., 2020).

CAPÍTULO VI:
CONCLUSIONES Y RECOMENDACIONES

6.1. CONCLUSIONES

Los datos sociodemográficos de la población estudiada muestran que la mayoría son vegetarianos, del cual predominan los lacto-ovo vegetarianos en comparación con los veganos. Los participantes vegetarianos y omnívoros son adultos de 24 a 68 años, siendo el sexo femenino el más representativo de ambos grupos dietéticos. Se presenta mayor porcentaje de vegetarianos con un nivel educativo más alto que los omnívoros, dado que la educación permite la formación de conocimientos y habilidades, lo que motiva al individuo a utilizar todo tipo de información nutricional, como los mensajes promotores de la salud, de protección al medio ambiente, e incluso habilidades culinarias; lo que llega a influir en algunos individuos a elegir una dieta vegetariana.

En cuanto a la descripción de los tipos de patrones dietéticos y nutricionales de la población estudiada, se halla las dietas omnívoras, lacto-ovo vegetarianas y veganas. El patrón dietético de los participantes omnívoros presenta mayor consumo de carnes, pescados, productos lácteos, huevos, dulces y jugos de frutas; lo que relaciona con la ingesta elevada de calorías, así como mayor ingesta de nutrientes como proteína animal, grasa total, colesterol, grasas saturada y monoinsaturada. En cambio, los veganos tienden a mayor consumo de alimentos integrales, como leguminosas, vegetales, frutas enteras, así como jugos de frutas, leche vegetal, aceites y grasas; lo que se relaciona con mayor ingesta de nutrientes como carbohidratos totales, fibra dietética, proteína vegetal y grasa poliinsaturada.

Mientras que el patrón dietético de los lacto-ovo vegetarianos es una ingesta intermedia de las dietas anteriores, dado que tienden a consumir más alimentos integrales que los omnívoros, así como mayor ingesta de huevos, productos lácteos y dulces que los veganos; lo cual, se relaciona con mayor ingesta de proteína vegetal que los omnívoros y, mayor ingesta de proteína animal, colesterol, grasa saturada y monoinsaturada que los veganos. Sin embargo, debido a que sólo un artículo presenta los grupos de alimentos, no es posible generalizar y ser representativa de los patrones dietéticos de los participantes de la presente revisión; por ello, se requieren estudios adicionales que especifiquen los patrones dietéticos omnívoros y vegetarianos.

En cuanto a la composición de la microbiota intestinal de la población estudiada, que a pesar de la alta variabilidad interindividual, los resultados son consistentes en la mayoría de los artículos. Del cual, se identifican mayor abundancia del reino bacteriano y menor abundancia de las arqueas, debido al instrumento de análisis de las muestras fecales utilizadas en los estudios revisados. A nivel de filo, se identifica el dominio de los *Firmicutes* y *Bacteroidetes*, seguido de *Actinobacteria*, *Proteobacteria* y *Verrucomicrobia* en todos los participantes. A nivel de género, la mayoría de los estudios identifican mayor abundancia de *Bacteroides* y *Prevotella* en la microbiota intestinal de los participantes. Sin embargo, sólo dos estudios revisados presentan las bacterias a nivel de especie, de las cuales, identifican mayor abundancia de *Prevotella copri* en la composición microbiana; por lo que no es

posible generalizar la presencia de esta bacteria en todos los participantes. Por ello, se requieren estudios adicionales para corroborar con los resultados obtenidos sobre las especies bacterianas de la presente investigación.

En cuanto a los efectos de los patrones dietéticos y nutricionales entre los vegetarianos y omnívoros sobre la microbiota intestinal, se muestra en la presente revisión que la dieta vegetariana induce mayor crecimiento de bacterias productoras de AGCC, que son metabolitos importantes y beneficiosos para la comunidad microbiana y su huésped, en comparación con la dieta omnívora. Dado que en los vegetarianos se halla mayor abundancia del filo *Bacteroidetes*, principalmente en los veganos, que se asocia con la ingesta alta de fibra dietética; así mismo mayor abundancia de los géneros *Bacteroides*, *Prevotella*, *Faecalibacterium*, *Anaerostipes* y *Roseburia*, asociado al consumo elevado de carbohidratos no digeribles que se encuentran en las frutas, vegetales, cereales y leguminosas. Sin embargo, algunos artículos de la revisión muestran mayor abundancia de *Bacteroides* en los grupos omnívoros, asociado a mayor consumo de carne animal, así como mayor abundancia de *Prevotella*, que puede estar relacionado a otros factores no identificados en la presente revisión. Se concluye que las dietas vegetarianas y omnívoras influyen en la composición de la microbiota intestinal, dado que aportan los nutrientes que favorecen el crecimiento de ciertas bacterias intestinales. Sin embargo, se requieren estudios adicionales para confirmar

la relación de las bacterias identificadas en la presente revisión con los patrones dietéticos y nutricionales vegetarianas y omnívoras.

6.2. RECOMENDACIONES

En este apartado se incluyen las recomendaciones para futuros estudios con base en las deficiencias y vacíos durante la investigación.

- Realizar un estudio más grande con dietas vegetariana y omnívora, pero que incluya estudios con diferentes métodos de análisis microbiana, donde abarque los reinos arqueas, eucariota y los virus; para conocer la abundancia de estos reinos en la composición de la microbiota intestinal humana.
- Incluir estudios que especifique la cantidad, la frecuencia y los tipos de alimentos, así como los nutrientes consumidos por los participantes, con el fin de realizar un análisis más detallado sobre la relación de la dieta en la microbiota intestinal.
- Incluir el análisis de la riqueza y uniformidad de los microbios para determinar la diversidad de la microbiota intestinal con la salud humana.

BIBLIOGRAFÍA

- Aagaard, K., Ma, J., Antony, K. M., Ganu, R., Petrosino, J., & Versalovic, J. (2014). The placenta harbors a unique microbiome. *Science Translational Medicine*, 6(237), 237ra65. <https://doi.org/10.1126/scitranslmed.3008599>
- Adl, S. M., Bass, D., Lane, C. E., Lukeš, J., Schoch, C. L., Smirnov, A., Agatha, S., Berney, C., Brown, M. W., Burki, F., Cárdenas, P., Čepička, I., Chistyakova, L., del Campo, J., Dunthorn, M., Edvardsen, B., Eglit, Y., Guillou, L., Hampl, V., ... Zhang, Q. (2019). Revisions to the Classification, Nomenclature, and Diversity of Eukaryotes. *The Journal of Eukaryotic Microbiology*, 66(1), 4-119. <https://doi.org/10.1111/jeu.12691>
- Agnoli, C., Baroni, L., Bertini, I., Ciappellano, S., Fabbri, A., Papa, M., Pellegrini, N., Sbarbati, R., Scarino, M. L., Siani, V., & Sieri, S. (2017). Position paper on vegetarian diets from the working group of the Italian Society of Human Nutrition. *Nutrition, Metabolism, and Cardiovascular Diseases: NMCD*, 27(12), 1037-1052. <https://doi.org/10.1016/j.numecd.2017.10.020>
- Allès, B., Samieri, C., Féart, C., Jutand, M.-A., Laurin, D., & Barberger-Gateau, P. (2012). Dietary patterns: A novel approach to examine the link between nutrition and cognitive function in older individuals. *Nutrition Research Reviews*, 25(2), 207-222. <https://doi.org/10.1017/S0954422412000133>
- Allès, Benjamin, Baudry, J., Méjean, C., Touvier, M., Péneau, S., Hercberg, S., & Kesse-Guyot, E. (2017). Comparison of Sociodemographic and Nutritional Characteristics between Self-Reported Vegetarians, Vegans, and Meat-Eaters from the NutriNet-Santé Study. *Nutrients*, 9(9). <https://doi.org/10.3390/nu9091023>
- Almeida, A., Nayfach, S., Boland, M., Strozzi, F., Beracochea, M., Shi, Z. J., Pollard, K. S., Sakharova, E., Parks, D. H., Hugenholtz, P., Segata, N., Kyrpides, N. C., & Finn, R. D. (2021). A unified catalog of 204,938 reference genomes from the human gut microbiome. *Nature Biotechnology*, 39(1), 105-114. <https://doi.org/10.1038/s41587-020-0603-3>
- Álvarez Vega, M., Cortés Badilla, M. V., & Quirós Mora, L. M. (2021). El impacto de la microbiota en la enfermedad cardiovascular. *Revista Medica Sinergia*, 6(2), e643-e643. <https://doi.org/10.31434/rms.v6i2.643>
- Appanna, V. D. (2018). Dysbiosis, Probiotics, and Prebiotics: In Diseases and Health. *Human Microbes - The Power Within*, 81-122. https://doi.org/10.1007/978-981-10-7684-8_3

- Auchtung, T. A., Fofanova, T. Y., Stewart, C. J., Nash, A. K., Wong, M. C., Gesell, J. R., Auchtung, J. M., Ajami, N. J., & Petrosino, J. F. (2018). Investigating Colonization of the Healthy Adult Gastrointestinal Tract by Fungi. *MSphere*, 3(2). <https://doi.org/10.1128/mSphere.00092-18>
- Bäckhed, F. (2012). Host responses to the human microbiome. *Nutrition Reviews*, 70, S14-S17. <https://doi.org/10.1111/j.1753-4887.2012.00496.x>
- Bamberger, C., Rossmeier, A., Lechner, K., Wu, L., Waldmann, E., Fischer, S., Stark, R. G., Altenhofer, J., Henze, K., & Parhofer, K. G. (2018). A Walnut-Enriched Diet Affects Gut Microbiome in Healthy Caucasian Subjects: A Randomized, Controlled Trial. *Nutrients*, 10(2). <https://doi.org/10.3390/nu10020244>
- Barko, P. C., McMichael, M. A., Swanson, K. S., & Williams, D. A. (2018). The Gastrointestinal Microbiome: A Review. *Journal of Veterinary Internal Medicine*, 32(1), 9-25. <https://doi.org/10.1111/jvim.14875>
- Belizário, J. E., & Napolitano, M. (2015). Human microbiomes and their roles in dysbiosis, common diseases, and novel therapeutic approaches. *Frontiers in Microbiology*, 6. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2015.01050>
- Bellissimo, N., & Akhavan, T. (2015). Effect of Macronutrient Composition on Short-Term Food Intake and Weight Loss. *Advances in Nutrition*, 6(3), 302S-308S. <https://doi.org/10.3945/an.114.006957>
- Berg, G., Rybakova, D., Fischer, D., Cernava, T., Vergès, M.-C. C., Charles, T., Chen, X., Cocolin, L., Eversole, K., Corral, G. H., Kazou, M., Kinkel, L., Lange, L., Lima, N., Loy, A., Macklin, J. A., Maguin, E., Mauchline, T., McClure, R., ... Schloter, M. (2020). Microbiome definition re-visited: Old concepts and new challenges. *Microbiome*, 8. <https://doi.org/10.1186/s40168-020-00875-0>
- Borge, A. M., & Escoto, G. I. (2013). Generalidades de la microbiota intestinal y su rol en algunas patologías. *Revista Clínica Escuela de Medicina UCR-HSJD*, 3(11), Article 11. https://doi.org/10.15517/rc_ucr-hsjd.v3i12.13558
- Browne, H. P., Neville, B. A., Forster, S. C., & Lawley, T. D. (2017). Transmission of the gut microbiota: Spreading of health. *Nature reviews. Microbiology*, 15(9), 531-543. <https://doi.org/10.1038/nrmicro.2017.50>
- Camerotto, C., Cupisti, A., D'Alessandro, C., Muzio, F., & Gallieni, M. (2019). Dietary Fiber and Gut Microbiota in Renal Diets. *Nutrients*, 11(9). <https://doi.org/10.3390/nu11092149>

- Carey, R. M., Muntner, P., Bosworth, H. B., & Whelton, P. K. (2018). Prevention and Control of Hypertension: JACC Health Promotion Series. *Journal of the American College of Cardiology*, 72(11), 1278-1293. <https://doi.org/10.1016/j.jacc.2018.07.008>
- Carrero, J. J., González-Ortiz, A., Avesani, C. M., Bakker, S. J. L., Bellizzi, V., Chauveau, P., Clase, C. M., Cupisti, A., Espinosa-Cuevas, A., Molina, P., Moreau, K., Piccoli, G. B., Post, A., Sezer, S., & Fouque, D. (2020). Plant-based diets to manage the risks and complications of chronic kidney disease. *Nature Reviews. Nephrology*, 16(9), 525-542. <https://doi.org/10.1038/s41581-020-0297-2>
- Cases, A., Cigarrán-Guldrís, S., Mas, S., & Gonzalez-Parra, E. (2019). Vegetable-Based Diets for Chronic Kidney Disease? It Is Time to Reconsider. *Nutrients*, 11(6). <https://doi.org/10.3390/nu11061263>
- Cena, H., & Calder, P. C. (2020). Defining a Healthy Diet: Evidence for the Role of Contemporary Dietary Patterns in Health and Disease. *Nutrients*, 12(2). <https://doi.org/10.3390/nu12020334>
- Cespedes, E. M., & Hu, F. B. (2015). Dietary patterns: From nutritional epidemiologic analysis to national guidelines. *The American Journal of Clinical Nutrition*, 101(5), 899-900. <https://doi.org/10.3945/ajcn.115.110213>
- Chauveau, P., Koppe, L., Combe, C., Lasseur, C., Trolonge, S., & Aparicio, M. (2019). Vegetarian diets and chronic kidney disease. *Nephrology, Dialysis, Transplantation: Official Publication of the European Dialysis and Transplant Association - European Renal Association*, 34(2), 199-207. <https://doi.org/10.1093/ndt/gfy164>
- Chen, Y., Michalak, M., & Agellon, L. B. (2018). Importance of Nutrients and Nutrient Metabolism on Human Health. *The Yale Journal of Biology and Medicine*, 91(2), 95-103.
- Clarys, P., Deliens, T., Huybrechts, I., Deriemaeker, P., Vanaelst, B., De Keyzer, W., Hebbelinck, M., & Mullie, P. (2014). Comparison of Nutritional Quality of the Vegan, Vegetarian, Semi-Vegetarian, Pesco-Vegetarian and Omnivorous Diet. *Nutrients*, 6(3), 1318-1332. <https://doi.org/10.3390/nu6031318>
- Clarys, P., Deriemaeker, P., Huybrechts, I., Hebbelinck, M., & Mullie, P. (2013). Dietary pattern analysis: A comparison between matched vegetarian and omnivorous subjects. *Nutrition Journal*, 12, 82. <https://doi.org/10.1186/1475-2891-12-82>
- Clemente, J. C., Ursell, L. K., Parfrey, L. W., & Knight, R. (2012). The Impact of the Gut Microbiota on Human Health: An Integrative View. *Cell*, 148(6), 1258-1270. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2012.01.035>

- Collado, M. C., Rautava, S., Aakko, J., Isolauri, E., & Salminen, S. (2016). Human gut colonisation may be initiated in utero by distinct microbial communities in the placenta and amniotic fluid. *Scientific Reports*, 6(1), 23129. <https://doi.org/10.1038/srep23129>
- Cotillard, A., Kennedy, S. P., Kong, L. C., Prifti, E., Pons, N., Le Chatelier, E., Almeida, M., Quinquis, B., Levenez, F., Galleron, N., Gougis, S., Rizkalla, S., Batto, J.-M., Renault, P., ANR MicroObes consortium, Doré, J., Zucker, J.-D., Clément, K., & Ehrlich, S. D. (2013). Dietary intervention impact on gut microbial gene richness. *Nature*, 500(7464), 585-588. <https://doi.org/10.1038/nature12480>
- Cuevas-Sierra, A., Ramos-Lopez, O., Riezu-Boj, J. I., Milagro, F. I., & Martinez, J. A. (2019). Diet, Gut Microbiota, and Obesity: Links with Host Genetics and Epigenetics and Potential Applications. *Advances in Nutrition*, 10(Suppl 1), S17-S30. <https://doi.org/10.1093/advances/nmy078>
- Das, B., Ghosh, T. S., Kedia, S., Rampal, R., Saxena, S., Bag, S., Mitra, R., Dayal, M., Mehta, O., Surendranath, A., Travis, S. P. L., Tripathi, P., Nair, G. B., & Ahuja, V. (2018). Analysis of the Gut Microbiome of Rural and Urban Healthy Indians Living in Sea Level and High Altitude Areas. *Scientific Reports*, 8(1), 10104. <https://doi.org/10.1038/s41598-018-28550-3>
- David, L. A., Maurice, C. F., Carmody, R. N., Gootenberg, D. B., Button, J. E., Wolfe, B. E., Ling, A. V., Devlin, A. S., Varma, Y., Fischbach, M. A., Biddinger, S. B., Dutton, R. J., & Turnbaugh, P. J. (2014). Diet rapidly and reproducibly alters the human gut microbiome. *Nature*, 505(7484), 559-563. <https://doi.org/10.1038/nature12820>
- De Filippis, F., Pellegrini, N., Vannini, L., Jeffery, I. B., La Stora, A., Laghi, L., Serrazanetti, D. I., Di Cagno, R., Ferrocino, I., Lazzi, C., Turrone, S., Cocolin, L., Brigidi, P., Neviani, E., Gobbetti, M., O'Toole, P. W., & Ercolini, D. (2016). High-level adherence to a Mediterranean diet beneficially impacts the gut microbiota and associated metabolome. *Gut*, 65(11), 1812-1821. <https://doi.org/10.1136/gutjnl-2015-309957>
- Djekic, D., Shi, L., Brolin, H., Carlsson, F., Särnqvist, C., Savolainen, O., Cao, Y., Bäckhed, F., Tremaroli, V., Landberg, R., & Frøbert, O. (2020). Effects of a Vegetarian Diet on Cardiometabolic Risk Factors, Gut Microbiota, and Plasma Metabolome in Subjects With Ischemic Heart Disease: A Randomized, Crossover Study. *Journal of the American Heart Association: Cardiovascular and Cerebrovascular Disease*, 9(18). <https://doi.org/10.1161/JAHA.120.016518>

- Doré, J. (2019, diciembre 9). *When do bacteria first colonize the body? How host-microbe symbiosis is established in early life and its impact on neonatal health*. Gut Microbiota for Health. <https://www.gutmicrobiotaforhealth.com/when-do-bacteria-first-colonize-the-body-how-host-microbe-symbiosis-is-established-in-early-life-and-its-impact-on-neonatal-health/>
- Draper, C. F., Vassallo, I., Di Cara, A., Milone, C., Comminetti, O., Monnard, I., Godin, J.-P., Scherer, M., Su, M., Jia, W., Guiraud, S.-P., Praplan, F., Guignard, L., Ammon Zufferey, C., Shevlyakova, M., Emami, N., Moco, S., Beaumont, M., Kaput, J., & Martin, F.-P. (2018). A 48-Hour Vegan Diet Challenge in Healthy Women and Men Induces a BRANCH-Chain Amino Acid Related, Health Associated, Metabolic Signature. *Molecular Nutrition & Food Research*, 62(3). <https://doi.org/10.1002/mnfr.201700703>
- Dreher, M. L. (2018). Whole Fruits and Fruit Fiber Emerging Health Effects. *Nutrients*, 10(12). <https://doi.org/10.3390/nu10121833>
- Duncan, S. H., Louis, P., & Flint, H. J. (2007). Cultivable bacterial diversity from the human colon. *Letters in Applied Microbiology*, 44(4), 343-350. <https://doi.org/10.1111/j.1472-765X.2007.02129.x>
- Federici, E., Prete, R., Lazzi, C., Pellegrini, N., Moretti, M., Corsetti, A., & Cenci, G. (2017). Bacterial Composition, Genotoxicity, and Cytotoxicity of Fecal Samples from Individuals Consuming Omnivorous or Vegetarian Diets. *Frontiers in Microbiology*, 8. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2017.00300>
- Ferraro, P. M., Bargagli, M., Trinchieri, A., & Gambaro, G. (2020). Risk of Kidney Stones: Influence of Dietary Factors, Dietary Patterns, and Vegetarian–Vegan Diets. *Nutrients*, 12(3). <https://doi.org/10.3390/nu12030779>
- Finucane, M. M., Sharpton, T. J., Laurent, T. J., & Pollard, K. S. (2014). A Taxonomic Signature of Obesity in the Microbiome? Getting to the Guts of the Matter. *PLoS ONE*, 9(1). <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0084689>
- Forbes, A., Escher, J., Hébuterne, X., Kłęk, S., Krznaric, Z., Schneider, S., Shamir, R., Stardelova, K., Wierdsma, N., Wiskin, A. E., & Bischoff, S. C. (2017). ESPEN guideline: Clinical nutrition in inflammatory bowel disease. *Clinical Nutrition (Edinburgh, Scotland)*, 36(2), 321-347. <https://doi.org/10.1016/j.clnu.2016.12.027>
- Fouhy, F., Watkins, C., Hill, C. J., O’Shea, C.-A., Nagle, B., Dempsey, E. M., O’Toole, P. W., Ross, R. P., Ryan, C. A., & Stanton, C. (2019). Perinatal factors affect the gut

- microbiota up to four years after birth. *Nature Communications*, *10*(1), 1517. <https://doi.org/10.1038/s41467-019-09252-4>
- Fox, C. S., Golden, S. H., Anderson, C., Bray, G. A., Burke, L. E., de Boer, I. H., Deedwania, P., Eckel, R. H., Ershow, A. G., Fradkin, J., Inzucchi, S. E., Kosiborod, M., Nelson, R. G., Patel, M. J., Pignone, M., Quinn, L., Schauer, P. R., Selvin, E., Vafiadis, D. K., ... American Diabetes Association. (2015). Update on Prevention of Cardiovascular Disease in Adults With Type 2 Diabetes Mellitus in Light of Recent Evidence: A Scientific Statement From the American Heart Association and the American Diabetes Association. *Diabetes Care*, *38*(9), 1777-1803. <https://doi.org/10.2337/dci15-0012>
- Franco-de-Moraes, A. C., de Almeida-Pititto, B., da Rocha Fernandes, G., Gomes, E. P., da Costa Pereira, A., & Ferreira, S. R. (2017). Worse inflammatory profile in omnivores than in vegetarians associates with the gut microbiota composition. *Diabetology & Metabolic Syndrome*, *9*. <https://doi.org/10.1186/s13098-017-0261-x>
- Fransen, H. P., May, A. M., Stricker, M. D., Boer, J. M. A., Hennig, C., Rosseel, Y., Ocké, M. C., Peeters, P. H. M., & Beulens, J. W. J. (2014). A posteriori dietary patterns: How many patterns to retain? *The Journal of Nutrition*, *144*(8), 1274-1282. <https://doi.org/10.3945/jn.113.188680>
- Fu, C.-H., Yang, C. C. H., Lin, C.-L., & Kuo, T. B. J. (2006). Effects of long-term vegetarian diets on cardiovascular autonomic functions in healthy postmenopausal women. *The American Journal of Cardiology*, *97*(3), 380-383. <https://doi.org/10.1016/j.amjcard.2005.08.057>
- García, E. C., & Arias, B. S. (2020). Microbiota, Epigenética y respuesta a medicamentos en el cáncer de colon. *Revista Médica de la Universidad de Costa Rica*, *14*(2), 81-92. <https://doi.org/10.15517/rmucr.v14i2.44191>
- Gerritsen, J., Smidt, H., Rijkers, G. T., & Vos, W. M. de. (2011). Intestinal microbiota in human health and disease: The impact of probiotics. *Genes & Nutrition*, *6*(3), 209-240. <https://doi.org/10.1007/s12263-011-0229-7>
- Glenn, A. J., Viguiliouk, E., Seider, M., Boucher, B. A., Khan, T. A., Blanco Mejia, S., Jenkins, D. J. A., Kahleová, H., Rahelić, D., Salas-Salvadó, J., Kendall, C. W. C., & Sievenpiper, J. L. (2019). Relation of Vegetarian Dietary Patterns With Major Cardiovascular Outcomes: A Systematic Review and Meta-Analysis of Prospective Cohort Studies. *Frontiers in Nutrition*, *6*. <https://doi.org/10.3389/fnut.2019.00080>

- Gui, Q., Li, H., Wang, A., Zhao, X., Tan, Z., Chen, L., Xu, K., & Xiao, C. (2020). The association between gut butyrate-producing bacteria and non-small-cell lung cancer. *Journal of Clinical Laboratory Analysis*, 34(8), e23318. <https://doi.org/10.1002/jcla.23318>
- Gurung, M., Li, Z., You, H., Rodrigues, R., Jump, D. B., Morgun, A., & Shulzhenko, N. (2020). Role of gut microbiota in type 2 diabetes pathophysiology. *EBioMedicine*, 51, 102590. <https://doi.org/10.1016/j.ebiom.2019.11.051>
- Hargreaves, S. M., Raposo, A., Saraiva, A., & Zandonadi, R. P. (2021). Vegetarian Diet: An Overview through the Perspective of Quality of Life Domains. *International Journal of Environmental Research and Public Health*, 18(8). <https://doi.org/10.3390/ijerph18084067>
- Hayes, C. L., Dong, J., Galipeau, H. J., Jury, J., McCarville, J., Huang, X., Wang, X.-Y., Naidoo, A., Anbazhagan, A. N., Libertucci, J., Sheridan, C., Dudeja, P. K., Bowdish, D. M. E., Surette, M. G., & Verdu, E. F. (2018). Commensal microbiota induces colonic barrier structure and functions that contribute to homeostasis. *Scientific Reports*, 8. <https://doi.org/10.1038/s41598-018-32366-6>
- Hillman, E. T., Lu, H., Yao, T., & Nakatsu, C. H. (2017). Microbial Ecology along the Gastrointestinal Tract. *Microbes and Environments*, 32(4), 300. <https://doi.org/10.1264/jsme2.ME17017>
- Hills, R. D., Pontefract, B. A., Mishcon, H. R., Black, C. A., Sutton, S. C., & Theberge, C. R. (2019). Gut Microbiome: Profound Implications for Diet and Disease. *Nutrients*, 11(7). <https://doi.org/10.3390/nu11071613>
- Hounsome, N., Hounsome, B., & Lobo, M. G. (2018). Biochemistry of Vegetables. In *Handbook of Vegetables and Vegetable Processing* (pp. 25-46). John Wiley & Sons, Ltd. <https://doi.org/10.1002/9781119098935.ch2>
- Huttenhower, C., Gevers, D., Knight, R., Abubucker, S., Badger, J. H., Chinwalla, A. T., Creasy, H. H., Earl, A. M., FitzGerald, M. G., Fulton, R. S., Giglio, M. G., Hallsworth-Pepin, K., Lobos, E. A., Madupu, R., Magrini, V., Martin, J. C., Mitreva, M., Muzny, D. M., Sodergren, E. J., ... The Human Microbiome Project Consortium. (2012). Structure, function and diversity of the healthy human microbiome. *Nature*, 486(7402), 207-214. <https://doi.org/10.1038/nature11234>
- Jang, H. B., Choi, M.-K., Kang, J. H., Park, S. I., & Lee, H.-J. (2017). Association of dietary patterns with the fecal microbiota in Korean adolescents. *BMC Nutrition*, 3(1), 20. <https://doi.org/10.1186/s40795-016-0125-z>

- Jin, Y., Kanaya, A. M., Kandula, N. R., Rodriguez, L. A., & Talegawkar, S. A. (2018). Vegetarian Diets Are Associated with Selected Cardiometabolic Risk Factors among Middle-Older Aged South Asians in the United States. *The Journal of Nutrition*, *148*(12), 1954-1960. <https://doi.org/10.1093/jn/nxy217>
- Johnson, E. L., Heaver, S. L., Walters, W. A., & Ley, R. E. (2017). Microbiome and metabolic disease: Revisiting the bacterial phylum Bacteroidetes. *Journal of Molecular Medicine (Berlin, Germany)*, *95*(1), 1-8. <https://doi.org/10.1007/s00109-016-1492-2>
- Kahleova, H., Rembert, E., Alwarith, J., Yonas, W. N., Tura, A., Holubkov, R., Agnello, M., Chutkan, R., & Barnard, N. D. (2020). Effects of a Low-Fat Vegan Diet on Gut Microbiota in Overweight Individuals and Relationships with Body Weight, Body Composition, and Insulin Sensitivity. A Randomized Clinical Trial. *Nutrients*, *12*(10). <https://doi.org/10.3390/nu12102917>
- Kho, Z. Y., & Lal, S. K. (2018). The Human Gut Microbiome—A Potential Controller of Wellness and Disease. *Frontiers in Microbiology*, *9*, 1835. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2018.01835>
- Kim, H., Lee, K., Rebolz, C. M., & Kim, J. (2020). Plant-based diets and incident metabolic syndrome: Results from a South Korean prospective cohort study. *PLoS Medicine*, *17*(11), e1003371. <https://doi.org/10.1371/journal.pmed.1003371>
- Kim, M.-S., Hwang, S.-S., Park, E.-J., & Bae, J.-W. (2013). Strict vegetarian diet improves the risk factors associated with metabolic diseases by modulating gut microbiota and reducing intestinal inflammation. *Environmental Microbiology Reports*, *5*(5), 765-775. <https://doi.org/10.1111/1758-2229.12079>
- Koliada, A., Syzenko, G., Moseiko, V., Budovska, L., Puchkov, K., Perederiy, V., Gavalko, Y., Dorofeyev, A., Romanenko, M., Tkach, S., Sineok, L., Lushchak, O., & Vaiserman, A. (2017). Association between body mass index and Firmicutes/Bacteroidetes ratio in an adult Ukrainian population. *BMC Microbiology*, *17*(1), 120. <https://doi.org/10.1186/s12866-017-1027-1>
- Kolodziejczyk, A. A., Zheng, D., & Elinav, E. (2019). Diet–microbiota interactions and personalized nutrition. *Nature Reviews Microbiology*, *17*(12), 742-753. <https://doi.org/10.1038/s41579-019-0256-8>
- Kowalska, K., Brodowski, J., Pokorska-Niewiada, K., & Szczuko, M. (2020). The Change in the Content of Nutrients in Diets Eliminating Products of Animal Origin in

- Comparison to a Regular Diet from the Area of Middle-Eastern Europe. *Nutrients*, *12*(10). <https://doi.org/10.3390/nu12102986>
- Kristensen, N. B., Madsen, M. L., Hansen, T. H., Allin, K. H., Hoppe, C., Fagt, S., Lausten, M. S., Gøbel, R. J., Vestergaard, H., Hansen, T., & Pedersen, O. (2015). Intake of macro- and micronutrients in Danish vegans. *Nutrition Journal*, *14*(1), 115. <https://doi.org/10.1186/s12937-015-0103-3>
- Labus, J. S., Hollister, E. B., Jacobs, J., Kirbach, K., Oezguen, N., Gupta, A., Acosta, J., Luna, R. A., Aagaard, K., Versalovic, J., Savidge, T., Hsiao, E., Tillisch, K., & Mayer, E. A. (2017). Differences in gut microbial composition correlate with regional brain volumes in irritable bowel syndrome. *Microbiome*, *5*. <https://doi.org/10.1186/s40168-017-0260-z>
- Laudadio, I., Fulci, V., Palone, F., Stronati, L., Cucchiara, S., & Carissimi, C. (2018). Quantitative Assessment of Shotgun Metagenomics and 16S rDNA Amplicon Sequencing in the Study of Human Gut Microbiome. *OmicS: A Journal of Integrative Biology*, *22*(4), 248-254. <https://doi.org/10.1089/omi.2018.0013>
- Lawley, T. D., & Walker, A. W. (2013). Intestinal colonization resistance. *Immunology*, *138*(1), 1-11. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2567.2012.03616.x>
- Le, L. T., & Sabaté, J. (2014). Beyond Meatless, the Health Effects of Vegan Diets: Findings from the Adventist Cohorts. *Nutrients*, *6*(6), 2131-2147. <https://doi.org/10.3390/nu6062131>
- Lee, K. W., Loh, H. C., Ching, S. M., Devaraj, N. K., & Hoo, F. K. (2020). Effects of Vegetarian Diets on Blood Pressure Lowering: A Systematic Review with Meta-Analysis and Trial Sequential Analysis. *Nutrients*, *12*(6). <https://doi.org/10.3390/nu12061604>
- Lee, Y., & Park, K. (2017). Adherence to a Vegetarian Diet and Diabetes Risk: A Systematic Review and Meta-Analysis of Observational Studies. *Nutrients*, *9*(6). <https://doi.org/10.3390/nu9060603>
- Leitzmann, C. (2014). Vegetarian nutrition: Past, present, future. *The American Journal of Clinical Nutrition*, *100*(suppl_1), 496S-502S. <https://doi.org/10.3945/ajcn.113.071365>
- Li, C., Chen, J., & Li, S. C. (2020). Understanding Horizontal Gene Transfer network in human gut microbiota. *Gut Pathogens*, *12*(1), 33. <https://doi.org/10.1186/s13099-020-00370-9>

- Li, Y., Hruby, A., Bernstein, A. M., Ley, S. H., Wang, D. D., Chiuve, S. E., Sampson, L., Rexrode, K. M., Rimm, E. B., Willett, W. C., & Hu, F. B. (2015). Saturated Fat as Compared With Unsaturated Fats and Sources of Carbohydrates in Relation to Risk of Coronary Heart Disease: A Prospective Cohort Study. *Journal of the American College of Cardiology*, *66*(14), 1538-1548. <https://doi.org/10.1016/j.jacc.2015.07.055>
- Lin, C.-K., Lin, D.-J., Yen, C.-H., Chen, S.-C., Chen, C.-C., Wang, T.-Y., Chou, M.-C., Chang, H.-R., & Lee, M.-C. (2010). Comparison of Renal Function and Other Health Outcomes in Vegetarians versus Omnivores in Taiwan. *Journal of Health, Population, and Nutrition*, *28*(5), 470-475.
- Lin, L., & Zhang, J. (2017). Role of intestinal microbiota and metabolites on gut homeostasis and human diseases. *BMC Immunology*, *18*. <https://doi.org/10.1186/s12865-016-0187-3>
- Linares, D. M., Ross, P., & Stanton, C. (2015). Beneficial Microbes: The pharmacy in the gut. *Bioengineered*, *7*(1), 11-20. <https://doi.org/10.1080/21655979.2015.1126015>
- Lloyd-Price, J., Abu-Ali, G., & Huttenhower, C. (2016). The healthy human microbiome. *Genome Medicine*, *8*(1), 51. <https://doi.org/10.1186/s13073-016-0307-y>
- Losasso, C., Eckert, E. M., Mastroilli, E., Villiger, J., Mancin, M., Patuzzi, I., Di Cesare, A., Cibir, V., Barrucci, F., Pernthaler, J., Corno, G., & Ricci, A. (2018). Assessing the Influence of Vegan, Vegetarian and Omnivore Oriented Westernized Dietary Styles on Human Gut Microbiota: A Cross Sectional Study. *Frontiers in Microbiology*, *9*. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2018.00317>
- Louis, P., & Flint, H. J. (2009). Diversity, metabolism and microbial ecology of butyrate-producing bacteria from the human large intestine. *FEMS Microbiology Letters*, *294*(1), 1-8. <https://doi.org/10.1111/j.1574-6968.2009.01514.x>
- Lourenço, S. C., Moldão-Martins, M., & Alves, V. D. (2019). Antioxidants of Natural Plant Origins: From Sources to Food Industry Applications. *Molecules*, *24*(22). <https://doi.org/10.3390/molecules24224132>
- Lovegrove, A., Edwards, C. H., De Noni, I., Patel, H., El, S. N., Grassby, T., Zielke, C., Ulmius, M., Nilsson, L., Butterworth, P. J., Ellis, P. R., & Shewry, P. R. (2017). Role of polysaccharides in food, digestion, and health. *Critical Reviews in Food Science and Nutrition*, *57*(2), 237-253. <https://doi.org/10.1080/10408398.2014.939263>

- Lozupone, C. A., Stombaugh, J. I., Gordon, J. I., Jansson, J. K., & Knight, R. (2012). Diversity, stability and resilience of the human gut microbiota. *Nature*, *489*(7415), 220-230. <https://doi.org/10.1038/nature11550>
- Maccaferri, S., Biagi, E., & Brigidi, P. (2011). Metagenomics: Key to human gut microbiota. *Digestive Diseases (Basel, Switzerland)*, *29*(6), 525-530. <https://doi.org/10.1159/000332966>
- Maggini, S., Pierre, A., & Calder, P. C. (2018). Immune Function and Micronutrient Requirements Change over the Life Course. *Nutrients*, *10*(10), 1531. <https://doi.org/10.3390/nu10101531>
- Manterola, C., Astudillo, P., Arias, E., & Claros, N. (2013). Revisión sistemática de la literatura. Qué se debe saber acerca de ellas. *Cirugía Española*, *91*(3), 149-155. <https://doi.org/10.1016/j.ciresp.2011.07.009>
- Marchesi, J. R., Adams, D. H., Fava, F., Hermes, G. D. A., Hirschfield, G. M., Hold, G., Quraishi, M. N., Kinross, J., Smidt, H., Tuohy, K. M., Thomas, L. V., Zoetendal, E. G., & Hart, A. (2016). The gut microbiota and host health: A new clinical frontier. *Gut*, *65*(2), 330-339. <https://doi.org/10.1136/gutjnl-2015-309990>
- Mariotti, F., & Gardner, C. D. (2019). Dietary Protein and Amino Acids in Vegetarian Diets—A Review. *Nutrients*, *11*(11). <https://doi.org/10.3390/nu11112661>
- Martínez, I., Stegen, J. C., Maldonado-Gómez, M. X., Eren, A. M., Siba, P. M., Greenhill, A. R., & Walter, J. (2015). The gut microbiota of rural Papua New Guineans: Composition, diversity patterns, and ecological processes. *Cell Reports*, *11*(4), 527-538. <https://doi.org/10.1016/j.celrep.2015.03.049>
- Matijašić, M., Meštrović, T., Čipčić Paljetak, H., Perić, M., Barešić, A., & Verbanac, D. (2020). Gut Microbiota beyond Bacteria—Mycobiome, Virome, Archaeome, and Eukaryotic Parasites in IBD. *International Journal of Molecular Sciences*, *21*(8). <https://doi.org/10.3390/ijms21082668>
- McGuire, S. (2016). Scientific Report of the 2015 Dietary Guidelines Advisory Committee. Washington, DC: US Departments of Agriculture and Health and Human Services, 2015. *Advances in Nutrition*, *7*(1), 202-204. <https://doi.org/10.3945/an.115.011684>
- Methé, B. A., Nelson, K. E., Pop, M., Creasy, H. H., Giglio, M. G., Huttenhower, C., Gevers, D., Petrosino, J. F., Abubucker, S., Badger, J. H., Chinwalla, A. T., Earl, A. M., FitzGerald, M. G., Fulton, R. S., Hallsworth-Pepin, K., Lobos, E. A., Madupu, R., Magrini, V., Martin, J. C., ... The Human Microbiome Project Consortium. (2012).

- A framework for human microbiome research. *Nature*, 486(7402), 215-221.
<https://doi.org/10.1038/nature11209>
- Metzger, R. N., Krug, A. B., & Eisenächer, K. (2018). Enteric Virome Sensing—Its Role in Intestinal Homeostasis and Immunity. *Viruses*, 10(4).
<https://doi.org/10.3390/v10040146>
- Milani, C., Duranti, S., Bottacini, F., Casey, E., Turrone, F., Mahony, J., Belzer, C., Delgado Palacio, S., Arboleya Montes, S., Mancabelli, L., Lugli, G. A., Rodriguez, J. M., Bode, L., de Vos, W., Gueimonde, M., Margolles, A., van Sinderen, D., & Ventura, M. (2017). The First Microbial Colonizers of the Human Gut: Composition, Activities, and Health Implications of the Infant Gut Microbiota. *Microbiology and Molecular Biology Reviews : MMBR*, 81(4). <https://doi.org/10.1128/MMBR.00036-17>
- Minocha, S., Thomas, T., & Kurpad, A. V. (2017). Dietary Protein and the Health–Nutrition–Agriculture Connection in India. *The Journal of Nutrition*, 147(7), 1243-1250.
<https://doi.org/10.3945/jn.116.243980>
- Moher, D., Liberati, A., Tetzlaff, J., & Altman, D. G. (2009). Ítems de referencia para publicar Revisiones Sistemáticas y Metaanálisis: La Declaración PRISMA. *Rev Esp Nutr Hum Diet*. <https://fcsalud.ua.es/es/portal-de-investigacion/documentos/herramientas-para-la-busqueda-bibliografica/declaracion-prisma.pdf>
- Moles, L., & Otaegui, D. (2020). The Impact of Diet on Microbiota Evolution and Human Health. Is Diet an Adequate Tool for Microbiota Modulation? *Nutrients*, 12(6), 1654.
<https://doi.org/10.3390/nu12061654>
- Ndanuko, R. N., Tapsell, L. C., Charlton, K. E., Neale, E. P., & Batterham, M. J. (2016). Dietary Patterns and Blood Pressure in Adults: A Systematic Review and Meta-Analysis of Randomized Controlled Trials. *Advances in Nutrition*, 7(1), 76-89.
<https://doi.org/10.3945/an.115.009753>
- Nebl, J., Haufe, S., Eigendorf, J., Wasserfurth, P., Tegtbur, U., & Hahn, A. (2019). Exercise capacity of vegan, lacto-ovo-vegetarian and omnivorous recreational runners. *Journal of the International Society of Sports Nutrition*, 16.
<https://doi.org/10.1186/s12970-019-0289-4>
- Nebl, J., Schuchardt, J. P., Ströhle, A., Wasserfurth, P., Haufe, S., Eigendorf, J., Tegtbur, U., & Hahn, A. (2019). Micronutrient Status of Recreational Runners with Vegetarian or

- Non-Vegetarian Dietary Patterns. *Nutrients*, 11(5).
<https://doi.org/10.3390/nu11051146>
- Nebl, J., Schuchardt, J. P., Wasserfurth, P., Haufe, S., Eigendorf, J., Tegtbur, U., & Hahn, A. (2019). Characterization, dietary habits and nutritional intake of omnivorous, lacto-ovo vegetarian and vegan runners – a pilot study. *BMC Nutrition*, 5(1), 51. <https://doi.org/10.1186/s40795-019-0313-8>
- Negi, S., Das, D. K., Pahari, S., Nadeem, S., & Agrewala, J. N. (2019). Potential Role of Gut Microbiota in Induction and Regulation of Innate Immune Memory. *Frontiers in Immunology*, 10. <https://doi.org/10.3389/fimmu.2019.02441>
- Nelson, M. E., Hamm, M. W., Hu, F. B., Abrams, S. A., & Griffin, T. S. (2016). Alignment of Healthy Dietary Patterns and Environmental Sustainability: A Systematic Review. *Advances in Nutrition (Bethesda, Md.)*, 7(6), 1005-1025. <https://doi.org/10.3945/an.116.012567>
- Olfert, M. D., & Wattick, R. A. (2018). Vegetarian Diets and the Risk of Diabetes. *Current Diabetes Reports*, 18(11), 101. <https://doi.org/10.1007/s11892-018-1070-9>
- Orlich, M. J., Jaceldo-Siegl, K., Sabaté, J., Fan, J., Singh, P. N., & Fraser, G. E. (2014). Patterns of food consumption among vegetarians and non-vegetarians. *The British journal of nutrition*, 112(10), 1644-1653. <https://doi.org/10.1017/S000711451400261X>
- Ouabbou, S., Jian, C., Ávila-Aguirre, A., Raventós, H., & Salonen, A. (2021). Description of the fecal microbiota of siblings from Costa Rica with and without affective and psychotic disorders. *Journal of Affective Disorders Reports*, 4, 100081. <https://doi.org/10.1016/j.jadr.2021.100081>
- Ozato, N., Saito, S., Yamaguchi, T., Katashima, M., Tokuda, I., Sawada, K., Katsuragi, Y., Kakuta, M., Imoto, S., Ihara, K., & Nakaji, S. (2019). Blautia genus associated with visceral fat accumulation in adults 20–76 years of age. *Npj Biofilms and Microbiomes*, 5(1), 1-9. <https://doi.org/10.1038/s41522-019-0101-x>
- Pagliai, G., Russo, E., Niccolai, E., Dinu, M., Di Pilato, V., Magrini, A., Bartolucci, G., Baldi, S., Menicatti, M., Giusti, B., Marcucci, R., Rossolini, G. M., Casini, A., Sofi, F., & Amedei, A. (2020). Influence of a 3-month low-calorie Mediterranean diet compared to the vegetarian diet on human gut microbiota and SCFA: The CARDIVEG Study. *European Journal of Nutrition*, 59(5), 2011-2024. <https://doi.org/10.1007/s00394-019-02050-0>

- Palacios, O. M., & Maki, K. C. (2019). Vegetarian Diet Patterns and Chronic Disease Risk: What We Know and What We Don't. *Nutrition Today*, *54*(4), 132-140. <https://doi.org/10.1097/NT.0000000000000350>
- Paslakis, G., Richardson, C., Nöhre, M., Brähler, E., Holzapfel, C., Hilbert, A., & de Zwaan, M. (2020). Prevalence and psychopathology of vegetarians and vegans—Results from a representative survey in Germany. *Scientific Reports*, *10*(1), 6840. <https://doi.org/10.1038/s41598-020-63910-y>
- Petersen, C., & Round, J. L. (2014). Defining dysbiosis and its influence on host immunity and disease. *Cellular Microbiology*, *16*(7), 1024-1033. <https://doi.org/10.1111/cmi.12308>
- 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., ... Wang, J. (2010). A human gut microbial gene catalogue established by metagenomic sequencing. *Nature*, *464*(7285), 59-65. <https://doi.org/10.1038/nature08821>
- Ramírez Hernández, F. (2019). *Encuesta actualidades 2019*. <https://www.ucr.ac.cr/medios/documentos/2019/estadistica-ucr-encuesta-actualidades-2019.pdf>
- Redecilla Ferreiro, S., Moráis López, A., Moreno Villares, J. M., Redecilla Ferreiro, S., Moráis López, A., Moreno Villares, J. M., Leis Trabazo, R., José Díaz, J., Sáenz de Pipaón, M., Blesa, L., Campoy, C., Ángel Sanjosé, M., Gil Campos, M., & Ares, S. (2020). Recomendaciones del Comité de Nutrición y Lactancia Materna de la Asociación Española de Pediatría sobre las dietas vegetarianas. *Anales de Pediatría*, *92*(5), 306.e1-306.e6. <https://doi.org/10.1016/j.anpedi.2019.10.013>
- Richter, C. K., Skulas-Ray, A. C., Champagne, C. M., & Kris-Etherton, P. M. (2015). Plant Protein and Animal Proteins: Do They Differentially Affect Cardiovascular Disease Risk? *Advances in Nutrition*, *6*(6), 712-728. <https://doi.org/10.3945/an.115.009654>
- Rinninella, E., Raoul, P., Cintoni, M., Franceschi, F., Miggiano, G. A. D., Gasbarrini, A., & Mele, M. C. (2019). What is the Healthy Gut Microbiota Composition? A Changing Ecosystem across Age, Environment, Diet, and Diseases. *Microorganisms*, *7*(1). <https://doi.org/10.3390/microorganisms7010014>
- Rivière, A., Selak, M., Lantin, D., Leroy, F., & De Vuyst, L. (2016). Bifidobacteria and Butyrate-Producing Colon Bacteria: Importance and Strategies for Their Stimulation

- in the Human Gut. *Frontiers in Microbiology*, 7, 979. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2016.00979>
- Rizzo, N. S., Jaceldo-Siegl, K., Sabate, J., & Fraser, G. E. (2013). Nutrient profiles of vegetarian and nonvegetarian dietary patterns. *Journal of the Academy of Nutrition and Dietetics*, 113(12), 1610-1619. <https://doi.org/10.1016/j.jand.2013.06.349>
- Rodríguez, J. M., Murphy, K., Stanton, C., Ross, R. P., Kober, O. I., Juge, N., Avershina, E., Rudi, K., Narbad, A., Jenmalm, M. C., Marchesi, J. R., & Collado, M. C. (2015). The composition of the gut microbiota throughout life, with an emphasis on early life. *Microbial Ecology in Health and Disease*, 26. <https://doi.org/10.3402/mehd.v26.26050>
- Rowan-Nash, A. D., Korry, B. J., Mylonakis, E., & Belenky, P. (2019). Cross-Domain and Viral Interactions in the Microbiome. *Microbiology and Molecular Biology Reviews : MMBR*, 83(1). <https://doi.org/10.1128/MMBR.00044-18>
- Ruby, M. B., Alvarenga, M. S., Rozin, P., Kirby, T. A., Richer, E., & Rutsztein, G. (2016). Attitudes toward beef and vegetarians in Argentina, Brazil, France, and the USA. *Appetite*, 96, 546-554. <https://doi.org/10.1016/j.appet.2015.10.018>
- Ruengsomwong, S., La-Ongkham, O., Jiang, J., Wannissorn, B., Nakayama, J., & Nitisinprasert, S. (2016). Microbial Community of Healthy Thai Vegetarians and Non-Vegetarians, Their Core Gut Microbiota, and Pathogen Risk. *Journal of Microbiology and Biotechnology*, 26(10), 1723-1735. <https://doi.org/10.4014/jmb.1603.03057>
- Santoro, A., Ostan, R., Candela, M., Biagi, E., Brigidi, P., Capri, M., & Franceschi, C. (2018). Gut microbiota changes in the extreme decades of human life: A focus on centenarians. *Cellular and Molecular Life Sciences*, 75(1), 129-148. <https://doi.org/10.1007/s00018-017-2674-y>
- Sartor, R. B., & Wu, G. D. (2017). Roles for Intestinal Bacteria, Viruses, and Fungi in Pathogenesis of Inflammatory Bowel Diseases and Therapeutic Approaches. *Gastroenterology*, 152(2), 327-339.e4. <https://doi.org/10.1053/j.gastro.2016.10.012>
- Schulze, M. B., Martínez-González, M. A., Fung, T. T., Lichtenstein, A. H., & Forouhi, N. G. (2018). Food based dietary patterns and chronic disease prevention. *BMJ*, 361. <https://doi.org/10.1136/bmj.k2396>
- Schwingshackl, L., Hoffmann, G., Lampousi, A.-M., Knüppel, S., Iqbal, K., Schwedhelm, C., Bechthold, A., Schlesinger, S., & Boeing, H. (2017). Food groups and risk of type 2 diabetes mellitus: A systematic review and meta-analysis of prospective studies.

- European Journal of Epidemiology*, 32(5), 363-375. <https://doi.org/10.1007/s10654-017-0246-y>
- Sebastiani, G., Herranz Barbero, A., Borrás-Novell, C., Alsina Casanova, M., Aldecoa-Bilbao, V., Andreu-Fernández, V., Pascual Tutusaus, M., Ferrero Martínez, S., Gómez Roig, M. D., & García-Algar, O. (2019). The Effects of Vegetarian and Vegan Diet during Pregnancy on the Health of Mothers and Offspring. *Nutrients*, 11(3). <https://doi.org/10.3390/nu11030557>
- Sender, R., Fuchs, S., & Milo, R. (2016). Are We Really Vastly Outnumbered? Revisiting the Ratio of Bacterial to Host Cells in Humans. *Cell*, 164(3), 337-340. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2016.01.013>
- Shetty, S. A., Marathe, N. P., & Shouche, Y. S. (2013). Opportunities and challenges for gut microbiome studies in the Indian population. *Microbiome*, 1(1), 24. <https://doi.org/10.1186/2049-2618-1-24>
- Shreiner, A. B., Kao, J. Y., & Young, V. B. (2015). The gut microbiome in health and in disease. *Current opinion in gastroenterology*, 31(1), 69-75. <https://doi.org/10.1097/MOG.0000000000000139>
- Singh, R. K., Chang, H.-W., Yan, D., Lee, K. M., Ucmak, D., Wong, K., Abrouk, M., Farahnik, B., Nakamura, M., Zhu, T. H., Bhutani, T., & Liao, W. (2017). Influence of diet on the gut microbiome and implications for human health. *Journal of Translational Medicine*, 15(1), 73. <https://doi.org/10.1186/s12967-017-1175-y>
- So, D., Whelan, K., Rossi, M., Morrison, M., Holtmann, G., Kelly, J. T., Shanahan, E. R., Staudacher, H. M., & Campbell, K. L. (2018). Dietary fiber intervention on gut microbiota composition in healthy adults: A systematic review and meta-analysis. *The American Journal of Clinical Nutrition*, 107(6), 965-983. <https://doi.org/10.1093/ajcn/nqy041>
- Sobiecki, J. G., Appleby, P. N., Bradbury, K. E., & Key, T. J. (2016). High compliance with dietary recommendations in a cohort of meat eaters, fish eaters, vegetarians, and vegans: Results from the European Prospective Investigation into Cancer and Nutrition–Oxford study. *Nutrition Research (New York, N.y.)*, 36(5), 464-477. <https://doi.org/10.1016/j.nutres.2015.12.016>
- Sood, A., Ahuja, V., Kedia, S., Midha, V., Mahajan, R., Mehta, V., Sudhakar, R., Singh, A., Kumar, A., Puri, A. S., Tantry, B. V., Thapa, B. R., Goswami, B., Behera, B. N., Ye, B. D., Bansal, D., Desai, D., Pai, G., Yattoo, G. N., ... Ghoshal, U. C. (2019). Diet and inflammatory bowel disease: The Asian Working Group guidelines. *Indian*

- Journal of Gastroenterology*, 38(3), 220-246. <https://doi.org/10.1007/s12664-019-00976-1>
- Stanislawski, M. A., Dabelea, D., Wagner, B. D., Iszatt, N., Dahl, C., Sontag, M. K., Knight, R., Lozupone, C. A., & Eggesbø, M. (2018). Gut Microbiota in the First 2 Years of Life and the Association with Body Mass Index at Age 12 in a Norwegian Birth Cohort. *mBio*, 9(5). <https://doi.org/10.1128/mBio.01751-18>
- Statista Research Department. (2020). *United States—Share of vegetarians and vegans in 2018*. Statista. <https://www.statista.com/statistics/237462/share-of-vegetarians-in-the-united-states/>
- Stojanov, S., Berlec, A., & Štrukelj, B. (2020). The Influence of Probiotics on the Firmicutes/Bacteroidetes Ratio in the Treatment of Obesity and Inflammatory Bowel disease. *Microorganisms*, 8(11). <https://doi.org/10.3390/microorganisms8111715>
- Tajkarimi, M., & Wexler, H. M. (2017). CRISPR-Cas Systems in *Bacteroides fragilis*, an Important Pathobiont in the Human Gut Microbiome. *Frontiers in Microbiology*, 8. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2017.02234>
- Tapsell, L. C., Neale, E. P., Satija, A., & Hu, F. B. (2016). Foods, Nutrients, and Dietary Patterns: Interconnections and Implications for Dietary Guidelines. *Advances in Nutrition*, 7(3), 445-454. <https://doi.org/10.3945/an.115.011718>
- Tardy, A.-L., Pouteau, E., Marquez, D., Yilmaz, C., & Scholey, A. (2020). Vitamins and Minerals for Energy, Fatigue and Cognition: A Narrative Review of the Biochemical and Clinical Evidence. *Nutrients*, 12(1), 228. <https://doi.org/10.3390/nu12010228>
- The Integrative HMP Research Network Consortium. (2019). The Integrative Human Microbiome Project. *Nature*, 569(7758), 641-648. <https://doi.org/10.1038/s41586-019-1238-8>
- Thomas, D. T., Erdman, K. A., & Burke, L. M. (2016). American College of Sports Medicine Joint Position Statement. Nutrition and Athletic Performance. *Medicine and Science in Sports and Exercise*, 48(3), 543-568. <https://doi.org/10.1249/MSS.0000000000000852>
- Thomas, S., Izard, J., Walsh, E., Batich, K., Chongsathidkiet, P., Clarke, G., Sela, D. A., Muller, A. J., Mullin, J. M., Albert, K., Gilligan, J. P., DiGuilio, K., Dilbarova, R., Alexander, W., & Prendergast, G. C. (2017). The Host Microbiome Regulates and Maintains Human Health: A Primer and Perspective for Non-Microbiologists. *Cancer Research*, 77(8), 1783. <https://doi.org/10.1158/0008-5472.CAN-16-2929>

- Thompson, L. R., Sanders, J. G., McDonald, D., Amir, A., Ladau, J., Locey, K. J., Prill, R. J., Tripathi, A., Gibbons, S. M., Ackermann, G., Navas-Molina, J. A., Janssen, S., Kopylova, E., Vázquez-Baeza, Y., González, A., Morton, J. T., Mirarab, S., Zech Xu, Z., Jiang, L., ... Knight, R. (2017). A communal catalogue reveals Earth's multiscale microbial diversity. *Nature*, *551*(7681), 457-463. <https://doi.org/10.1038/nature24621>
- Thursby, E., & Juge, N. (2017). Introduction to the human gut microbiota. *Biochemical Journal*, *474*(11), 1823-1836. <https://doi.org/10.1042/BCJ20160510>
- Tindall, A. M., Petersen, K. S., & Kris-Etherton, P. M. (2018). Dietary Patterns Affect the Gut Microbiome—The Link to Risk of Cardiometabolic Diseases. *The Journal of Nutrition*, *148*(9), 1402-1407. <https://doi.org/10.1093/jn/nxy141>
- Tomova, A., Bukovsky, I., Rembert, E., Yonas, W., Alwarith, J., Barnard, N. D., & Kahleova, H. (2019). The Effects of Vegetarian and Vegan Diets on Gut Microbiota. *Frontiers in Nutrition*, *6*. <https://doi.org/10.3389/fnut.2019.00047>
- Tong, T. Y., Key, T. J., Sobiecki, J. G., & Bradbury, K. E. (2018). Anthropometric and physiologic characteristics in white and British Indian vegetarians and nonvegetarians in the UK Biobank. *The American Journal of Clinical Nutrition*, *107*(6), 909-920. <https://doi.org/10.1093/ajcn/nqy042>
- Tonstad, S., Stewart, K., Oda, K., Batech, M., Herring, R. P., & Fraser, G. E. (2013). Vegetarian diets and incidence of diabetes in the Adventist Health Study-2. *Nutrition, Metabolism, and Cardiovascular Diseases: NMCD*, *23*(4), 292-299. <https://doi.org/10.1016/j.numecd.2011.07.004>
- Trefflich, I., Jabakhanji, A., Menzel, J., Blaut, M., Michalsen, A., Lampen, A., Abraham, K., & Weikert, C. (2020). Is a vegan or a vegetarian diet associated with the microbiota composition in the gut? Results of a new cross-sectional study and systematic review. *Critical Reviews in Food Science and Nutrition*, *60*(17), 2990-3004. <https://doi.org/10.1080/10408398.2019.1676697>
- Tucker, K. L. (2010). Dietary patterns, approaches, and multicultural perspective. *Applied Physiology, Nutrition, and Metabolism = Physiologie Appliquee, Nutrition Et Metabolisme*, *35*(2), 211-218. <https://doi.org/10.1139/H10-010>
- U.S. Department of Health and Human Services, & U.S. Department of Agriculture. (2015, diciembre). *Dietary Guidelines for Americans 2015-2020*. <https://health.gov/our-work/food-nutrition/2015-2020-dietary-guidelines/guidelines/>

- Valdes, A. M., Walter, J., Segal, E., & Spector, T. D. (2018). Role of the gut microbiota in nutrition and health. *BMJ*, *361*, k2179. <https://doi.org/10.1136/bmj.k2179>
- van de Rest, O., Berendsen, A. A., Haveman-Nies, A., & de Groot, L. C. (2015). Dietary Patterns, Cognitive Decline, and Dementia: A Systematic Review. *Advances in Nutrition*, *6*(2), 154-168. <https://doi.org/10.3945/an.114.007617>
- Vandeputte, D., Falony, G., Vieira-Silva, S., Wang, J., Sailer, M., Theis, S., Verbeke, K., & Raes, J. (2017). Prebiotic inulin-type fructans induce specific changes in the human gut microbiota. *Gut*, *66*(11), 1968-1974. <https://doi.org/10.1136/gutjnl-2016-313271>
- Veca, R., O'Dea, C., Burke, J., Hatje, E., Kuballa, A., & Katouli, M. (2020). A Comparative Study of the Adherent-Invasive *Escherichia coli* Population and Gut Microbiota of Healthy Vegans versus Omnivores. *Microorganisms*, *8*(8). <https://doi.org/10.3390/microorganisms8081165>
- Wampach, L., Heintz-Buschart, A., Fritz, J. V., Ramiro-Garcia, J., Habier, J., Herold, M., Narayanasamy, S., Kaysen, A., Hogan, A. H., Bindl, L., Bottu, J., Halder, R., Sjöqvist, C., May, P., Andersson, A. F., de Beaufort, C., & Wilmes, P. (2018). Birth mode is associated with earliest strain-conferred gut microbiome functions and immunostimulatory potential. *Nature Communications*, *9*(1), 5091. <https://doi.org/10.1038/s41467-018-07631-x>
- Wang, F., Wan, Y., Yin, K., Wei, Y., Wang, B., Yu, X., Ni, Y., Zheng, J., Huang, T., Song, M., & Li, D. (2019). Lower Circulating Branched-Chain Amino Acid Concentrations Among Vegetarians are Associated with Changes in Gut Microbial Composition and Function. *Molecular Nutrition & Food Research*, *63*(24), 1900612. <https://doi.org/10.1002/mnfr.201900612>
- Wang, H., Wei, C.-X., Min, L., & Zhu, L.-Y. (2018). Good or bad: Gut bacteria in human health and diseases. *Biotechnology & Biotechnological Equipment*, *32*(5), 1075-1080. <https://doi.org/10.1080/13102818.2018.1481350>
- 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 : WJG*, *21*(3), 803-814. <https://doi.org/10.3748/wjg.v21.i3.803>
- Wang, Y., Tian, R. M., Gao, Z. M., Bougouffa, S., & Qian, P.-Y. (2014). Optimal Eukaryotic 18S and Universal 16S/18S Ribosomal RNA Primers and Their Application in a Study of Symbiosis. *PLoS ONE*, *9*(3). <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0090053>
- Weder, S., Hoffmann, M., Becker, K., Alexy, U., & Keller, M. (2019). Energy, Macronutrient Intake, and Anthropometrics of Vegetarian, Vegan, and Omnivorous Children (1–3

- Years) in Germany (VeChi Diet Study). *Nutrients*, *11*(4). <https://doi.org/10.3390/nu11040832>
- Wirnitzer, K., Boldt, P., Lechleitner, C., Wirnitzer, G., Leitzmann, C., Rosemann, T., & Knechtle, B. (2018). Health Status of Female and Male Vegetarian and Vegan Endurance Runners Compared to Omnivores—Results from the NURMI Study (Step 2). *Nutrients*, *11*(1). <https://doi.org/10.3390/nu11010029>
- Wozniak, H., Larpin, C., de Mestral, C., Guessous, I., Reny, J.-L., & Stringhini, S. (2020). Vegetarian, pescatarian and flexitarian diets: Sociodemographic determinants and association with cardiovascular risk factors in a Swiss urban population. *The British Journal of Nutrition*, *124*(8), 844-852. <https://doi.org/10.1017/S0007114520001762>
- Wu, G. D., Compher, C., Chen, E. Z., Smith, S. A., Shah, R. D., Bittinger, K., Chehoud, C., Albenberg, L. G., Nessel, L., Gilroy, E., Star, J., Weljie, A. M., Flint, H. J., Metz, D. C., Bennett, M. J., Li, H., Bushman, F. D., & Lewis, J. D. (2016). Comparative metabolomics in vegans and omnivores reveal constraints on diet-dependent gut microbiota metabolite production. *Gut*, *65*(1), 63-72. <https://doi.org/10.1136/gutjnl-2014-308209>
- Yan, Q., Gu, Y., Li, X., Yang, W., Jia, L., Chen, C., Han, X., Huang, Y., Zhao, L., Li, P., Fang, Z., Zhou, J., Guan, X., Ding, Y., Wang, S., Khan, M., Xin, Y., Li, S., & Ma, Y. (2017). Alterations of the Gut Microbiome in Hypertension. *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology*, *7*. <https://doi.org/10.3389/fcimb.2017.00381>
- Yang, J., Yang, Y., Ishii, M., Nagata, M., Aw, W., Obana, N., Tomita, M., Nomura, N., & Fukuda, S. (2020). Does the Gut Microbiota Modulate Host Physiology through Polymicrobial Biofilms? *Microbes and Environments*, *35*(3). <https://doi.org/10.1264/jsme2.ME20037>
- Yang, Q., Liang, Q., Balakrishnan, B., Belobrajdic, D. P., Feng, Q.-J., & Zhang, W. (2020). Role of Dietary Nutrients in the Modulation of Gut Microbiota: A Narrative Review. *Nutrients*, *12*(2). <https://doi.org/10.3390/nu12020381>
- Yang, S.-Y., Zhang, H.-J., Sun, S.-Y., Wang, L.-Y., Yan, B., Liu, C.-Q., Zhang, W., & Li, X.-J. (2011). Relationship of carotid intima-media thickness and duration of vegetarian diet in Chinese male vegetarians. *Nutrition & Metabolism*, *8*, 63. <https://doi.org/10.1186/1743-7075-8-63>
- Yatsunencko, T., Rey, F. E., Manary, M. J., Trehan, I., Dominguez-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., ... Gordon, J. I. (2012). Human gut microbiome viewed across age and geography. *Nature*, 486(7402), 222-227. <https://doi.org/10.1038/nature11053>
- Zand, N., Christides, T., & Loughrill, E. (2015). Dietary intake of minerals. En *Handbook of Mineral Elements in Food* (pp. 23-39). John Wiley & Sons, Ltd. <https://doi.org/10.1002/9781118654316.ch2>
- Zhang, C., Björkman, A., Cai, K., Liu, G., Wang, C., Li, Y., Xia, H., Sun, L., Kristiansen, K., Wang, J., Han, J., Hammarström, L., & Pan-Hammarström, Q. (2018). Impact of a 3-Months Vegetarian Diet on the Gut Microbiota and Immune Repertoire. *Frontiers in Immunology*, 9, 908. <https://doi.org/10.3389/fimmu.2018.00908>
- Zhang, Q., Zhao, H., Wu, D., Cao, D., & Ma, W. (2020). A comprehensive analysis of the microbiota composition and gene expression in colorectal cancer. *BMC Microbiology*, 20(1), 308. <https://doi.org/10.1186/s12866-020-01938-w>
- Zhang, Y., Zhou, W., Yan, J., Liu, M., Zhou, Y., Shen, X., Ma, Y., Feng, X., Yang, J., & Li, G. (2018). A Review of the Extraction and Determination Methods of Thirteen Essential Vitamins to the Human Body: An Update from 2010. *Molecules : A Journal of Synthetic Chemistry and Natural Product Chemistry*, 23(6). <https://doi.org/10.3390/molecules23061484>
- Zheng, D., Liwinski, T., & Elinav, E. (2020). Interaction between microbiota and immunity in health and disease. *Cell Research*, 30(6), 492-506. <https://doi.org/10.1038/s41422-020-0332-7>

GLOSARIO Y ABREVIATURA

MetaHIT (*Metagenomics of the Human Intestinal Tract*): Metagenómica del tracto intestinal humano

HMP (*Human Microbiome Project*): Proyecto Microbiano Humano

UHGG (*Unified Human Gastrointestinal Genome*): Genoma Gastrointestinal Humano Unificado

UHGP (*Unified Human Gastrointestinal Protein*): Proteína Gastrointestinales Humanas Unificadas

IDH: Indicador de dieta saludable

HEI (*Healthy Eating Index*): Índice de Alimentación Saludable

MeDi score (*Mediterranean diet*): Puntaje de Dieta Mediterránea

PCA (*Principal component analysis*): Análisis de componentes principales

EFA (*Exploratory Factor Analysis*): Análisis factorial exploratorio

EII: Enfermedad inflamatoria intestinal

SII: Síndrome de intestino irritable

ECV: Enfermedad cardiovascular

ERC: Enfermedad renal crónica

IAMCEST: Infarto de miocardio por elevación del segmento ST

NSTEMI: Infarto de miocardio sin elevación del segmento ST

ADN: Ácido desoxirribonucleico

NH₂: Grupo amino básico

COOH: grupo de ácido carboxilo

IMC: Índice de Masa Corporal

BUN (Blood urea nitrogen): Nitrógeno ureico en sangre

PUFA (*Poly-Unsaturated Fatty Acids*): Ácidos grasos poliinsaturados

AGCC: Ácido graso de cadena corta

TMAO (*Trimethylamine oxide*): Óxido de trimetilamina

OMN: Omnívoro

VEG: Vegano

LOV: Lacto-ovo vegetariano

PRRs (*Pattern recognition receptors*): Receptores de reconocimiento de patrones

TLRs (*Toll-like receptors*): Receptores tipo Toll

NOD (*Nucleotide-binding oligomerization domain-like*): Receptores similares a dominios de oligomerización de unión a nucleótidos

MAMP (*Microbial-associated molecular patterns*): Patrones moleculares asociados a microbios

NK (*Natural Killer*): Células asesinas naturales

PAMP (*Pathogen-associated molecular patterns*): Patrones moleculares asociados a patógenos

AMP (*Antimicrobial peptides*): Péptidos antimicrobianos

NGAL (*Neutrophil gelatinase associated lipocalin*): Lipocalina asociada a la gelatinasa de neutrófilo

Treg: T reguladoras

ARNr 16S: Ácido ribonucleico ribosómico 16S

ITS (*Internal transcribed spacer*): Espaciador transcrito interno ribosómico

HIF-1 (*Hypoxia-inducible factor 1-alpha*): Factor 1-alfa inducible por hipoxia

ANEXOS

Anexo 1. Ejemplo de la matriz de la base de datos para la recolección y extracción de datos.

IDENTIFICACIÓN					CRIBADO								ELEGIBILIDAD			
Base de datos	Ecuación de búsqueda	Filtro	# Resultados	Repetidos	# Excluido	# Incluido	# artículo	Título. Enlace	Diseño de estudio	Año	Exclusión / Inclusión	Justificación	Resumen	Excluido	Incluido	Justificación
PubMed	((((gut microbiota) AND (vegetarian dietary pattern)) OR (vegetarian diet)) OR (omnivorous dietary pattern)) OR (omnivorous diet)	<i>Clinical Trial, Randomized Controlled Trial, in the last 5 years, Humans, Adult: 19+ years.</i>	61	1	56	4	1	Una dieta vegetariana es un determinante importante de la composición de la microbiota intestinal en el embarazo temprano. https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/30002323/	Ensayo controlado aleatorio	2018	Excluido	Título: relacionada con la población embarazada, lactancia y en población infantil				
SUMA													SUMA			
TOTAL IDENTIFICADO																

Recolección de datos Incluido Excluido Justificado

Base de datos	# Artículo	Idioma	Autor	Año	Título	Objetivo	Diseño del estudio	Indice Cochrane de sesgo	Variables de estudio	Población	Tipo de muestra de análisis	Tamaño de la muestra	Criterios de inclusión o exclusión	Lugar de recolección (País)	Métodos	Recolección de muestras de la microbiota	Instrumentos para la ingesta dietética	Otros instrumentos utilizados	Análisis de datos	Análisis estadístico	Características de la población de estudio	Composición de la microbiota intestinal	Microbiota intestinal y dietas OMN y	Alimentos y nutrientes	Otros resultados	Conclusiones	Excluido	Incluido	Justificación
SUMA																													

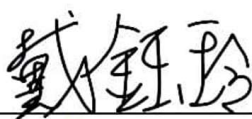
Recolección de datos Incluido Excluido Justificado

DECLARACIÓN JURADA

DECLARACIÓN JURADA

Yo, Yu-Lin Tai, mayor de edad, portadora del número de pasaporte 351303806 egresada de la carrera de Nutrición de la Universidad Hispanoamericana, hago constar por medio de éste acto y debidamente apercibido y entendido de las penas y consecuencias con las que se castiga en el Código Penal el delito de perjurio, ante quienes se constituyen en el Tribunal Examinador de mi trabajo de tesis para optar por el título de Licenciatura en Nutrición, juro solemnemente que mi trabajo de investigación titulado: "Efectos de los patrones dietéticos y nutricionales de los vegetarianos y omnívoros sobre la microbiota intestinal, mediante una revisión sistemática", es una obra original que ha respetado todo lo preceptuado por las Leyes Penales, así como la Ley de Derecho de Autor y Derecho Conexos número 6683 del 14 de octubre de 1982 y sus reformas, publicada en la Gaceta número 226 del 25 de noviembre de 1982; incluyendo el numeral 70 de dicha ley que advierte; artículo 70. Es permitido citar a un autor, transcribiendo los pasajes pertinentes siempre que éstos no sean tantos y seguidos, que puedan considerarse como una producción simulada y sustancial, que redunde en perjuicio del autor de la obra original. Asimismo, quedo advertido que la Universidad se reserva el derecho de protocolizar este documento ante Notario Público.

En fe de lo anterior, firmo en la ciudad de San José, a los seis días del mes de mayo del año dos mil veintiuno.



Firma del estudiante

Número de pasaporte: 351303806

CARTAS DE APROBACIÓN

Cartago, 6 de mayo, 2021

Departamento de registro

Carrera de Nutrición

Universidad Hispanoamericana

Estimados señores:

La estudiante Yu-Lin Tai, número de pasaporte 351303806, me ha presentado, para efectos de revisión y aprobación, el trabajo de investigación denominado **"EFECTOS DE LOS PATRONES DIETÉTICO Y NUTRICIONALES DE LOS VEGETARIANOS Y OMNÍVOROS SOBRE LA MICROBIOTA INTESTINAL, MEDIANTE UNA REVISIÓN SISTEMÁTICA**, el cual ha elaborado para optar por el grado académico de Licenciatura en Nutrición.

He verificado que se han incluido las observaciones y hecho las correcciones indicadas, durante el proceso de tutoría y he evaluado los aspectos relativos a la elaboración del problema, objetivos, justificación: antecedentes, marco teórico, marco metodológico, tabulación, análisis de datos, conclusiones y recomendaciones

Los resultados obtenidos por el postulante implican la siguiente calificación

a)	Originalidad del tema	10	10
b)	Cumplimiento de entrega de avances	20	20
c)	Coherencia entre los objetivos, los instrumentos aplicados y los resultados de la investigación	30	25
d)	Relevancia de las conclusiones y recomendaciones	20	20
e)	Calidad, detalle del marco teórico	20	20
	TOTAL		95

Por consiguiente, se avala el traslado de la tesis al proceso de lectura

Atentamente,

Patricia Salazar

Licda. Patricia Salazar Chinchilla. 1-1239-0145

CNP: 442-10.

San José, 12 de junio, 2021

Señores

Universidad Hispanoamericana

Sede Aranjuez

Estimados Señores

Como docente universitaria y en calidad de lectora de la tesis para optar por el grado académico de Licenciatura en Nutrición, titulada: **"EFECTOS DE LOS PATRONES DIETÉTICOS Y NUTRICIONALES DE LOS VEGETARIANOS Y OMNÍVOROS SOBRE LA MICROBIOTA INTESTINAL, MEDIANTE UNA REVISIÓN SISTEMÁTICA"**, a cargo de la estudiante Yu-Lin Tai; hago constar que he revisado y aprobado el documento, según los lineamientos académicos de la Universidad Hispanoamericana, para ser presentado como requisito final de graduación.

Atentamente,

Ingrid Cerna Solís

Dra. Ingrid Cerna Solís. Nutricionista

CPN-Cód: 248-10

Profesora Universidad Hispanoamericana

**UNIVERSIDAD HISPANOAMERICANA
CENTRO DE INFORMACION TECNOLOGICO (CENIT)
CARTA DE AUTORIZACIÓN DE LOS AUTORES PARA LA CONSULTA, LA
REPRODUCCION PARCIAL O TOTAL Y PUBLICACIÓN ELECTRÓNICA
DE LOS TRABAJOS FINALES DE GRADUACION**

San José, 14 de junio del 2021

Señores:
Universidad Hispanoamericana
Centro de Información Tecnológico (CENIT)

Estimados Señores:

El suscrito (a) Yu-Lin Tai con número de identificación 351303806 autor (a) del trabajo de graduación titulado "Efectos de los patrones dietéticos y nutricionales de los vegetarianos y omnívoros sobre la microbiota intestinal, mediante una revisión sistemática" presentado y aprobado en el año 2021 como requisito para optar por el título de Licenciatura en Nutrición; Si autorizo al Centro de Información Tecnológico (CENIT) para que con fines académicos, muestre a la comunidad universitaria la producción intelectual contenida en este documento.

De conformidad con lo establecido en la Ley sobre Derechos de Autor y Derechos Conexos N° 6683, Asamblea Legislativa de la República de Costa Rica.

Cordialmente,



351303806

Firma y Documento de Identidad

**ANEXO 1 (Versión en línea dentro del Repositorio)
LICENCIA Y AUTORIZACIÓN DE LOS AUTORES PARA PUBLICAR Y
PERMITIR LA CONSULTA Y USO**

Parte 1. Términos de la licencia general para publicación de obras en el repositorio institucional

Como titular del derecho de autor, confiero al Centro de Información Tecnológico (CENIT) una licencia no exclusiva, limitada y gratuita sobre la obra que se integrará en el Repositorio Institucional, que se ajusta a las siguientes características:

- a) Estará vigente a partir de la fecha de inclusión en el repositorio, el autor podrá dar por terminada la licencia solicitándolo a la Universidad por escrito.
- b) Autoriza al Centro de Información Tecnológico (CENIT) a publicar la obra en digital, los usuarios puedan consultar el contenido de su Trabajo Final de Graduación en la página Web de la Biblioteca Digital de la Universidad Hispanoamericana
- c) Los autores aceptan que la autorización se hace a título gratuito, por lo tanto, renuncian a recibir beneficio alguno por la publicación, distribución, comunicación pública y cualquier otro uso que se haga en los términos de la presente licencia y de la licencia de uso con que se publica.
- d) Los autores manifiestan que se trata de una obra original sobre la que tienen los derechos que autorizan y que son ellos quienes asumen total responsabilidad por el contenido de su obra ante el Centro de Información Tecnológico (CENIT) y ante terceros. En todo caso el Centro de Información Tecnológico (CENIT) se compromete a indicar siempre la autoría incluyendo el nombre del autor y la fecha de publicación.
- e) Autorizo al Centro de Información Tecnológica (CENIT) para incluir la obra en los índices y buscadores que estimen necesarios para promover su difusión.
- f) Acepto que el Centro de Información Tecnológico (CENIT) pueda convertir el documento a cualquier medio o formato para propósitos de preservación digital.
- g) Autorizo que la obra sea puesta a disposición de la comunidad universitaria en los términos autorizados en los literales anteriores bajo los límites definidos por la universidad en las "Condiciones de uso de estricto cumplimiento" de los recursos publicados en Repositorio Institucional.

SI EL DOCUMENTO SE BASA EN UN TRABAJO QUE HA SIDO PATROCINADO O APOYADO POR UNA AGENCIA O UNA ORGANIZACIÓN, CON EXCEPCIÓN DEL CENTRO DE INFORMACIÓN TECNOLÓGICO (CENIT), EL AUTOR GARANTIZA QUE SE HA CUMPLIDO CON LOS DERECHOS Y OBLIGACIONES REQUERIDOS POR EL RESPECTIVO CONTRATO O ACUERDO.