

## Artículo de revisión

# La microbiota intestinal en la salud y en la enfermedad

Saturnino Fernández\*

*Servicio de Gastroenterología, Hospital Universitario de Caracas. Escuela de Medicina Luis Razetti, Facultad de Medicina, Universidad Central de Venezuela. Caracas, Venezuela*

Recibido 29 de septiembre de 2023; aceptado 30 de noviembre de 2023

**Resumen:** El conjunto de microorganismos que reside en el tracto digestivo recibe el nombre de microbiota intestinal. A nivel mundial, grupos de investigadores trabajan analizando y comprendiendo el genoma de la microbiota, en su forma eubiótica y disbiótica. Cada individuo ostenta una comunidad microbiana característica, que va a depender de su genotipo y de la exposición anticipada a los microorganismos de su entorno, así como también de la dieta, el estilo de vida y la terapia contra enfermedades infecciosas. Una microbiota adecuada y estable será propicia para el correcto desarrollo de los microorganismos intestinales que interactuarán directamente con su hospedador para controlar su metabolismo, junto con el mantenimiento de la integridad estructural de la barrera mucosa intestinal, la modulación de la inmunidad y la nutrición. Diversas alteraciones en la microbiota podrían explicar una gran cantidad de enfermedades, como las inflamatorias del intestino, el síndrome del intestino irritable, enfermedades alérgicas, enfermedades del neurodesarrollo, obesidad y diabetes, entre otras. La modulación de la microbiota intestinal, a través de la mediación alimentaria, se presenta como una alternativa terapéutica y preventiva emergente para muchas enfermedades.

**Palabras clave:** salud, enfermedad, microbiota intestinal, eubiosis, disbiosis, alimentación

## Gut microbiota in health and disease.

**Abstract:** The set of microorganisms that reside in the digestive tract is called gut microbiota. Worldwide, groups of researchers are working to analyze and understand the genome of the microbiota, in its eubiotic and dysbiotic form. Each individual has a characteristic microbial community, which will depend on their genotype and anticipated exposure to microorganisms in their environment, as well as diet, lifestyle, and infectious disease therapy. An adequate and stable microbiota will be conducive to the correct development of intestinal microorganisms that will interact directly with their host to control their metabolism, along with the maintenance of the structural integrity of the intestinal mucosal barrier, the modulation of immunity and nutrition. Several alterations in the microbiota could explain a large number of diseases, such as inflammatory bowel diseases, irritable bowel syndrome, allergic diseases, neurodevelopmental diseases, obesity and diabetes, among others. The modulation of the gut microbiota, through dietary mediation, is presented as an emerging therapeutic and preventive alternative for many diseases.

**Keywords:** health, disease, gut microbiota, eubiosis, dysbiosis, nutrition

\* Correspondencia:

E-mail: [saturninofernandezb@gmail.com](mailto:saturninofernandezb@gmail.com)

## Introducción

Desde hace más de cien años se conoce que el ser humano es portador de una gran cantidad de microorganismos, condición que fue tratada con indiferencia y desinterés durante mucho tiempo. Sin embargo, los grandes avances de las técnicas de secuenciación a gran escala o masivas, han permitido

estudiar a estos microorganismos, ya sean cultivables o no, permitiendo conocer el papel crucial que desempeñan en la salud y en el desarrollo normal del individuo. La microbiota se define como el conjunto de microorganismos (bacterias, arqueas, hongos, virus y protistas) que viven en el cuerpo humano. Con frecuencia este término se confunde con el de microbioma, que incluye los genes, metabolitos y condiciones ambientales que circundan a

estos conjuntos de microorganismos o comunidades microbianas. Estos ecosistemas microbianos se localizan en los tractos gastrointestinal, genitourinario y respiratorio, así como también en la piel y las cavidades nasofaríngea y oral [1].

Actualmente, es un hecho bien establecido que la composición de la microbiota intestinal (MI) es responsable de la salud y el bienestar general de un individuo en particular. La MI interactúa directamente con su hospedador para controlar su metabolismo, junto con el mantenimiento de la integridad estructural de la barrera mucosa intestinal y la inmunomodulación. Varios factores como la dieta, los antibióticos, la edad, el metabolismo de los fármacos y las enfermedades, influyen en la determinación de la composición de la MI normal [2].

Parte de la dificultad para comprender cómo las comunidades microbianas afectan la salud humana proviene del hecho de que la historia en este campo es diferente a la del estándar de la microbiología y las enfermedades infecciosas que se imparte durante la formación médica. Nuestra comprensión inicial del papel de los microbios en la salud humana se basó en la teoría de los gérmenes y la enfermedad, propuesta por Louis Pasteur y perfeccionada por Robert Koch y otros [3,4]. Estos primeros trabajos se centraron en los microbios como agentes productores de enfermedades (patógenos): los postulados de Koch buscaban microbios individuales como agentes causantes de enfermedades. Esto llevó a un enfoque en donde los atributos de un microorganismo permitían alterar la homeostasis del huésped. Este enfoque en un solo organismo (inicialmente bacterias, pero que continuó después con hongos, virus y priones) y la patógenesis ha dado lugar a enormes avances en la medicina [4,5].

El desarrollo de métodos de control de enfermedades infecciosas, secundario a esta comprensión de la microbiología, dio como resultado a la salud pública y las prácticas de saneamiento, así como al desarrollo de antibióticos. Paralelo al desarrollo de la microbiología médica y las enfermedades infecciosas, otros científicos comenzaron a estudiar el papel de los microbios en el entorno natural, como los que se encuentran en el suelo y el agua de mar [4,6]. Los investigadores observaron que los microbios en estos ambientes rara vez se encontraban aislados, sino formando más comúnmente sociedades complejas. Estos microbiólogos desarrollaron vínculos más estrechos con investigadores en las áreas de ecología y biología evolutiva que con investigadores del área de la medicina clínica [4].

El cuerpo humano está poblado por multitudes de microorganismos en toda su superficie y en las cavidades conectadas con el exterior. Los colonizadores microbianos del intestino (microbiota) son parte funcional y no prescindible del organismo humano: aportan genes

(microbioma) y funciones adicionales a los recursos de nuestra especie, además de participar en múltiples procesos fisiológicos (desarrollo somático, nutrición, inmunidad, entre otros) [7].

La composición de la microbiota se modifica según el órgano donde se encuentra. En el tracto gastrointestinal los microorganismos más predominantes son las bacterias, seguidas por las arqueas y los eucariotas. En el intestino humano sano, hasta el 90% de la carga bacteriana luminal está constituida por el filo Bacteroidetes (*Bacteroidales*, *Bacteroides* spp., y *Porphyromonadaceae*) y el filo Firmicutes (*Lactococcus* spp., *Pediococcus* spp., *Lactobacillus* spp., y *Leuconostoc* spp.), que se asocian generalmente con estados saludables; por otra parte, el aumento del filo Proteobacterias (*Salmonella* spp., *Helicobacter* spp., *Vibrio* spp. y *Escherichia* spp.), que por lo general son menos frecuentes en el intestino humano, se asocian con inflamación y enfermedad [8,9].

Múltiples estudios han demostrado que una flora intestinal equilibrada es esencial para la salud, lo que depende en gran parte de la composición y función de la MI [10,11]. La interrupción de la simbiosis que existe entre el cuerpo humano y su microbioma puede tener efectos perjudiciales, resultando en una disbiosis, un desequilibrio en la interacción hospedador-microbiota [11,12].

### La microbiota intestinal

Uno de los hábitats con mayor diversidad de microorganismos es el tracto gastrointestinal, por características tales como las condiciones estables de temperatura, osmolaridad y suministro de alimentos. Otras características a lo largo del tracto, como la cantidad de oxígeno en el interior del tubo digestivo, promueven la creación de nichos específicos: esto es, sitios con cualidades que sólo algunas especies microbianas pueden soportar [13].

La microbiota influye en los procesos de salud-enfermedad y otros procesos fundamentales, como el desarrollo y crecimiento. Inclusive, se ha propuesto que la MI sea considerada un órgano más del cuerpo humano, puesto que, como los otros órganos, está formada por una gran cantidad de células (microorganismos), puede comunicarse con el resto del cuerpo y, a su vez, recibir información de los otros órganos para ofrecer una respuesta a diferentes estímulos. Un ejemplo de esto es el desarrollo del sistema inmune: casi el 70% de las células que forman el sistema inmune se encuentra en el intestino, y ahora se sabe (por medio del uso de animales experimentales que carecen de microbiota) que, el correcto funcionamiento de la respuesta inmunitaria está influenciado por los microorganismos de la MI. Existen todavía muchas interrogantes sobre el modo exacto en el que las modificaciones de la MI afectan la salud humana.

Asimismo, continúa el debate acerca de si estos cambios son causa o efecto de ciertas condiciones en el organismo [14].

El intestino representa el más grande reservorio de microorganismos del cuerpo, los que a su vez componen la microbiota. Cumple funciones importantes sobre el metabolismo, la inmunidad, el sistema cardiovascular y desarrollo neuronal, por lo tanto, entender su funcionamiento es primordial. La microbiota forma una red compleja junto con el sistema nervioso central (SNC), el nervioso autónomo y el entérico (con sus mecanismos neuroendocrino y neuroinmune), llamado el eje microbiota-intestino-cerebro [15,16]. Entre sus funciones, puede producir péptidos bioactivos como son los neurotransmisores (ácido gamma aminobutírico, dopamina, noradrenalina, acetilcolina), ácidos grasos de cadena corta (AGCC), principalmente el ácido acético, propiónico y butírico, aminoácidos de cadena ramificada y hormonas intestinales [15,17]. Los AGCC actúan como señalizadores que ingresan al sistema circulatorio, llegando a estimular el eje hipotálamo-pituitario-suprarrenal (HPA); asimismo, pueden afectar directamente el sistema inmunológico de la mucosa, lo cual, a su vez, puede afectar indirectamente la transmisión al SNC [15,17,18].

La microbiota residente en el intestino humano es una de las comunidades más densamente pobladas [19], incluso más que el suelo, el subsuelo y los océanos. En el intestino grueso de los mamíferos la cifra de microorganismos se encuentra entre 10<sup>12</sup>-10<sup>14</sup> células/g. Este número es mayor, incluso, que el de células humanas [20]. El ecosistema microbiano del intestino, la MI, incluye muchas especies nativas que colonizan permanentemente el tracto gastrointestinal, y una serie variable de microorganismos que solo lo hacen de manera transitoria. El microbioma humano se refiere a la población total de microorganismos con sus genes y metabolitos que colonizan el cuerpo humano, incluyendo el tracto gastrointestinal, el genitourinario, la cavidad oral, la nasofaringe, el tracto respiratorio y la piel [21,22].

### Relación con las enfermedades

El desequilibrio entre las distintas especies de la microbiota o en su relación con el hospedero se conoce como disbiosis. Ésta puede ser resultado de la enfermedad o contribuir a su establecimiento, a partir de tres formas principales:

*Ganancia de función:* la adquisición de patógenos y sus funciones da como resultado un crecimiento desbordado que puede derivar en una inflamación crónica. Este tipo de disbiosis es característica de enfermedades infecciosas como cólera o neumonía por estreptococo [23].

*Pérdida de función:* las bacterias protectoras o sus funciones son suprimidas o eliminadas, lo que resulta en el establecimiento de la enfermedad. Esta disbiosis se asocia con padecimientos crónicos, como enfermedad intestinal inflamatoria, obesidad y asma [23].

*Combinación de ambas:* es la eliminación de microorganismos “protectores” y el crecimiento excesivo de patógenos. Este tipo de disbiosis es común en la infección por *Clostridioides difficile* recurrente, en exacerbaciones de fibrosis quística y en infecciones secundarias después de infecciones virales [24].

La colonización por la microbiota varía según la vía del parto (vaginal o cesárea) y de la lactancia (artificial o materna), predominando en esta etapa las bifidobacterias. Con respecto a la diversidad taxonómica, es relativamente baja al nacer, pero aumenta con el tiempo, siendo el primer año el periodo más importante, seguido de los 2 años subsiguientes para el establecimiento y desarrollo de la MI. Esta varía a lo largo de la vida de un individuo a otro, de acuerdo con los estilos de vida, hábitos dietéticos, entre otros, lo cual puede contribuir al aumento de los filos Bacteroidetes y Firmicutes [11].

La microbiota experimenta cambios relacionados con la edad. Su composición en cada individuo depende de varios factores, como la forma del nacimiento (natural o por cesárea), la dieta suministrada en la infancia, el uso de antibióticos durante la juventud, el entorno que rodeó el crecimiento, e incluso la convivencia con personas y mascotas. La acumulación de microorganismos inicia en el momento del nacimiento y el primer contacto con los mismos se hereda de la madre. Durante más de cien años se ha aceptado la teoría de que los bebés adquieren los microorganismos directamente de la madre al pasar por el canal del parto (vía vertical) y de otros seres humanos y del medio ambiente después del nacimiento (vía horizontal). Sin embargo, el uso de técnicas de biología molecular en estudios recientes de embarazos sanos sin signos de infección o inflamación sugiere que existen comunidades microbianas en la placenta, el líquido amniótico, el cordón umbilical y el meconio. Estos hallazgos, aunque controversiales, cambian absolutamente la visión y el conocimiento sobre la adquisición de los primeros microorganismos: es probable que los bebés al nacer no sean estériles, sino que heredan los microbios directamente en el útero materno [1].

Podría parecer que la distinción entre microbiota y microbioma es simplemente un ejercicio de semántica. Sin embargo, es importante entender si estamos hablando sólo de los microbios en un sitio determinado, o de la suma total de los organismos y su entorno, al considerar las múltiples funciones que una determinada comunidad microbiana puede llevar a cabo. La microbiota nativa puede realizar funciones relacionadas con los efectos de su metabolismo

sobre los elementos abióticos del microbioma, o mediante interacciones con sus hospedadores [25]. Aunque los genomas microbianos son mucho más pequeños que los del hospedador, la microbiota tiene una capacidad metabólica potencial mayor [26]. Además, algunas actividades metabólicas se llevan a cabo de forma conjunta, con contribuciones tanto de los microbios como del hospedador [27]. De manera similar, la señalización entre el hospedador y la microbiota autóctona puede alterar la estructura y función de ambos socios en esta simbiosis [28].

La microbiota puede realizar múltiples actividades metabólicas que van desde el catabolismo y la bioconversión de moléculas complejas hasta la síntesis de una amplia gama de compuestos, que pueden tener efectos tanto en la misma microbiota como en el hospedador. En algunos casos, la microbiota puede aumentar las vías que están presentes en el hospedador, pero en otros casos codifica vías que son exclusivas del sistema microbiano componente del microbioma. Un aspecto importante es la capacidad de la MI para fermentar almidones resistentes (polisacáridos que no pueden ser digeridos) y producir una variedad de compuestos, la mayoría AGCC, que pueden tener múltiples efectos sobre el hospedador; por ejemplo el butirato, un ácido graso de cadena corta, es la fuente de energía preferida para el enterocito colónico y tiene una variedad de efectos sobre la fisiología del hospedador, que van desde los antiinflamatorios hasta actividades antitumorales [29,30].

El metabolismo microbiano puede afectar la biodisponibilidad de ciertos fármacos orales, mecanismo que se ha demostrado en los glucósidos cardíacos como la digoxina. Debido al estrecho rango terapéutico de este fármaco, la alteración de su biodisponibilidad puede influir en gran medida en el desarrollo de toxicidad. Recientemente se demostró que ciertas cepas de la bacteria *Eggerthella lenta* pueden reducir la digoxina, debido a la presencia del operón glucósido reductasa cardíaco [31].

### Factores que influyen sobre la microbiota

Evolutivamente, los microorganismos que componen la microbiota en los mamíferos son determinados por los tipos de fuentes nutricionales, siendo diferentes los perfiles de los omnívoros, carnívoros y herbívoros. Las características de la dieta, junto con los factores genéticos, influyen en el predominio de unos microorganismos sobre otros [32,33]. Un estudio utilizando un modelo murino, después de tan solo un día de dieta tipo occidental (alta en grasa y azúcar, y baja en polisacáridos resistentes), los ratones mostraron cambios en su composición microbiana y en sus vías metabólicas, desarrollando en 2 semanas más adiposidad [34]. La abundancia o escasez de alimento determinará la presencia o no de especies bacterianas que

se reproducen bien cuando hay disponibilidad ilimitada de alimentos, o de especies más eficientes cuando los nutrientes son escasos [35]. Estudios en ratones sometidos a dietas de tipo occidental han mostrado un incremento del filo Firmicutes y una disminución del filo Bacteroidetes [22,34].

El microbioma presente en el intestino se ha asociado con una gran cantidad de enfermedades, como las inflamatorias del intestino, el síndrome del intestino irritable, enfermedades alérgicas, enfermedades del neurodesarrollo, obesidad y diabetes, lo que ha intrigado a los científicos durante décadas y sigue siendo un campo de investigación muy activo. La mayoría de las bacterias intestinales no son patógenas y han establecido una relación simbiótica con los enterocitos. Esto sólo es posible porque los microorganismos y el sistema inmunológico han coevolucionado para establecer una relación simbiótica. Además de ayudar en diversas actividades metabólicas, estos microorganismos saludables ayudan a mantener la función de la barrera intestinal y a prevenir la colonización por microorganismos patógenos [2].

Todos los microorganismos de la microbiota forman parte de la fisiología y cumplen funciones específicas, por lo tanto, una microbiota en armonía permite mejorar las condiciones de salud del paciente mejorando la calidad de vida de este. Cualquier alteración de la microbiota tiene la capacidad de producir transformaciones. Además, el uso de probióticos y prebióticos juega un papel importante en las enfermedades inflamatorias [36].

### Conclusiones

El tracto intestinal es el órgano linfoide humano más largo, y hospeda una comunidad de microorganismos comensales (microbiota) que actúan de manera simbiótica con el hospedador, de tal manera que influyen constantemente en su fisiología. Existen evidencias contundentes que demuestran que la microbiota, como huésped comensal o transitorio en la mucosa del intestino, desempeña un rol importante en el desarrollo y regulación del sistema inmunitario, así como en la ejecución de múltiples actividades metabólicas complejas y la síntesis de una amplia gama de elementos orgánicos. Un desequilibrio, o ruptura de la eubiosis intestinal, puede repercutir en el desarrollo de un sinnúmero de patologías. Estudios sugieren que una intervención alimentaria favorece la estabilidad microbiana. Sin embargo, se continúan las investigaciones sobre todos los aspectos descritos en este artículo.

### Conflicto de intereses

El autor declara no tener conflicto de interés.

## Financiamiento

El autor declara no haber recibido financiamiento para realizar esta revisión.

## Referencias

- López-Goñi I. Microbioma humano: un universo en nuestro interior. SEBBM. 2018; 197:8-14. <https://revista.sebbm.es/articulo.php?id=500&url=mi-crobioma-humano-un-universo-en-nuestro-interior>
- Robles V. Microbiota intestinal y colitis ulcerosa, abordaje metagenómico. Tesis doctoral. Barcelona, España: Universidad Autónoma de Barcelona, 2017. <http://hdl.handle.net/10803/458621>
- Koch R. An Address on Bacteriological Research. Br Med J. 1890 Aug 16;2(1546):380-3. DOI:10.1136/bmj.2.1546.380
- Young VB. The role of the microbiome in human health and disease: an introduction for clinicians. BMJ. 2017; 356:j831. DOI:10.1136/bmj.j831
- Gradmann C. A spirit of scientific rigour: Koch's postulates in twentieth century medicine. Microbes Infect. 2014; 16:885-92. DOI:10.1016/j.micinf.2014.08.012
- Gibbons SM, Gilbert JA. Microbial diversity - exploration of natural ecosystems and microbiomes. Curr Opin Genet Dev. 2015; 35:66-72. DOI:10.1016/j.gde.2015.10.003
- Álvarez J, Fernández J, Guarner F, Gueimonde M, Rodríguez J, Saenz de Pipaón, *et al.* Microbiota intestinal y salud. Gastroenterol Hepatol. 2021; 44:519-35. DOI:10.1016/j.gastro.2021.01.009
- Chopyk DM, Grakoui A. Contribution of the intestinal microbiome and gut barrier to hepatic disorders. Gastroenterology. 2020; 159:849-63. DOI:10.1053/j.gastro.2020.04.077
- Fukui H. Role of gut dysbiosis in liver diseases: What have we learned so far? Diseases. 2019; 7:58. DOI:10.3390/diseases7040058
- Konturek PC, Harsch IA, Konturek K, Schink M, Konturek T, Neurath MF, *et al.* Gut-liver axis: How do gut bacteria influence the liver? Med Sci. 2018; 6:79. DOI:10.3390/medsci6030079
- Villalobos-Orozco MW. Alteración de la microbiota intestinal y su relación con enfermedades gastrointestinales y hepatobiliares. Hepatología. 2023; 4:75-89. DOI:10.52784/27112330.168
- Andreola F, Moliterni C, Quagliariello A, Scaldaferrri F, Fidaleo M. Editorial: The role of microbiota in the onset and development of intestine and liver diseases and cancer: Molecular and cell mechanisms. Front Cell Dev Biol. 2022; 10:852188. DOI:10.3389/fcell.2022.852188
- Montiel-Castro AJ, González-Cervantes RM, Bravo-Ruiseco G, Pacheco-López G. The microbiota-gut-brain axis: neurobehavioral correlates, health and sociality. Front Integr Neurosci. 2013; 7:70. DOI:10.3389/fnint.2013.00070
- González RM, Ruiseco G. La microbiota del humano. Ciencia. 2017; 68:60-6. <https://biblat.unam.mx/es/revista/ciencia-academia-mexicana-de-ciencias/articulo/la-microbiota-del-humano>
- Ding JH, Jin Z, Yang XX, Lou J, Shan WX, Hu YX, *et al.* Role of gut microbiota via the gut-liver brain axis in digestive diseases. World J Gastroenterol. 2020; 26:6141-62. DOI:10.3748/wjg.v26.i40.6141
- Gómez-Eguílaz M, Ramón-Trapero JL, Pérez-Martínez L, Blanco JR. El eje microbiota-intestino-cerebro y sus grandes proyecciones. Rev Neurol. 2019; 68:111-7. DOI:10.33588/rn.6803.2018223
- Agudelo-Ochoa GM, Giraldo-Giraldo NA, Barrera-Causil CJ, Valdés-Duque BE. Microbiota intestinal y ácidos grasos de cadena corta en pacientes críticos. Perspect Nut Hum. 2016; 18:205-22. DOI:10.17533/udea.penh.v18n2a06
- Mansuy-Aubert V, Ravussin Y. Short chain fatty acids: the messengers from down below. Front. Neurosci. 2023; 17:1197759. DOI:10.3389/fnins.2023.1197759
- Ruiz Álvarez V, Puig Peña Y, Rodríguez Acosta M. Microbiota intestinal, sistema inmune y obesidad. Rev Cubana Invest Biomed. 2010; 29:364-97. [http://scielo.sld.cu/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S0864-03002010000300007&lng=es](http://scielo.sld.cu/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0864-03002010000300007&lng=es)
- Whitman WB, Coleman DC, Wiebe WJ. Prokaryotes: The unseen majority. Proc Natl Acad Sci USA. 1998; 95:6578-83. DOI:10.1073/pnas.95.12.6578
- Petrosino JF, Highlander S, Luna RA, Gibbs RA, Versalovic J. Metagenomic pyrosequencing and microbial identification. Clin Chem. 2009; 55:856-66. DOI:10.1373/clinchem.2008.107565
- Icaza-Chávez ME. Microbiota intestinal en la salud y la enfermedad. Rev Gastroenterol Mex. 2013; 78:240-8. DOI:10.1016/j.rgmex.2013.04.004
- Wilkins LJ, Monga M, Miller AW. Defining Dysbiosis for a cluster of chronic diseases. Sci Rep. 2019; 9:12918. DOI:10.1038/s41598-019-49452-y
- Rodríguez I, Hernández D, Silva-Herzog E. El microbioma humano en la coyuntura entre la salud y la enfermedad. Ciencia. 2023; 74:62-9. <https://www.revistaciencia.amc.edu.mx/index.php/ediciones-antiores/edicion-actual/352-novedades-cientificas/1037-el-microbioma-humano-en-la-coyuntura-entre-la-salud-y-la-enfermedad>

25. Tremaroli V, Bäckhed F. Functional interactions between the gut microbiota and host metabolism. *Nature*. 2012; 489:242-9. DOI:10.1038/nature11552
26. Manor O, Levy R, Borenstein E. Mapping the inner workings of the microbiome: genomic- and metagenomic-based study of metabolism and metabolic interactions in the human microbiome. *Cell Metab*. 2014; 20:742-52. DOI:10.1016/j.cmet.2014.07.021
27. Duffy LC, Raiten DJ, Hubbard VS, Starke-Reed P. Progress and challenges in developing metabolic footprints from diet in human gut microbial cometabolism. *J Nutr*. 2015; 145:1123S-30S. DOI:10.3945/jn.114.194936
28. Hooper LV, Xu J, Falk PG, Midtvedt T, Gordon Y. A molecular sensor that allows a gut commensal to control its nutrient foundation in a competitive ecosystem. *Proc Natl Acad Sci USA*. 1999; 96:9833-8. DOI:10.1073/pnas.96.17.9833
29. Cockburn DW, Koropatkin NM. Polysaccharide degradation by the intestinal microbiota and its influence on human health and disease. *J Mol Biol*. 2016; 428:3230-52. DOI:10.1016/j.jmb.2016.06.021
30. Wong JM, de Souza R, Kendall CW, Emam A, Jenkins DJ. Colonic health: fermentation and short chain fatty acids. *J Clin Gastroenterol*. 2006; 40:235-43. DOI:10.1097/00004836-200603000-00015
31. Haiser HJ, Gootenberg DB, Chatman K, Sirasani G, Balskus EP, Turnbaugh PJ. Predicting and manipulating cardiac drug inactivation by the human gut bacterium *eggerthella lenta*. *Science*. 2013; 341:295-8. DOI:10.1126/science.1235872
32. Ley RE, Hamady M, Lozupone C, Turnbaugh PJ, Ramey RR, Bircher JS, *et al*. Evolution of mammals and their gut microbes. *Science*. 2008; 320:1647-51. DOI:10.1126/science.1155725
33. Duncan SH, Lobley GE, Holtrop G, Ince J, Johnstone AM, Louis P, *et al*. Human colonic microbiota associated with diet, obesity and weight loss. *Int J Obes*. 2008; 32:1720-4. DOI:10.1038/ijo.2008.155
34. Turnbaugh PJ, Ridaura VK, Faith JJ, Rey FE, Knight R, Gordon JI. The effect of diet on the human gut microbiome: a metagenomic analysis in humanized gnotobiotic mice. *Sci Transl Med*. 2009; 1:6ra14. DOI:10.1126/scitranslmed.3000322
35. Mai V. Dietary modification of the intestinal microbiota. *Nutr Rev*. 2004; 62:235-42. DOI:10.1301/nr2004.jun235-242
36. Falcon AR, Soriano SA, Espinoza CR. Relación del microbiota intestinal en patologías cutáneas. *Revista Vive*. 6:36-44. DOI:10.33996/revistavive.v6i16.204