Ciencia Latina Revista Científica Multidisciplinar, Ciudad de México, México.
ISSN 2707-2207 / ISSN 2707-2215 (en línea), septiembre-octubre 2026,
Volumen 10, Número 5.

https://doi.org/10.37811/cl_rcm.v10i5

RELACIÓN ENTRE LA MICROBIOTA INTESTINAL MATERNA DURANTE LA GESTACIÓN Y SU INFLUENCIA EN EL RESULTADO PERINATAL

RELATIONSHIP OF MATERNAL GUT MICROBIOTA DURING PREGNANCY WITH PERINATAL OUTCOMES

Karen Valeria Benítez Soto
Universidad Técnica de Machala, Ecuador

Andrea Daniela Gaibor Cevallos
Universidad Técnica de Machala, Ecuador

Charles Johnson Sanabria Vera
Universidad Técnica de Machala, Ecuador

DOI: https://doi.org/10.37811/cl_rcm.v10i5.26517

Relación entre la Microbiota Intestinal Materna Durante la Gestación y su Influencia en el Resultado Perinatal

Karen Valeria Benítez Soto[1]
kbenitez1@utmachala.edu.ec
https://orcid.org/0009-0007-2729-7544
Universidad Técnica de Machala
Machala, Ecuador

Andrea Daniela Gaibor Cevallos
agaibor1@utmachala.edu.ec
https://orcid.org/0009-0003-8700-3350
Universidad Técnica de Machala
Machala, Ecuador

Charles Johnson Sanabria Vera
csanabria@utmachala.edu.ec
https://orcid.org/0000-0002-0831-0105
Universidad Técnica de Machala
Machala, Ecuador

RESUMEN

El objetivo fue analizar la relación entre la microbiota intestinal materna durante la gestación y los resultados perinatales. Se realizó una revisión bibliográfica cualitativa, interpretativo-descriptiva, documental y no experimental. Se consultaron PubMed, Scopus, Web of Science, SciELO y Cochrane Library, y se aplicaron criterios de selección para publicaciones en español e inglés, principalmente de 2021 a 2026. Se sintetizaron estudios sobre cambios en la microbiota materna, factores asociados y desenlaces perinatales. Entre los hallazgos descritos, dos cohortes que reunieron 5.313 gestantes identificaron once géneros y una especie relacionados con parto pretérmino; otro estudio transversal de 102 gestantes informó que un modelo multivariable explicó el 22,9 % de la variación del peso neonatal ajustado por edad gestacional. También se describieron diferencias de microbiota neonatal según factores perinatales y mecanismos metabólicos e inmunológicos propuestos. La heterogeneidad de diseños y poblaciones impide inferir causalidad o combinar los efectos. La evidencia sugiere asociaciones que requieren estudios comparables y protocolos de búsqueda reproducibles.

***Palabras clave*:** microbiota intestinal, embarazo, parto pretérmino, resultados perinatales, disbiosis

[1] Autor principal
Correspondencia: kbenitez1@utmachala.edu.ec

Relationship of Maternal Gut Microbiota During Pregnancy with Perinatal Outcomes

ABSTRACT

This study aimed to analyze the relationship between maternal gut microbiota during pregnancy and perinatal outcomes. We conducted a qualitative, interpretive-descriptive, documentary, nonexperimental literature review. We searched PubMed, Scopus, Web of Science, SciELO, and the Cochrane Library and applied selection criteria to publications in Spanish and English, mainly from 2021 to 2026. We synthesized studies on maternal microbiota changes, associated factors, and perinatal outcomes. Among the findings, two cohorts involving 5,313 pregnant women identified eleven genera and one species associated with preterm birth; another cross-sectional study of 102 pregnant women reported that a multivariable model explained 22.9% of the variation in gestational-age-adjusted neonatal weight. Differences in neonatal microbiota according to perinatal factors and proposed metabolic and immunological mechanisms were also described. Heterogeneous designs and populations prevent causal inference or pooled effect estimates. The evidence suggests associations that require comparable studies and reproducible search protocols.

Keywords: gut microbiota, pregnancy, preterm birth, perinatal outcomes, dysbiosis

Artículo recibido 20 agosto 2026
Aceptado para publicación: 20 setiembre 2026

INTRODUCCIÓN

La microbiota se caracteriza por ser un conjunto de microorganismos conformado por virus, bacterias, hongos, parásitos, arqueas y protozoos que en forma de comunidad habitan de manera organizada en un nicho ecológico en específico. En el caso del ser humano, estos colectivos microbiológicos residen en varios órganos y sistemas del cuerpo ya sea en el tracto gastrointestinal, genitourinario, respiratorio o en la piel estableciendo relaciones simbióticas o mutualistas con el huésped, que ayudan a cumplir y mantener funciones fisiológicas, metabólicas, nutricionales e incluso inmunológicas, esenciales para la salud de la persona.

La microbiota es considerada como un órgano funcional que aunque imperceptible para la vista del ser humano, representa un papel crucial en el equilibrio del organismo y en la regulación de diversos procesos fisiológicos, desde la digestión hasta el sistema inmunológico, que va evolucionando ya que cada individuo posee una microbiota propia, influenciada por factores como: genética, modo de vida, régimen alimentario, entorno que influye en la variedad y concentración de los mismos, además de crear una población microbiana con interacciones específicas. La salud y bienestar del huésped depende de la homeostasis de la diversidad de microorganismos.

Las bacterias que conforman la microbiota se clasifican según filo, clases, órdenes, familias, géneros y especies. En el intestino, los filos bacterianos, Firmicutes y Bacteroidetes, representan alrededor del 90% de la microbiota intestinal, y su proporción se considera un indicador de la diversidad bacteriana y la salud. Existen otros filos en menor cantidad como Actinobacterias, Proteobacterias, y Verrucomicrobia (Lu et al., 2024).

Los Firmicutes, actualmente conocidos como Bacillota incluyen géneros beneficiosos y otros posibles patógenos si se llegan a alterar. Muchas de estas especies producen un ácido graso antiinflamatorio conocido como butirato, el cual ayuda en mantener la integridad inmunológica y del revestimiento intestinal (Lu et al., 2024).

El orden Bacteroidota se encarga principalmente de digerir polisacáridos complejos como la fibra para producir acetato, que impulsa la energía y síntesis de grasas, y propionato, el cual participa en la regulación del apetito (Fasano et al., 2024).

El grupo de Actinobacteria suele ser poco abundante pero cumple funciones de suma importancia ya que las bacterias transforman la fibra en acetato y lactato como fuente de energía, además beneficia a la salud de la mucosa del intestino y cumple un rol base en la evolución intestinal infantil. Pueden existir niveles por debajo de los normales, ya sea por uso de antibióticos, por procesos inflamatorios.

Las Proteobacteria también conocidas como pseudomonadotas contienen géneros oportunistas y patógenos. Aquí se encuentran bacterias como la Escherichia, Klebsiella, Salmonella, Enterobacter, entre otras, las cuales proliferan con el oxígeno o en medios inflamados (Tian et al., 2024).

Los seres humanos están colonizados por una microbiota intestinal, definida como un complejo y dinámico conjunto de microorganismos, incluyendo bacterias, levaduras y virus, que habitan permanentemente en el tracto gastrointestinal en el que se establece una relación simbiótica con el huésped contribuyendo con su metabolismo y fisiología (Husso et al., 2023; Márquez Ibarra et al., 2025).

Desde el punto de vista taxonómico, una comunidad de microbiota saludable se determina por una composición de microbiota central dominada por los filos Firmicutes y Bacteroidetes, seguidos en menor proporción por Actinobacteria, Proteobacteria y Verucomicrobia. Su composición es dinámica y puede variar a lo largo de la vida en función de diversos factores, como la edad, la dieta, el tipo de parto, la lactancia materna, el uso de antibióticos, el estilo de vida y las condiciones ambientales (Márquez Ibarra et al., 2025; Esteven, 2020).

En Ecuador, la evidencia científica sobre la flora intestinal materna y su impacto en los resultados perinatales es aún muy poca. A pesar de la importancia del tema, no se dispone de suficientes estudios que analicen esta relación en la población local, lo que impide comprender cómo factores específicos del contexto ecuatoriano, como la diversidad alimentaria, las condiciones ambientales y las características del sistema de salud, podrían influir en la microbiota entérica materna y en la salud del recién nacido. Esta falta de información limita la generación de estrategias de prevención y manejo basadas en evidencia (Sokou et al., 2024).

Su influencia va más allá del bienestar de la madre, ya que participa activamente en la programación biológica del feto, condicionando aspectos relacionados con el crecimiento, la maduración de órganos y la susceptibilidad a enfermedades futuras.

Este hallazgo ha transformado la comprensión tradicional del embarazo, situando a la microbiota como un posible factor clave en la aparición de diversos desenlaces perinatales (Lu et al., 2024; Zhang et al., 2025).

A pesar del creciente interés científico, persisten importantes interrogantes acerca de los mecanismos mediante los cuales las alteraciones de la comunidad microbiana intestinal durante de la gestación pueden repercutir sobre resultados como el parto pretérmino, el bajo peso al nacer o las alteraciones inmunológicas neonatales. La identificación de esta relación adquiere especial relevancia debido a que muchos de los factores que modifican la microbiota, como la alimentación, el uso de antibióticos y ciertos hábitos de vida, son potencialmente modificables.

La investigación está enfocada en la evidencia científica disponible acerca de los cambios que sufre la microbiota intestinal de la mujer durante el período gestacional, los factores que modifican su composición y su posible asociación con desenlaces perinatales desfavorables tales como: parto pretérmino, bajo peso al nacer, restricción del crecimiento intrauterino y alteraciones inmunológicas neonatales.

La presente investigación tiene como objetivo analizar la relación entre la microbiota intestinal materna durante la gestación y el resultado perinatal.

METODOLOGÍA

El estudio se desarrolló mediante un enfoque cuantitativo de carácter interpretativo-descriptivo, puesto que está orientado a recopilar, analizar e interpretar evidencia científica sobre la relación que existe entre la microbiota intestinal materna y los posibles resultados perinatales. A través de la revisión bibliográfica se pudo comprender los cambios que existen en la microbiota intestinal durante la gestación, los factores que la alteran y los posibles resultados desfavorables en el desarrollo fetal y neonatal.

La presente investigación es bibliográfica, puesto que está basada en la recolección, análisis y elección de fuentes de información científica, así como de revisiones bibliográficas previamente publicadas, con el fin de realizar un análisis de las diferentes perspectivas y hallazgos existentes sobre la composición de la microbiota intestinal materna durante el período de gestación, los factores que pueden producir modificaciones en la misma y la posible relación con el resultado perinatal.

Como no se manipularon variables ni se realizaron intervenciones en seres humanos, el diseño de la investigación fue no experimental y documental. Toda la información requerida se obtuvo de estudios y artículos ya publicados.

El estudio se fundamentó principalmente en documentos científicos, artículos de revisión y estudios de síntesis de evidencia, publicados en revistas científicas a nivel mundial. La búsqueda de información se realizó mediante bases de datos científicas como PubMed, Scopus, Web Science, Scielo y Cochrane Library, las cuales dieron paso al acceso a literatura científica especializada en las áreas de medicina, microbiología, inmunología, obstetricia y salud perinatal.

Para la realización del documento se utilizó la revisión documental y bibliográfica, a través de publicaciones científicas en relación con el tema de estudio. Para iniciar con el proceso investigativo, se identificaron las variables y los conceptos principales. A continuación se fijaron las palabras clave y estrategias de búsqueda para encontrar la información necesaria.

Los estudios fueron seleccionados aplicando los criterios de inclusión y exclusión establecidos. Posteriormente, se realizó una lectura crítica de los documentos seleccionados y se extrajo la información relevante. Para finalizar, se clasificaron los datos obtenidos para adecuarlos a cada sección del estudio.

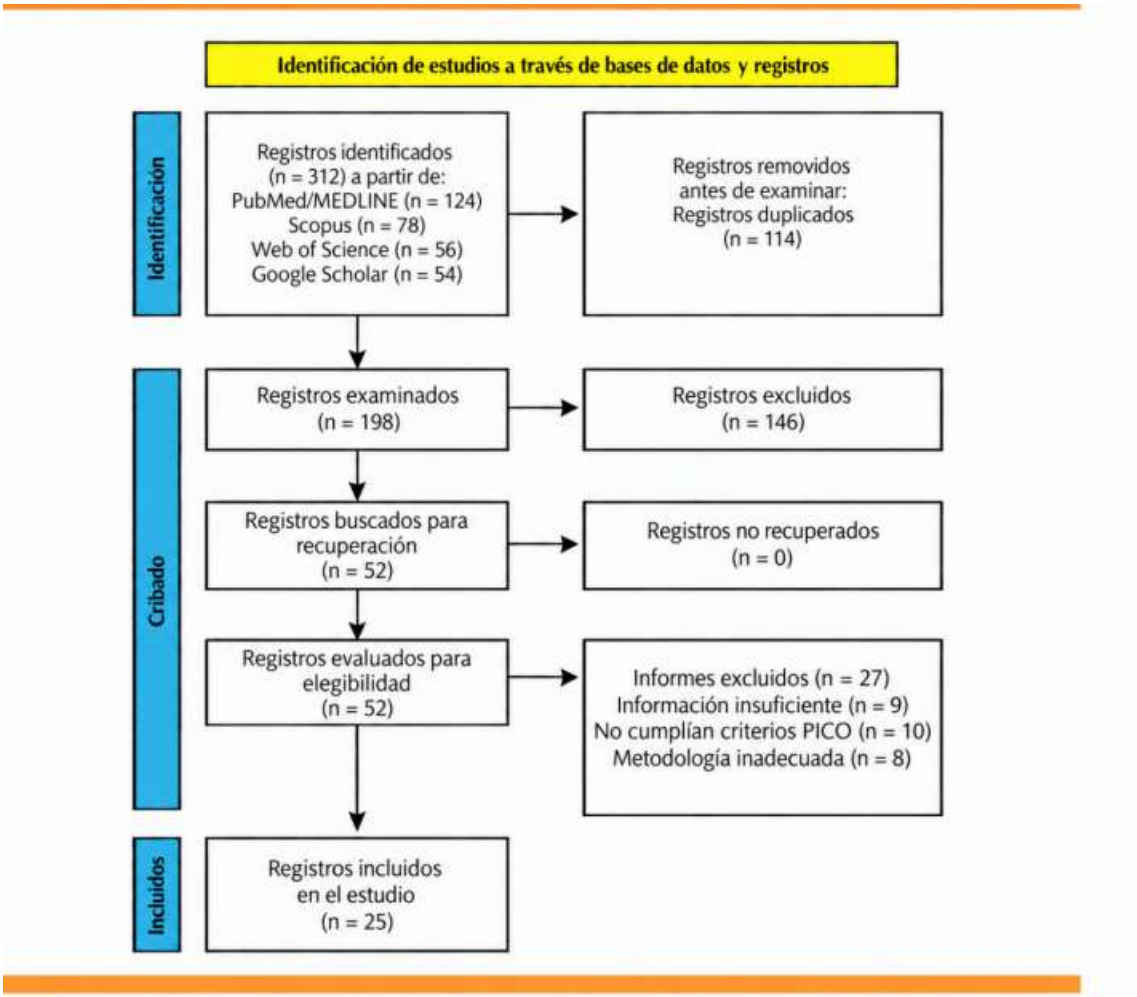
Se incluyeron artículos científicos publicados entre 2021 y 2026, en español o inglés, relacionados con el comportamiento de la microbiota intestinal durante la gestación, las posibles alteraciones de la microbiota materna y su asociación con resultados perinatales. Las fuentes debían proceder de recursos académicos y científicos confiables. La búsqueda se apoya en PubMed, Scopus, Web of Science, SciELO y Cochrane Library.

Se excluyeron artículos con más de cinco años de antigüedad, literatura de fuentes no confiables y publicaciones sin relación directa con el objeto de estudio o que no respondieron a los objetivos. La técnica de recolección fue la revisión documental y bibliográfica; se realizó lectura crítica y extracción de información relevante para clasificar por categorías temáticas.

La búsqueda identificó 312 registros: 124 en PubMed/MEDLINE, 78 en Scopus, 56 en Web of Science y 54 en Google Scholar. Tras eliminar 114 duplicados, se examinaron 198 registros y se excluyeron 146.

Se buscaron 52 informes para su recuperación; todos fueron recuperados y evaluados a texto completo. De estos, se excluyeron 27 por información insuficiente (n = 9), incumplimiento de los criterios de elegibilidad (n = 10) o metodología inadecuada (n = 8). Finalmente, se incluyeron 25 publicaciones en la revisión.

Figura 1. Diagrama de flujo del proceso de búsqueda y selección de estudios.



RESULTADOS Y DISCUSIÓN

La investigación basada en la literatura ayudó a identificar los principales campos que se relacionaron con la microbiota intestinal materna en la etapa gestacional: cambios en composición y diversidad de la comunidad microbiana, factores de la madre que se asociaron con estas modificaciones y cómo esto podría relacionarse con los resultados perinatales.

Algunas de las investigaciones originales se centraron en estudiar el parto pretérmino, el peso neonatal y la composición de la microbiota del neonato.

Por ejemplo, Miao et al. (2025) analizaron a 5.313 mujeres embarazadas en dos cohortes independientes e identificaron once géneros bacterianos y una especie asociados con el parto pretérmino

Por otro lado, Dreisbach et al. (2023) estudiaron muestras fecales pertenecientes a 102 embarazadas y encontraron que un modelo multivariable basado en componentes de la microbiota explicó el 22,9 % de la variación del peso neonatal ajustado por edad gestacional.

Shi et al. (2024) analizaron 34 pares de madres y recién nacidos para poder estudiar la relación entre factores maternos y microbiota neonatal. Se obtuvieron resultados que mostraron diferencias en la composición microbiana inicial del recién nacido según determinados factores perinatales. Las principales características de estudios y revisiones incluidos en la matriz se presentan en la Tabla 1.

Tabla 1: Características de estudios y revisiones incluidos en la matriz.

Estudio y procedencia	**Diseño y muestra reportados**	**Exposición o variable**	**Hallazgo resumido**
Husso et al. (2023), Finlandia	Experimental preclínico en modelo animal	Metabolitos microbianos maternos	Expresión génica fetal, especialmente en procesos inmunitarios, metabólicos y neurofisiológicos.
Márquez Ibarra et al. (2025), México	Revisión narrativa	Microbiota materna durante embarazo, parto y posparto	Describe asociaciones de microbiota y estados de salud o enfermedad; no establece causalidad.
Núñez et al. (2024), Venezuela	Revisión	Disbiosis de microbiota materna	Se plantea relación con inflamación y parto pretérmino.
Sajdel-Sulkowska (2023), Estados Unidos	Revisión	Microbiota intestinal materna y disbiosis	Posibles cambios en el desarrollo prenatal del eje intestino-cerebro.
Russell et al. (2023), Estados Unidos	Estudio experimental preclínico en modelo animal	Microbiota materna oral, vaginal e intestinal	Contribución potencial a la colonización y maduración de la microbiota intestinal de la descendencia.
Lu et al. (2024), China	Revisión	Disbiosis y metabolitos microbianos	Discute posibles vínculos con parto pretérmino, aborto recurrente y cambios inmunológicos.

Zhang et al. (2025), China	Estudio observacional comparativo transversal	Microbiota neonatal según diabetes gestacional materna	Reporta diferencias en la colonización microbiana neonatal, incluida la abundancia relativa de grupos bacterianos.
Sokou et al. (2024), Grecia	Revisión sistemática	Microbiota neonatal y diabetes gestacional	Describe diferencias de diversidad y abundancia entre neonatos expuestos y no expuestos a diabetes gestacional.
González Blanco (2022), Venezuela	Revisión narrativa	Cambios y disbiosis de microbiota durante el embarazo	Resume posibles asociaciones con complicaciones obstétricas y perinatales.
Márquez-Ibarra et al. (2023), México	Revisión narrativa	Microbiota intestinal, oral y placentaria materna	Revisa posibles vínculos con parto pretérmino, bajo peso al nacer y salud materno-fetal.
Ahmed et al. (2025), Estados Unidos	Revisión	Mecanismos asociados a disbiosis materna	Propone mecanismos inflamatorios, inmunitarios y metabólicos relacionados con parto pretérmino y crecimiento fetal.
Wang et al. (2024), China	Revisión	Interacción microbiota-huésped en diabetes gestacional	Discute la programación metabólica e inmunológica fetal y cambios en microbiota de la descendencia.
Miao et al. (2025), China	Dos cohortes independientes; 5.313 gestantes	Microbiota intestinal materna en etapas tempranas	Identifica once géneros y una especie asociados con parto pretérmino.
Dreisbach et al. (2023), Estados Unidos	Estudio retrospectivo y transversal; 102 gestantes	Microbiota gastrointestinal materna en el segundo trimestre	El modelo multivariable explicó el 22,9 % de la variación del peso neonatal ajustado por edad gestacional.

Durante el embarazo, el equilibrio del ecosistema intestinal materno desempeña un papel fundamental en la comunicación biológica entre la madre y el feto a través del denominado eje intestino-placenta-feto. Este eje constituye una red compleja de interacciones metabólicas, inmunológicas y endocrinas

mediante la cual los microorganismos intestinales maternos y sus metabolitos pueden influir indirectamente sobre el ambiente intrauterino y el desarrollo fetal (Wang et al., 2024).

Aunque en un feto sano, las bacterias vivas son extremadamente raras o escasas, se ha planteado que sí pueden existir metabolitos microbianos circulantes y otros componentes de los microbios derivados de la madre como los ácidos de cadena corta, que llegan al feto al atravesar la placenta. Estos metabolitos ejercen efectos reguladores sobre la función placentaria, así mismo la microbiota participa en la modulación del sistema de defensa del organismo y en la respuesta inmunitaria y el metabolismo materno, favoreciendo la tolerancia inmunológica y un entorno adecuado para mantener la gestación y para el crecimiento fetal (Wang et al., 2024).

La evidencia científica también ha demostrado que la microbiota materna participa en la denominada programación fetal, proceso mediante el cual estímulos ambientales durante la gestación generan cambios duraderos en la expresión génica del feto. Estos cambios pueden influir en la susceptibilidad futura a enfermedades metabólicas, inmunológicas y neurológicas (Ahmed et al., 2025).

Por otra parte, una microbiota materna equilibrada favorece un adecuado aporte de nutrientes y energía al feto, mientras que la disbiosis se ha asociado con alteraciones en el crecimiento fetal, restricción del crecimiento intrauterino, bajo peso al nacer y mayor riesgo de parto pretérmino. En consecuencia, la microbiota intestinal materna es actualmente considerada un factor determinante en la salud fetal, ya que interviene activamente en procesos fundamentales para el crecimiento, la maduración orgánica y la programación de la salud futura del recién nacido (Ahmed et al., 2025).

La alteración de la microbiota materna puede afectar el metabolismo energético y la absorción de nutrientes esenciales durante la gestación, limitando el aporte nutricional al feto. Asimismo, la inflamación crónica asociada a la disbiosis puede comprometer la función placentaria y restringir el crecimiento fetal. Como consecuencia, aumenta el riesgo de recién nacidos con bajo peso y de complicaciones neonatales asociadas (Husso et al., 2023).

Se ha planteado que la disbiosis materna puede alterar la perfusión placentaria mediante mecanismos inflamatorios y metabólicos. Estas alteraciones afectan el transporte de oxígeno y nutrientes hacia el feto, favoreciendo la aparición de RCIU. Además, la reducción de metabolitos beneficiosos derivados de la microbiota puede influir negativamente sobre el desarrollo fetal (Husso et al., 2023).

La disbiosis durante la gestación, puede alterarse la colonización microbiana inicial del neonato, aumentando la susceptibilidad a enfermedades alérgicas, asma, dermatitis atópica, enfermedades autoinmunes. Además, diversos estudios sugieren que la exposición prenatal a una microbiota materna alterada puede predisponer al desarrollo futuro de obesidad, síndrome metabólico y trastornos neuroconductuales (Husso et al., 2023).

Los estudios que fueron incluidos para la elaboración del documento mostraron evidencia sobre la microbiota intestinal materna, las adaptaciones que se presentan durante el período de gestación y la disbiosis que puede generar resultados adversos tanto en la madre como en el feto. Entre los principales resultados que pudieron ser identificados se encuentran el parto pretérmino, las alteraciones del crecimiento fetal y modificaciones en la composición de la microbiota intestinal neonatal. De igual forma, en el transcurso del período gestacional se puede ver modificada o alterada la composición de la microbiota intestinal materna debido a diversos factores asociados como hábitos alimentarios, uso de antibióticos, estilo de vida y condiciones metabólicas y hormonales. La evidencia científica ayuda a identificar estos factores como variables clave para el estudio de la microbiota intestinal materna; a pesar de ello, las estimaciones cuantitativas son limitadas para poder determinar el grado de su influencia sobre el resultado perinatal. Los principales factores evidenciados se presentan en la Tabla 2

Tabla 2.- Desenlace perinatal y señales descritas en la literatura revisada

Desenlace o dominio	Hallazgo consignado	Interpretación y límite
Parto pretérmino	Miao et al. (2025) analizaron 5.313 gestantes en dos cohortes y encontraron once géneros y una especie asociados con el desenlace.	Asociación observacional y potencial predictivo; no demuestra causalidad.
Peso neonatal ajustado por edad gestacional	Dreisbach et al. (2023) estudiaron 102 gestantes; el mejor modelo multivariable explicó 22,9 % de la variación.	Asociación entre composición de microbiota y peso neonatal; no es una estimación conjunta de efecto.
Restricción del crecimiento fetal	Plantea posibles vías metabólicas e inmunológicas que modificarían el ambiente intrauterino.	La evidencia descrita es limitada frente a otros desenlaces.
Microbiota neonatal y diabetes gestacional	Wang et al. (2024), Zhang et al. (2025) y Sokou et al. (2024) describen interacciones o diferencias en microbiota neonatal según exposición a diabetes gestacional materna.	Las diferencias microbianas del recién nacido no demuestran que la disbiosis materna cause diabetes gestacional.

De manera integral, los hallazgos manifiestan que la microbiota intestinal materna es propensa a alteraciones durante el embarazo, mostrando un vínculo entre condiciones propias de la gestación y del entorno materno, las cuales podrían afectar al equilibrio del ecosistema intestinal y ocasionar modificaciones relevantes para la salud materna, fetal y neonatal. A pesar de ello la evidencia cuantitativa resalta la interacción entre la microbiota y la glucemia en relación con los demás factores. Por tal razón los demás potenciales biomarcadores requieren mayor investigación para poder cuantificar la magnitud de su efecto sobre el resultado perinatal.

La microbiota cumple con diversas funciones fundamentales para el bienestar del feto y de la madre. Una de estas funciones es la de fermentar metabolitos para la obtención de energía, nutrientes, vitaminas como el ácido fólico, esencial en la formación adecuada del feto.

(Zhou et al., 2021).

De igual forma, los ácidos grasos que se sintetizan en el intestino (ácido butírico, acético) cumplen una función trófica de la mucosa del intestino al promover la multiplicación de las células del epitelio intestinal por lo que intervienen en la profilaxis de diversidad patologías como la enterocolitis, propia del recién nacido (Zhou et al., 2021).

Durante el primer trimestre de embarazo no se evidencian modificaciones significativas en la comunidad microbiana intestinal con respecto a la de una mujer no gestante. Sin embargo, en el segundo trimestre de embarazo las bacterias sintetizadoras de ácido láctico tales como: proteobacterias, las bifidobacterias, las actinobacterias y algunas cepas específicas de Lactobacillus presentan un incremento. De manera simultánea, disminuye la cantidad de bacterias productoras de butirato (Portillo-Pérez, 2024).

En el tercer trimestre la microbiota intestinal materna se torna más diversa, acompañada de un aumento de peso considerando que la gestante acumula reservas energéticas. Así mismo, se presenta la resistencia fisiológica a la insulina y concentraciones elevadas de citocinas fecales, los cuales reflejan un estado inflamatorio leve y fisiológico propio de esta etapa de gestación (Husso et al., 2023).

Los cambios en los microorganismos intestinales maternos de la gestante empiezan desde las primeras semanas de gestación y va evolucionando progresivamente. Esta puede ser influenciada por factores externos como la dieta, una alimentación con elevado contenido lipídico, azúcares refinados y alimentos

ultraprocesados antes o después del período gestacional afecta a la expresión de genes microbianos implicados en procesos metabólicos esenciales tales como metabolismo de lípidos, glucolisis y gluconeogenesis. La ganancia de peso gestacional es otro factor que influye, ya que se ha evidenciado que madres con una mayor ganancia de peso durante la gestación, presentaban una menor cantidad de bacterias pertenecientes al género bacteroides (Márquez-Ibarra et al., 2023).

Por otro lado, un patrón dietético saludable rico en fibra, probióticos y alimentos de origen vegetal promueve una composición favorable de la microbiota intestinal materna, el cual se relaciona con una adecuada modulación inmunometabólica durante la gestación, favoreciendo la salud materno-fetal y disminuyendo el riesgo de alteraciones como la diabetes gestacional y la hipertensión asociada al embarazo (Márquez-Ibarra et al., 2023).

Los cambios hormonales fisiológicos del período gestacional, constituyen uno de los principales factores que influyen tanto en la composición como en la función de la diversidad microbiana intestinal materna. Se produce un aumento de hormonas tales como: estrógeno, la progesterona, la prolactina y el lactógeno placentario humano, estas adaptaciones hormonales generan cambios en el ambiente intestinal (Sajdel-Sulkowska, 2023).

Se ha evidenciado que el incremento progresivo de estrógeno y progesterona favorece la proliferación de ciertos microorganismos y modificando la producción de metabolitos bacterianos, el problema radica cuando hay un exceso que rebasa las adaptaciones fisiológicas normales, lo que propicia estados de disbiosis causando una alteración de la homeostasis intestinal (Sajdel-Sulkowska, 2023).

Las alteraciones hormonales que causa la disbiosis, puede asociarse con desarrollo de inflamación sistémica de bajo grado, incremento de la permeabilidad intestinal y alteraciones en el metabolismo de la glucosa y los lípidos. Dichos eventos se relacionan con complicaciones obstétricas significativas como: diabetes mellitus gestacional, trastornos hipertensivos del embarazo, restricción del crecimiento fetal y parto pretérmino, condiciones que pueden repercutir negativamente en los resultados perinatales (Sajdel-Sulkowska, 2023).

La actividad física, el estrés, la calidad de sueño, la exposición a contaminantes ambientales y los hábitos de vida son factores ambientales que tienen la capacidad de alterar mecanismos implicados en la regulación metabólica e inmunológica de la gestante (Sinha et al., 2023).

El eje microbiota-intestino-cerebro se ve influenciado principalmente por factores como el estrés materno crónico y la calidad de sueño y se encuentra asociado con modificaciones en la interacción entre la microbiota intestinal y el sistema inmunitario. Los factores primordiales relacionados con la microbiota y límites de la evidencia se encuentran plasmadas en la **Tabla 3.**

Tabla 3.- Factores relacionados con la microbiota y límites de la evidencia descrita.

Factor	Relación propuesta	Posible repercusión	Evidencia y límite
Alimentación	La dieta modifica los sustratos disponibles para la fermentación y la producción de metabolitos; menciona patrones ricos en fibra y patrones con mayor contenido de grasas, azúcares y ultraprocesados.	Posibles variaciones en diversidad y metabolismo materno.	No presenta estimaciones cuantitativas comparables del efecto de la dieta.
Antibióticos	El uso durante la gestación puede modificar composición y diversidad y se considera un posible factor de confusión en estudios observacionales.	Cambios en el ecosistema materno y colonización neonatal.	Dreisbach et al. (2023) los consideraron en el análisis; ello no demuestra por sí solo un efecto causal.
Cambios hormonales	El embarazo modifica estrógeno, progesterona, prolactina y lactógeno placentario; la actividad de degradación del 17β-estradiol se ha estudiado en perfiles asociados con parto pretérmino.	Posibles interacciones entre ambiente hormonal, actividad microbiana y metabolismo.	Miao et al. (2025) reportan asociación; no prueba que la disbiosis origine las modificaciones hormonales.
Condiciones metabólicas	Se discuten interacciones con glucemia, metabolismo de lípidos y síntesis de metabolitos.	Posibles cambios en crecimiento fetal y peso neonatal.	La evidencia se concentra en diabetes gestacional y no permite atribuir causalidad a la microbiota.
Estilo de vida y entorno	Estrés, actividad física, sueño y exposición ambiental podrían afectar la regulación metabólica e inmunológica.	Posible desequilibrio de procesos metabólicos e inmunitarios.	Información cuantitativa es insuficiente para estimar la magnitud del efecto.

La disbiosis de la microbiota intestinal materna es un desequilibrio entre microorganismos beneficiosos y potencialmente patógenos durante esta etapa de la vida reproductiva, produciendo cambios en su

composición, diversidad y actividad metabólica. Estas modificaciones pueden afectar la regulación inmunológica y metabólica materno-fetal (Amato et al., 2024).

Los cambios mencionados en la comunidad microbiana materna pueden afectar la integridad de la barrera intestinal, reduciendo su capacidad para limitar el paso de sustancias bacterianas, por lo que se facilita la entrada de productos bacterianos como los lipopolisacáridos a la circulación promoviendo un estado inflamatorio y activando mecanismos inmunológicos. Cuando estos productos bacterianos alcanzan la circulación sistémica, activan receptores de reconocimiento de patrones, especialmente los receptores tipo Toll (TLR), lo que da lugar a una respuesta inflamatoria liberando mediadores proinflamatorios como como el factor de necrosis tumoral alfa (TNF-α), la interleucina 1 beta (IL-1β) y la interleucina 6 (IL-6) (Sajdel-Sulkowska, 2023).

Lu et al. (2024) identificaron un nexo entre las alteraciones de la microbiota intestinal materna y varias condiciones obstétricas. La información que se reunió muestra asociaciones entre la disbiosis intestinal y diabetes mellitus gestacional, preeclampsia, parto pretérmino y aborto recurrente, lo que sugiere que estos cambios de la microbiota no solo se limitan a alteraciones en su composición, sino que puede existir una relación con alteraciones inmunológicas y metabólicas durante el embarazo.

El análisis científico de Miao et al. (2025), presenta evidencia observacional directa acerca de la asociación de modificación microbiana y parto pretérmino. Los investigadores resaltaron la actividad de degradación del 17β-estradiol por C. innocuum, proponiendo su relación con el metabolismo hormonal. Aunque todavía no podemos confirmar que dicha actividad cause directamente la prematuridad, se abren nuevas puertas de investigación (Miao et al., 2025).

Asimismo, el análisis GSEA evidenció una disminución de las respuestas a interferón alfa y gamma en los fetos libres de gérmenes (NES < 0; FDR < 5%). De los 30 genes más fuertemente regulados a la baja, 27 (90%) estaban relacionados con inmunidad, interacción huésped-microbio o metabolismo de xenobióticos, mientras que aproximadamente 80% de los genes asociados con traducción, ribosomas y metabolismo del ARNt se encontraron regulados al alza. En el cerebro fetal, los cambios fueron menos marcados, con ausencia de separación mediante PCA y un modelo OPLS-DA con $R^2Xcum = 0,80$ y $Q^2cum = 0,05$, aunque se observaron alteraciones en genes relacionados con inmunidad antiviral y desarrollo neuronal.

En la placenta, aunque el PCA tampoco separó los grupos, un modelo OPLS-DA validado permitió diferenciarlos, identificándose modificaciones en procesos de desarrollo, homeostasis e inmunidad; 23 de los 30 genes con mayor expresión diferencial (76,7%) estuvieron regulados al alza en los animales libres de gérmenes. Estos hallazgos sugieren que la microbiota materna puede influir en la programación molecular del intestino fetal y, en menor medida, del cerebro y la placenta (Husso et al., 2023).

Entre las modificaciones mencionadas, se detectó una alteración en los metabolitos originados por las bacterias intestinales, principalmente en los ácidos grasos de cadena corta. Los más destacados debido a su interacción en mecanismos metabólicos y en el mantenimiento de la función intestinal fueron el acetato, propionato y butirato. Los hallazgos mostraron una posible relación entre las alteraciones de estos compuestos con los cambios en el equilibrio metabólico e inmunológico de la gestante, lo cual brinda elementos para pensar que las fluctuaciones de la actividad de la microbiota podría afectar significativamente el período gestacional (Fasano et al., 2024).

Los resultados de las investigaciones analizadas plantean una asociación entre los metabolitos bacterianos y modificaciones en la respuesta inmunológica con procesos que podrían afectar directamente con el ambiente placentario y fetal. A pesar de ello, la evidencia que se dispone no permite determinar con certeza una relación causal definitiva, por lo que este mecanismo continúa necesitando de investigación, siendo una hipótesis en desarrollo (Husso et al., 2023).

CONCLUSIONES

La evidencia revisada sugiere que la microbiota intestinal materna experimenta cambios durante la gestación y que su composición puede relacionarse con factores maternos, metabólicos y perinatales. Entre los desenlaces descritos se encuentran el parto pretérmino, el peso neonatal y diferencias en la composición de la microbiota del recién nacido. También se han propuesto mecanismos metabólicos e inmunológicos que podrían participar en la interacción entre la madre, la placenta y el desarrollo fetal.

Sin embargo, los estudios incluidos presentan diferencias en sus diseños, poblaciones, métodos de análisis y desenlaces. Por ello, los hallazgos deben interpretarse como asociaciones y no permiten establecer que las alteraciones de la microbiota sean la causa directa de resultados perinatales adversos. Tampoco permiten determinar una composición microbiana materna única que pueda considerarse normal o establecer estimaciones comparables para todos los desenlaces.

Se requieren investigaciones con criterios metodológicos más homogéneos, seguimiento durante distintas etapas del embarazo y definiciones comparables de los resultados perinatales. Asimismo, es necesario ampliar la investigación en América Latina y Ecuador, donde la evidencia disponible sigue siendo limitada. Estudios futuros con estrategias de búsqueda reproducibles y control de factores clínicos y ambientales permitirían precisar la relevancia de estas asociaciones y valorar su posible utilidad en la salud materno-infantil.

REFERENCIAS BIBLIOGRAFICAS

Ahmed, U., Fatima, F., & Farooq, H. A. (2025). Microbial dysbiosis and associated disease mechanisms in maternal and child health. *Infection and Immunity, 93*(8), e00179-25. https://doi.org/10.1128/iai.00179-25

Amato, K. R., Pradhan, P., Mallott, E. K., Shirola, W., & Lu, A. (2024). Host–gut microbiota interactions during pregnancy. *Evolution, Medicine, and Public Health, 12*(1), 7–23. https://doi.org/10.1093/emph/eoae001

Beckers, K. F., Flanagan, J. P., & Sones, J. L. (2024). Microbiome and pregnancy: Focus on microbial dysbiosis coupled with maternal obesity. *International Journal of Obesity, 48*(4), 439–448. https://doi.org/10.1038/s41366-023-01438-7

Dreisbach, C., Habermeyer, L., & Alhusen, J. (2023). Composition of the maternal gastrointestinal microbiome as a predictor of neonatal birth weight. *Pediatric Research, 94*, 1158–1165. https://doi.org/10.1038/s41390-023-02584-4

Esteven, A. (2020). Microbiota perinatal: Revisión de su importancia en la salud del recién nacido. *Archivos Argentinos de Pediatría, 118*(3), e265. https://doi.org/10.5546/aap.2020.e265

Fasano, A., Chassaing, B., Haller, D., Flores Ventura, E., Carmen-Collado, M., Pastor, N., Koren, O., & Berni Canani, R. (2024). Microbiota during pregnancy and early life: Role in maternal–neonatal outcomes based on human evidence. *Gut Microbes, 16*(1), 2392009. https://doi.org/10.1080/19490976.2024.2392009

Giugliano, S., Gatti, A., Rusin, M., Schorn, T., Pimazzoni, S., Calanni-Pileri, M., Fraccascia, V., Carloni, S., & Rescigno, M. (2025). Maternal gut microbiota influences immune activation at the maternal-fetal interface affecting pregnancy outcome. *Nature Communications, 16*, 4326.

https://doi.org/10.1038/s41467-025-58533-8

González Blanco, M. (2022). Microbiota en la embarazada. *Revista de Obstetricia y Ginecología de Venezuela, 82*(4), 397–400. https://doi.org/10.51288/00820403

Husso, A., Pessa-Morikawa, T., Koistinen, V. M., Kärkkäinen, O., Kwon, H. N., Lahti, L., Iivanainen, A., Hanhineva, K., & Niku, M. (2023). Impacts of maternal microbiota and microbial metabolites on fetal intestine, brain, and placenta. *BMC Biology, 21*, 207. https://doi.org/10.1186/s12915-023-01709-9

Lu, X., Shi, Z., Jiang, L., & Zhang, S. (2024). Maternal gut microbiota in the health of mothers and offspring: From the perspective of immunology. *Frontiers in Immunology, 15*, 1362784. https://doi.org/10.3389/fimmu.2024.1362784

Márquez Ibarra, A. A., Barrera Hernández, L. F., Gregorio, E. V., Olivas Aguirre, F. J., & Quintero Vargas, J. T. de J. (2025). Microbiota during pregnancy, childbirth, and postpartum, and its relationship with health and disease states. *Medicine in Microecology, 25*, 100141. https://doi.org/10.1016/j.medmic.2025.100141

Márquez-Ibarra, A. A., Mariscal-Ramírez, B. E., González-Ponce, A. M., & Valbuena-Gregorio, E. (2023). Cambios en la microbiota durante el embarazo: Revisión narrativa. *Ginecología y Obstetricia de México, 91*(7), 499–515. https://doi.org/10.24245/gom.v91i7.8684

Miao, Z., Hu, S., Wu, P., Lai, Y., Chen, L. T., Huang, M., Zhang, K., He, H., Xu, F., Li, F., Yuan, J., Hu, Y., Liu, G., Huang, K., Shuai, M., Ye, M., Liang, X., Xiao, C., Gou, W., … Zheng, J.-S. (2025). Maternal gut microbiome during early pregnancy predicts preterm birth. *Cell Host & Microbe, 33*(9), 1623–1639.e8. https://doi.org/10.1016/j.chom.2025.08.004

Moreira Gonçalves, A. C., Kato Telles e Sousa, C., Albuquerque Athayde, V., Santos, T. F., Beretta de Almeida Duailibe, J. B., & Braga de Faria, G. (2025). A influência da microbiota intestinal materna na gestação. *Revista Master - Ensino, Pesquisa e Extensão, 10*(19). https://doi.org/10.47224/revistamaster.v10i19.642

Núñez, I., Uzcátegui Montero, O. E., Sandó Mistage, C., Terrizzi, A., Milano, A., & Martínez, B. (2024). Aspectos actuales de la microbiota y su relación con el embarazo. *Revista de Obstetricia y Ginecología de Venezuela, 84*(4), 450–458. https://doi.org/10.51288/00840414

Portillo-Pérez, R. M. (2024). Los primeros 1 000 días: Una programación de salud para la vida. In *Colección Razetti* (Vol. 31). Ateproca. https://doi.org/10.59542/CRANM.2024.XXXI.9

Russell, A. L., McAdams, Z. L., Donovan, E., Seilhamer, N., Siegrist, M., Franklin, C. L., & Ericsson, A. C. (2023). The contribution of maternal oral, vaginal, and gut microbiota to the developing offspring gut. *Scientific Reports, 13*, 13660. https://doi.org/10.1038/s41598-023-40703-7

Sajdel-Sulkowska, E. M. (2023). The impact of maternal gut microbiota during pregnancy on fetal gut–brain axis development and life-long health outcomes. *Microorganisms, 11*(9), 2199. https://doi.org/10.3390/microorganisms11092199

Shi, X., Liu, Y., Ma, T., Jin, H., Zhao, F., & Sun, Z. (2024). Delivery mode and maternal gestational diabetes are important factors in shaping the neonatal initial gut microbiota. *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology, 14*, 1397675. https://doi.org/10.3389/fcimb.2024.1397675

Sinha, T., Brushett, S., Prins, J., & Zhernakova, A. (2023). The maternal gut microbiome during pregnancy and its role in maternal and infant health. *Current Opinion in Microbiology, 74*, 102309. https://doi.org/10.1016/j.mib.2023.102309

Sokou, R., Moschari, E., Palioura, A. E., Palioura, A. P., Mpakosi, A., Adamakidou, T., Vlachou, E., Theodoraki, M., Iacovidou, N., & Tsartsalis, A. N. (2024). The impact of gestational diabetes mellitus on the development and composition of the neonatal gut microbiota: A systematic review. *Microorganisms, 12*(8), 1564. https://doi.org/10.3390/microorganisms12081564

Tian, Z., Zhang, X., Yao, G., Jin, J., Zhang, T., Sun, C., Wang, Z., & Zhang, Q. (2024). Intestinal flora and pregnancy complications: Current insights and future prospects. *iMeta, 3*(2), e167. https://doi.org/10.1002/imt2.167

Wang, S., Cui, Z., & Yang, H. (2024). Interactions between host and gut microbiota in gestational diabetes mellitus and their impacts on offspring. *BMC Microbiology, 24*, 161. https://doi.org/10.1186/s12866-024-03255-y

Zhang, L., Tan, X., Guo, Z., Liang, L., Yi, B., Liu, X., Li, F., Wang, Y., & Wang, Y. (2025). Effects of gestational diabetes mellitus on the intestinal microbiota of the offspring. *Scientific Reports, 15*, 39934. https://doi.org/10.1038/s41598-025-23718-0

Zhou, Y., Qi, H., & Yin, N. (2021). Adaptations and alterations of maternal microbiota: From physiology to pathology. Medicine in Microecology, 9, 100045. https://doi.org/10.1016/j.medmic.2021.100045