

Relación de la microbiota intestinal con la microbiota vaginal a nivel mundial

Relationship between the intestinal microbiota and the vaginal microbiota worldwide

 <https://doi.org/10.47230/unesum-ciencias.v9.n3.2025.264-280>

Recibido: 10-02-2025

Aceptado: 11-06-2025

Publicado: 25-09-2025

Arianna Nicole Zavala Hoppe^{1*}

 <https://orcid.org/0000-0002-9725-4511>

Maribel Estefanía López López²

 <https://orcid.org/0009-0007-1109-7249>

Bella Lorena Martínez Marcillo³

 <https://orcid.org/0009-0007-1183-5758>

Holger Adrián Ortega Macías⁴

 <https://orcid.org/0000-0001-6371-341X>

1. Universidad Estatal del Sur de Manabí; Jipijapa, Ecuador.

2. Universidad Estatal del Sur de Manabí; Jipijapa, Ecuador.

3. Universidad Estatal del Sur de Manabí; Jipijapa, Ecuador.

4. Universidad Estatal del Sur de Manabí; Jipijapa, Ecuador.

Volumen: 9

Número: 3

Año: 2025

Paginación: 264-280

URL: <https://revistas.unesum.edu.ec/index.php/unesumciencias/article/view/1010>

***Correspondencia autor:** arianna.zavala@unesum.edu.ec

RESUMEN

La microbiota intestinal y vaginal son ecosistemas microbianos complejos que desempeñan funciones esenciales en la salud femenina, influyendo en procesos metabólicos, inmunológicos y reproductivos. El objeto de estudio fue analizar la relación de la microbiota intestinal con la microbiota vaginal a nivel mundial. Se realizó una revisión bibliográfica descriptiva y documental, consultando 48 artículos publicados entre 2020 y 2025 en bases de datos científicas (SciELO, PubMed, Redalyc, ScienceDirect, Web of Science y Google Académico), seleccionados según criterios de inclusión y exclusión predefinidos, siguiendo la metodología PRISMA. Los resultados evidenciaron que una microbiota intestinal saludable está dominada por *Lactobacillus*, *Bifidobacteria*, *Faecalibacterium* y *Prevotella*, mientras que la presencia de *Escherichia coli*, *Helicobacter pylori* y *Enterobacteriaceae* se asocia con disbiosis; los principales factores de riesgo incluyen dietas ricas en grasas y azúcares, uso de antibióticos y estrés crónico. En la microbiota vaginal, la pérdida de *Lactobacillus crispatus* y el aumento de *Gardnerella vaginalis*, *Atopobium vaginae*, *Sneathia* y *Candida albicans* se relacionan con vaginosis bacteriana, candidiasis y parto prematuro, siendo factores de riesgo las prácticas sexuales sin protección, cambios hormonales y pH elevado. Se identificó una asociación significativa entre la disbiosis de ambas microbiotas y enfermedades metabólicas, ginecológicas, autoinmunes y neurológicas. En conclusión, la relación entre la microbiota intestinal y vaginal influye de manera determinante en la salud femenina, y su alteración constituye un factor de riesgo transversal para diversas patologías, lo que justifica el desarrollo de estrategias preventivas y terapéuticas basadas en el restablecimiento del equilibrio microbiano.

Palabras clave: Disbiosis, Probióticos, Salud femenina.

ABSTRACT

The gut and vaginal microbiota are complex microbial ecosystems that play essential roles in women's health, influencing metabolic, immunological and reproductive processes. The general objective of this study was to analyze the relationship between the gut microbiota and the vaginal microbiota worldwide. A descriptive and documentary literature review was carried out, consulting 48 articles published between 2020 and 2025 in scientific databases (SciELO, PubMed, Redalyc, ScienceDirect, Web of Science and Google Scholar), selected according to predefined inclusion and exclusion criteria, following the PRISMA methodology. The results showed that a healthy gut microbiota is dominated by *Lactobacillus*, *Bifidobacteria*, *Faecalibacterium* and *Prevotella*, while the presence of *Escherichia coli*, *Helicobacter pylori* and *Enterobacteriaceae* is associated with dysbiosis; The main risk factors include diets high in fats and sugars, antibiotic use, and chronic stress. In the vaginal microbiota, the loss of *Lactobacillus crispatus* and the increase in *Gardnerella vaginalis*, *Atopobium vaginae*, *Sneathia* and *Candida albicans* are related to bacterial vaginosis, candidiasis and preterm birth, with risk factors being unprotected sexual practices, hormonal changes and high pH. A significant association was identified between dysbiosis of both microbiota and metabolic, gynecological, autoimmune and neurological diseases. In conclusion, the relationship between the intestinal and vaginal microbiota has a decisive influence on women's health, and its alteration constitutes a cross-cutting risk factor for various pathologies, which justifies the development of preventive and therapeutic strategies based on the restoration of microbial balance.

Keywords: Dysbiosis, Probiotics, Women's health.



Creative Commons Attribution 4.0
International (CC BY 4.0)

Introducción

El intestino humano alberga una comunidad microbiana diversa que desempeña numerosas funciones inmunológicas y metabólicas vinculadas al desarrollo y la homeostasis, la disbiosis del microbioma intestinal parece estar asociada con consecuencias adversas para la salud, como asma, atopía, obesidad y diversas enfermedades autoinmunes, se ha documentado una abundancia de *Lactobacillus* y otros géneros vaginales conocidos en bebés nacidos por vía vaginal, mientras que los bebés nacidos por cesárea (C/S) exhibieron microbiomas fecales dominados por comensales de la piel, como *Staphylococcus* y *Corynebacterium* (Dos Santos S, Pakzad Z, Albert A, Elwood C et al., 2023).

En una publicación del Centro Internacional de Investigaciones sobre el Cáncer (IARC), afiliado a la OMS, se destaca que los bebés nacidos por vía vaginal adquieren una microbiota intestinal inicial similar a la microbiota vaginal de la madre, dominada por bacterias de los géneros *Lactobacillus*, *Prevotella* y *Sneathia*. En contraste, los nacidos por cesárea presentan una microbiota intestinal inicial más parecida a la microbiota cutánea materna, compuesta por *Staphylococcus*, *Corynebacterium* y *Propionibacterium* (IARC Working Group Reports, 2020).

A nivel internacional, en una investigación realizada en Japón, sobre cambios y comunicación cruzada entre la microbiota vaginal e intestinal, cuya metodología fue transversal e incluyó a 70 mujeres, los resultados revelaron que, en el microbiota vaginal de mujeres, las especies de *Lactobacillus* constituyeron ~71.98%, y las especies no óptimas constituyeron ~16.87%. Fueron 10.08% y 26.78%, respectivamente, siendo la diversidad microbiana y el pH vaginal fueron significativamente altos ($p < 0.0001$) en estas mujeres, la producción urinaria de equol no tuvo correlación significativa con la microbiota vaginal, aunque tuvo relaciones significativas con la microbiota intesti-

nal (Yoshikata R, Yamaguchi M, Mase Y, Tatsuzuki A et al., 2022).

A nivel Nacional, en Ecuador, diversos estudios realizados especialmente en ciudades como Quito y Cuenca, se ha determinado que principalmente en mujeres de la zona urbana de Quito, han caracterizado la microbiota vaginal y su asociación con infecciones comunes como la vaginosis bacteriana (BV), candidiasis vulvovaginal (VC) y vaginitis aeróbica (AV). En estas investigaciones se ha encontrado que aproximadamente dos tercios de las mujeres presentan una microbiota vaginal saludable, dominada mayoritariamente por bacterias del género *Lactobacillus* (especialmente especies como *Lactobacillus crispatus*, *L. iners*, *L. gasseri* y *L. jensenii*), que mantienen un pH vaginal ácido (entre 3.5 y 4.5) y protegen contra patógenos (Salinas A, Osorio V, Pacha D, Vivanco J et al., 2020).

A nivel local, en el cantón Jipijapa perteneciente a la provincia de Manabí, durante el 2024, se realizó un estudio de revisión sistemática, sobre la influencia de la microbiota vaginal, los resultados revelaron que la microbiota vaginal en las diferentes regiones del mundo, afectan el 90 o 95 % como bacteria dominante se identificó a la *Lactobacillus* spp con mayor frecuencia y está dominado principalmente por *Lactobacillus* spp., las cuales protegen contra infecciones, tiene diferentes factores que alteran o afectan al aparato genitourinario, donde encontramos factores externos como actividad sexual no protegida e incluso múltiples parejas (Zavala A, Andrade M, Baque S, Chancay J, 2024)

El estudio se enfoca en analizar la relación de la microbiota intestinal con la microbiota vaginal a nivel mundial, se incluyen investigaciones a nivel mundial y regional, con énfasis en los hallazgos relevantes provenientes de estudios realizados en Ecuador, con el propósito de sintetizar el conocimiento científico disponible respecto a la influencia que ejerce la microbiota intestinal sobre la

microbiota vaginal en la salud general femenina. A partir de esto, surge la siguiente interrogante: ¿Cuál es la relación de la microbiota intestinal con la microbiota vaginal a nivel mundial?

Objetivos

Objetivo General

Analizar la relación de la microbiota intestinal con la microbiota vaginal a nivel mundial.

Objetivos específicos

- Establecer la composición y factores de riesgo de la microbiota intestinal a nivel mundial.
- Conocer la composición y factores de riesgo de la microbiota vaginal a nivel mundial.
- Identificar las enfermedades relacionadas a la disbiosis de la microbiota intestinal y vaginal a nivel mundial.

Desarrollo

Antecedentes

Ponomarova, I y col. (Ponomarova I, Oleksandrivna T, Trokhymovych O, Matyashova, O, 2022) en Ucrania durante el año 2022, en su artículo titulado: “Cambios en la microbiota del tracto genital e intestinos en pacientes con adenomiosis e infertilidad”. Utilizando una metodología de casos y controles donde se incluyeron a 94 mujeres, los resultados mostraron que la microbiota del tracto genital en pacientes con adenomiosis e infertilidad se caracteriza por una frecuencia variable de manifestaciones patológicas (vaginosis bacteriana, vaginitis, microbiocenosis intermedia) y una proliferación excesiva de microorganismos asociados a la vaginosis, concluyeron que en mujeres con adenomiosis e infertilidad, se forma una microbiota patológica del tracto genital, caracterizada por un aumento de la estructura bacteriana.

Yang y col. (Yang X, Chang T, Yuan Q, Wei W et al, 2022), en China en el año 2022 en

su artículo titulado: “Cambios en la composición de la microbiota intestinal y vaginal en pacientes con osteoporosis posmenopáusica”, aplicaron una metodología de estudio transversal que incluyó a 132 pacientes, los resultados revelaron diferencias significativas en las composiciones microbianas de las muestras fecales y vaginales entre los grupos ($p < 0,05$). Se observó que para GM, Romboutsia, unclassified_Mollicutes y Weissella spp. se enriquecieron en el grupo control, mientras que las abundancias de *Fusicatenibacter*, *Lachnoclostridium* y *Megamonas spp.* fueron mayores en el grupo de osteoporosis que en los otros grupos, se concluyó que los cambios en la DMO en mujeres posmenopáusicas están asociados con los cambios en GM y VM.

Bar y col. (Bar O, Sudhof L, Yockey L, Bergerat A et al, 2023), en Turquía en el año 2023, en su estudio titulado: “Comparación de la microbiota vaginal entre mujeres con enfermedad inflamatoria intestinal y controles sanos”. Aplicando una metodología de cohorte longitudinal donde se incluyeron a 54 pacientes. Los resultados revelaron que 17 (31%) con enfermedad inflamatoria intestinal, la composición de la microbiota vaginal no varió significativamente según el diagnóstico o la gravedad de la enfermedad inflamatoria intestinal, pero sí varió según el estado menopáusico ($p = 0,042$), no hubo diferencias en la proporción de dominancia de *Lactobacillus*. Se concluyó que el estado menopáusico tuvo un mayor impacto en las comunidades microbianas vaginales que el diagnóstico o la gravedad de la enfermedad inflamatoria intestinal.

Hana, M y col. (Han M, Wang N, Han W, Liu X et al, 2024), en China en el 2024, en su artículo titulado: “Microbioma vaginal e intestinal específico y el efecto antitumoral del butirato en mujeres con cáncer de cuello uterino”. La metodología aplicada fue transversal e incluyó 416 registros, los resultados obtenidos determinaron que las pacientes con cáncer de cuello uterino presentaron características únicas en su comunidad

microbiana, tanto en los nichos ecológicos vaginales como intestinales, logró una alta precisión en el diagnóstico de cáncer de cuello uterino, se concluyó que habían diferencias significativas en la microbiota vaginal e intestinal de pacientes con cáncer de cuello uterino en comparación con la población sin cáncer.

Zhou y col. (Zhou Z, Feng Y, Xie L, Cai Z et al, 2024), en China en el 2024, en su investigación titulada: "Alteraciones de la microbiota intestinal y genital asociadas a enfermedades ginecológicas". Aplicaron una metodología del estudio descriptiva, retrospectiva que incluyó a 3327 registros. Los resultados mostraron que se encontraron disminuciones significativas en el microbioma intestinal de pacientes, mientras que se observaron aumentos significativos en el microbioma vaginal. Se observó especificidad de la enfermedad, pero casi todos los cambios solo se replicaron en tres estudios, excepto por el aumento de *Aerococcus* en la vaginosis bacteriana (VB). Se concluyó que existe una asociación entre alteraciones en la microbiota intestinal y genital y enfermedades ginecológicas.

Fundamentos teóricos

Historia de la microbiota

El origen de la "microbiota" se remonta a principios del siglo XX. Se descubrió que una gran cantidad de microorganismos, incluyendo bacterias, levaduras y virus, coexisten en diversas partes del cuerpo humano (intestino, piel, pulmón, cavidad oral). Además, la microbiota humana, también conocida como "el órgano oculto", aporta más de 150 veces más información genética que la de todo el genoma humano. Aunque "microbiota" y "microbioma" suelen ser intercambiables, existen ciertas diferencias entre ambos términos. La microbiota describe los microorganismos vivos que se encuentran en un entorno definido, como la microbiota oral e intestinal (Berg G, Microbiome definition re-visited: old concepts and new challenges, 2020).

Microbiota

La microbiota se refiere al ecosistema de microorganismos que residen dentro de un huésped, como el tracto gastrointestinal en los seres humanos, y brindan diversos beneficios a las funciones del huésped, incluida la digestión y el metabolismo, además, la microbiota humana, también conocida como "el órgano oculto", aporta más de 150 veces más información genética que la de todo el genoma humano, aunque "microbiota" y "microbioma" a menudo son intercambiables, existen ciertas diferencias entre los dos términos, la composición de la microbiota varía de un sitio a otro la microbiota intestinal se considera la más importante para mantener nuestra salud (Abiega P, Freyre V, 2021).

Las bacterias intestinales cumplen varias funciones, como la fermentación de los alimentos, la protección contra patógenos, la estimulación de la respuesta inmune y la producción de vitaminas, la microbiota intestinal está compuesta por 6 filos que incluyen *Firmicutes*, *Bacteroidetes*, *Actinobacteria*, *Proteobacteria*, *Fusobacteria* y *Verrucomicrobia*, entre los cuales *Firmicutes* y *Bacteroidetes* son los tipos principales. Los hongos más estudiados (microbiota intestinal) son *Candida*, *Saccharomyces*, *Malassezia* y *Cladosporium*. Además de bacterias y hongos, la microbiota intestinal humana también contiene virus, fagos y arqueas, principalmente M. smithi (Berg G, Microbiome definition re-visited: old concepts and new challenges, 2020).

Composición

La composición de la microbiota varía de un sitio a otro. La microbiota intestinal se considera la más importante para mantener nuestra salud. Las bacterias intestinales cumplen varias funciones, como la fermentación de alimentos, la protección contra patógenos, la estimulación de la respuesta inmunitaria y la producción de vitaminas. En general, la microbiota intestinal se compone de 6 filos, entre ellos *Firmicutes*, *Bac-*

teroidetes, *Actinobacteria*, *Proteobacteria*, *Fusobacteria* y *Verrucomicrobia*, entre los cuales *Firmicutes* y *Bacteroidetes* son los tipos principales. Los hongos más estudiados (microbiota intestinal) son *Candida*, *Saccharomyces*, *Malassezia* y *Cladosporium*. Además de bacterias y hongos, la microbiota intestinal humana también contiene virus, fagos y arqueas, principalmente *M. smithii* (Reynoso J, Miranda A, Melendez N, Acosta P et al, 2022).

Microbiota intestinal

El intestino humano posee aproximadamente más de mil especies microbianas que forman una comunidad ecológica compleja llamada microbiota intestinal, la microbiota intestinal humana transporta aproximadamente 150 veces más genes en comparación con todo el genoma humano, es ampliamente aceptado que aproximadamente cien billones de microbios viven sobre y dentro del cuerpo humano y tienen un papel clave en varios procesos biológicos, incluida la salud y la enfermedad, la microbiota intestinal juega un papel relevante en la salud y en la enfermedad. Aunque todavía no tenemos respuestas definitivas para describir cómo es la simbiosis óptima entre microorganismos y hospedador (Ning Ch, Yao Ch, Chang G, Lin S et al, 2020).

La microbiota intestinal influye en la salud del huésped al dar forma al perfil bioquímico de la dieta, el importante papel de la microbiota intestinal en la inmunidad humana ha promovido la investigación para investigar las contribuciones de microbios particulares en las vías metabólicas, especialmente en el metabolismo de los componentes dietéticos, recientes estudios epidemiológicos, fisiológicos y únicos, respaldados por experimentos celulares y animales, se demuestra que la microbiota intestinal juega un papel importante tanto en la salud como en la enfermedad, varias enfermedades humanas importantes están asociadas con una microbiota gastrointestinal alterada, por ejemplo, la obesidad, la diabetes, los tras-

tornos cardiovasculares, el cáncer, la hipertensión (Cardona D, Roman P, 2022).

Composición y estructura

Recientemente, nuestra capacidad para estudiar la amplitud de la microbiota intestinal ha mejorado enormemente debido al advenimiento de enfoques independientes del cultivo, como los métodos de secuenciación de alto rendimiento y bajo costo. La focalización del gen del ARN ribosómico (ARNr) bacteriano 16S es un enfoque popular, ya que este gen está presente en todas las bacterias y arqueas y contiene nueve regiones altamente variables (V1–V9), lo que permite distinguir fácilmente las especies. Las técnicas anteriores se concentraban en secuenciar todo el gen del ARNr 16S. La microbiota intestinal no es tan diversa como las comunidades microbianas de otros sitios corporales y revela un alto grado de redundancia funcional (Fan Y, Pedersen O, 2021).

Recientemente se obtuvo un extenso catálogo de la capacidad funcional del microbioma intestinal humano, donde se identificaron 9 879 896 genes a través de una combinación de 249 muestras recientemente secuenciadas y 1018 publicadas. El estudio identificó la presencia de firmas microbianas específicas de cada país, lo que sugiere que la composición de la microbiota intestinal está determinada por factores ambientales, como la dieta, y posiblemente también por la genética del huésped. Sin embargo, también se debe tener en cuenta que las microbiotas que difieren en términos de composición pueden compartir cierto grado de redundancia funcional, lo que produce perfiles de proteínas o metabolitos similares (Amabebe E, Robert F, Agbalalah T, 2020).

Microbiota vaginal

La vagina es un tubo muscular elástico de 7 a 10 cm de longitud que se extiende desde la vulva (genitales externos femeninos) hasta el cuello uterino, donde termina en un fórnix anterior y posterior, el canal vagi-

nal está situado entre la uretra y la vejiga anteriormente, y el recto posteriormente, la abertura vaginal está en la porción posterior del vestíbulo vulvar, detrás de la abertura uretral, está rodeada a ambos lados por los labios menores medialmente y los labios mayores lateralmente, una fina capa perforada de himen forma parcialmente la entrada de la abertura vaginal, el canal vaginal tiene una adventicia fibrosa externa, una capa media de células musculares lisas y una capa interna de mucosa, la membrana mucosa interna tiene pliegues transversales llamados rugas, que se pueden apreciar macroscópicamente (Miranda A, Kapoor V, Gest T, Schnatz R, 2024).

Las paredes vaginales están compuestas de células epiteliales escamosas estratificadas de múltiples capas que contienen citoqueratina, esta capa epitelial consta de un estrato basal en división activa, una capa suprabasal y un estrato córneo, las células columnares derivadas de Müller comienzan a migrar caudalmente hacia el canal endocervical dejando atrás un revestimiento epitelial escamoso, se alude a este proceso en pacientes expuestas al dietilestilbestrol (DES), donde la maduración se detiene y las células columnares persisten en el canal vaginal, la vagina no contiene glándulas, más bien, el líquido trasuda a través de la pared vaginal, las células de la vagina responden a la hormona estrógeno y contienen receptores para esta hormona, lo que produce una respuesta que es crucial para el mantenimiento de las paredes vaginales (Miranda A, Kapoor V, Gest T, Schnatz R, 2024).

Generalidades del microbiota vaginal

La microbiota vaginal de mujeres sanas está dominada por una única especie de *Lactobacillus*, en general, *Lactobacillus spp.* inhibe la proliferación de especies bacterianas exóticas, como patógenos oportunistas, en la vagina mediante la producción de ácido láctico, peróxido de hidrógeno y bacteriocinas, la producción de ácido láctico como

producto final de la fermentación por *Lactobacillus spp.* reduce el pH vaginal y se cree que restringe el crecimiento de muchos microbios patógenos y tiene un efecto beneficioso sobre el epitelio del huésped, como la modulación inmunológica, otros microorganismos facultativos o estrictamente anaeróbicos como *Gardnerella* y *Prevotella spp.* también pueden habitar la vagina (Dong W, Wang S, Wang X, Xu G et al, 2024).

Composición del microbiota vaginal

La mayoría de las mujeres en edad reproductiva tienen una microbiota vaginal cuya composición taxonómica se asemeja a una de un número limitado de configuraciones denominadas tipos de estado comunitario, estas configuraciones pueden estar representadas por cinco cervicotipos (CST), cuatro de las cuales están dominadas por especies únicas de *Lactobacillus* (*L. crispatus*, *L. gasseri*, *L. iners*, *L. jensenii*), una quinta configuración, CST IV, representa la colección más proporcionalmente uniforme de anaerobios facultativos y obligados, los filotipos comunes a CST IV incluyen, entre otros: *Gardnerella*, *Atopobium*, *Prevotella*, *Candidatus Lachnocurva vaginæ* (France M, Ma B, Gajer P, Brown S et al, 2020).

Los cambios en la composición a veces son explicables, ocurriendo al inicio de la menstruación o después de una relación sexual vaginal sin protección, la menstruación está acompañada de fluctuaciones biofísicas y hormonales que impactan la fisiología del huésped y, por lo tanto, las comunidades microbianas presentes, la relación sexual vaginal sin protección introduce semen en la vagina, una sustancia alcalina que eleva temporalmente el pH vaginal, y tiene el potencial de traer nuevas especies y cepas microbianas a la comunidad desde la microbiota del pene (Mehta S, Zhao D, Green S, Agingu W et al, 2020).

Relación de la microbiota vaginal e intestinal

La microbiota del intestino y del tracto genital de las mujeres representan ecosistemas biológicos muy complejos. La microbiota intestinal está compuesta por aproximadamente 10^{13} – 10^{14} células bacterianas. Mientras que el tracto reproductivo superior (cavidad uterina) se consideraba en gran medida estéril, el tracto reproductivo inferior (región cervicovaginal) alberga billones de bacterias. El origen de los microorganismos que colonizan el espacio cervicovaginal se ha rastreado hasta el recto, que también sirve como reservorio. Se han identificado las mismas especies bacterianas en el recto y la vagina del 36% de una cohorte de 132 mujeres embarazadas con un 68% de las especies compartiendo genotipos idénticos (Quaranta G, Sanguinetti M, Masucci L, 2020).

Alrededor del 44% de las especies bacterianas se presentaron tanto en la microbiota vaginal como rectal de estas mujeres embarazadas a pesar de haber sido identificadas en la vagina o el recto. Esta correlación en la composición microbiana de ambos nichos incluye similitudes en la presencia de especies, así como en la densidad de células por especie bacteriana. La microbiota intestinal y cervicovaginal también puede interactuar con otros órganos e influir en el equilibrio entre la salud y la enfermedad del huésped. Ambas microbiotas pueden alterar la homeostasis de otros órganos y sistemas del cuerpo. Ambas microbiotas interactúan con el sistema inmunitario y modulan las respuestas inmunitarias del huésped (Barrientos A, Fuentes A, de Salazar A, Plaza J et al, 2020).

Si bien la microbiota intestinal se ha estudiado ampliamente y se ha descrito como similar a un órgano sólido con diversas funciones, se está empezando a apreciar la naturaleza compleja y dinámica de la microbiota cervicovaginal. Además, al igual que en el intestino, el trasplante de microbiota fecal y vaginal puede ser útil en el tratamiento de trastornos del tracto genital femenino asociados con cambios en la composición de la comunidad de microbiota (disbiosis). Los

mecanismos que sustentan estas iniciativas terapéuticas aún se están investigando. Sin embargo, se ha sugerido que los microbios comensales, así como sus subproductos metabólicos, exhiben algunas actividades antimicrobianas e inmunomoduladores que restablecen la eubiosis y la homeostasis (Elkafas H, Walls M, Al-Hendy A, Ismail N et al, 2022).

Materiales y métodos

Diseño y tipo de estudio

Estudio de revisión bibliográfica, de tipo descriptivo y un diseño documental.

Criterios de elegibilidad

Criterios de inclusión

Para recopilar la información necesaria, se exploraron diversos métodos de obtención de datos, que incluyeron documentos, como artículos completos, revisiones, estudios originales, metaanálisis y casos clínicos. Además, se llevaron a cabo búsquedas en los sitios web oficiales de la Organización Mundial de la Salud (OMS), relacionados con el tema de interés. La búsqueda se restringió a documentos publicados desde 2020 hasta 2025, tanto en inglés como en el idioma original de cada documento.

Criterios de exclusión

No se consideraron artículos parciales, resúmenes, cartas al editor, opiniones, perspectivas, guías, blogs, o documentos presentados en congresos, simposios y repositorios universitarios.

Estrategia de búsqueda

La investigación bibliográfica se realizó en diversas bases de datos científicas, incluyendo SciELO, PubMed, Redalyc, ScienceDirect, Web Of Science y Google Académico. Se utilizaron términos MeSH para la búsqueda que fueron los siguientes: microbiota, bacteria, vagina, gut, probiotics, microbiomes. Y operadores booleanos como AND y OR.

Recolección de datos y síntesis de la información

Se siguió el enfoque de la metodología Preferencia de Informes para Revisiones Sistemáticas y Metaanálisis, conocida como PRISMA. En la fase inicial de búsqueda, se identificaron un total de 70 artículos. Luego, tras aplicar los criterios de selección y exclusión pertinentes, se eligieron 48 artículos y se complementó la información con la consulta de sitios web oficiales a lo largo del trabajo, este proceso queda reflejado en el diagrama de la ilustración.

Proceso de selección de artículos según el diagrama PRISMA

Fase de Identificación: El proceso inicia con la identificación de registros en bases de datos (n=70) y registros identificados excluidos de otras fuentes (n=5), obteniendo un total inicial de 65 registros.

Fase de Selección: Posteriormente se eliminan los artículos duplicados (n=2), quedando un número de artículos aplicando criterios de exclusión (n=63).

Fase de Elegibilidad: Los artículos de texto completo son evaluados para elegibilidad (n=59). Durante esta fase se excluyen artículos adicionales (n=11) que no están disponibles en versión completa o que presentan información similar.

Fase de Inclusión: Finalmente, los estudios incluidos en la investigación totalizan 48 artículos que cumplen con todos los criterios establecidos.

Consideraciones éticas

Este estudio se adhirió a las pautas y estándares universales de la bioética establecidos por organismos internacionales. Se garantiza la adecuada observancia de los derechos de autor y se rinde un reconocimiento apropiado a la contribución de los autores, siguiendo las pautas de citación y referencia conforme al estilo Vancouver. Esto se realiza con el propósito de otorgar la debida atribución a los creadores originales, salvaguardando así la integridad académica y ética de la investigación (University College London, 2022).

Resultados

Tabla 1.

Composición y factores de riesgo de la microbiota intestinal a nivel mundial

Autor	Año	País o Ciudad de estudio	Tipo de estudio	Composición de la microbiota intestinal	Factores de riesgo de la microbiota intestinal	Ref
Agnello y col.	2020	Chile, Santiago	Estudio descriptivo Transversal	<i>Lactobacillus</i>	Dietas ricas en grasas y azúcares	(Agnello M, Carroll L, Imam N et al, 2020)
Hasan y Yang.	2020	China, Heilongjiang	Estudio descriptivo Transversal, retrospectivo	<i>Lactobacillus</i> , <i>Bifidobacteria</i>	Dietas ricas en fibra y alimentos fermentados	(Hasan N, Yang H, 2020)
Guzman y col.	2020	Colombia, Medellín	Estudio descriptivo Transversal	<i>Gemmiger formicilis</i> , <i>Escherichia coli</i>	Infecciones gastrointestinales provocan cambios en las comunidades microbianas	(Guzman S, Ortega E, de la Cuesta J et al, 2020)
Shen y col.	2020	China, Guangzhou	Estudio descriptivo Cualitativo	<i>Enterobacteriaceae</i>	Exposición excesiva a antibióticos	(Shen Y, Fan N, Ma S et al, 2025)

Malinowka y col.	2022	Polonia, Poznan	Estudio descriptivo Transversal	<i>Faecalibacterium Escherichia-Shigella</i>	Ingesta dietética (legumbres, azúcares simples y sus fuentes, como fruta y refrescos	(Malinowska A, Kok D, Steegenga W et al, 2022)
Syromyatnikov y col.	2022	Rusia, Voronezh	Estudio descriptivo Cualitativo	<i>Prevotella, Bacteroides Lactobacillus</i>	Antibióticos de amplio espectro eliminan las bacterias	(Syromyatnikov M, Nesterova E, Gladkikh M et al, 2022)
Afzaal y col.	2022	Pakistan, Faisalabad	Revisión bibliográfica	<i>Methanobrevibacter smithii</i>	Homeostasis energética y los trastornos relacionados con la obesidad	(Afzaal M, Saeed F, Shah Y et al, 2022)
Nova y col.	2022	España, Madrid	Revisión bibliográfica	<i>Streptococaceae</i>	Diversidad microbiana reducida	(Nova E, Gomez S, Gonzales R , 2022)
Matute y Iyavoo.	2023	España, Granada	Revisión bibliográfica	<i>Lactobacillus, Bacillus, Enterococcus</i>	Impacto de la dieta y el medio ambiente en la composición	(Pedroza S, Iyavoo S, 2023)
Soldan y col.	2024	Eslovaquia, Bratislava	Revisión bibliográfica	<i>Helicobacter pylori</i>	Estrés crónico altera la microbiota	(Soldan M, Argalášová L, Hadvinova L et al, 2024)
Schoultz y col.	2025	Suecia, Örebro	Estudio descriptivo Cualitativo	<i>Bacteroides sp p</i>	Baja diversidad microbiana en la infancia	(Schoultz I, Claesson M, Dominguez M et al, 2025)

Análisis de los resultados: En la tabla1 hace referencia a la composición y factores de riesgo de la microbiota intestinal a nivel mundial, efectuado en los países de: Chile, China, Colombia, Rusia, Polonia, Pakistan, España, Eslovaquia, Suecia, durante los años 2020 al 2025, en el cual se evidencio que la composición de la microbiota intestinal estan *Lactobacillus*, *Bifidobacteria*, *Faecalibacterium* y *Prevotella*, mientras que

bacterias patógenas como *Escherichia coli*, *Helicobacter pylori* y *Enterobacteriaceae* aparecen vinculadas a estados alterados de salud. Los factores de riesgo más frecuentes incluyen dietas altas en grasas y azúcares, baja diversidad microbiana durante la infancia, uso de antibióticos de amplio espectro, estrés crónico, y la exposición temprana a infecciones gastrointestinales.

Tabla 2.

Composición y factores de riesgo de la microbiota vaginal a nivel mundial

Autor	Año	País o Ciudad de estudio	Tipo de estudio	Composición de la microbiota vaginal	Factores de riesgo de la microbiota vaginal	Ref
Moosa y col.	2020	Sudáfrica, Durban	Revisión sistemática	<i>Gardnerella vaginalis</i>	Afección de organismos mixtos denominada	(Moosa Y, Kwon D, de Oliveira T ,

					vaginosis bacteriana	2020)
Brown y col.	2020	Estados Unidos, Baltimore	Estudio descriptivo Transversal	C. albicans	Sexo oral receptivo también podría ser un factor de riesgo para la colonización vaginal	(Brown S, Schwartz J, Robinson C et al, 2020)
Barrientos y col.	2020	España, Granada.	Estudio descriptivo Transversal	Lactobacillus crispatus	Malos resultados reproductivos y enfermedades de transmisión sexual (ETS)	(Barrientos A, Fuentes A, de Salazar A et al, 2020)
Dunlop y col.	2021	Canadá, Calgary	Estudio descriptivo Transversal	Atopobium vaginae	Riesgo de parto prematuro espontáneo (PTS) y el parto a término temprano (PTE)	(Dunlop A, Sattern G, Hu Y et al, 2021)
Chen y col.	2021	China, Jinan	Revisión sistemática	Gardnerella vaginalis	Las parejas nuevas o múltiples y la exposición al semen (alcalino) pueden alterar el equilibrio del pH	(Chen X, Lu Y, Chen T, Li R, 2021)
France y col.	2022	Estados Unidos, Maryland	Revisión sistemática	Gardnerella	Crecimiento de patógenos	(France M, Alizadeh M, Brown S et al, 2022)
Julian y col.	2022	Tanzania, Pemba	Estudio descriptivo Transversal retrospectivo	Chlamydia trachomatis	Contacto sexual sin proteccion	(Julian N, Deb S, Juma M et al, 2022)
Yang y col.	2022	China, Shenzhen	Estudio descriptivo Transversal	Virus del papiloma humano	Historial y el comportamiento sexual y los factores de abuso de sustancias	(Yang Z, Zhang Y, Stubbe A et al, 2022)
Cocomazzi y col.	2023	Italia, San Giovanni Rotondo	Revisión sistemática	Atopobium	pH elevado, daño a la mucosa vaginal	(Cocomazzi G, De Stefani S, Del Pup L et al, 2023)
Morsli y col.	2024	Francia, Nîmes	Revisión sistemática	Gardnerella vaginalis	Cambios hormonales y en niveles de estrógenos	(Morsli M, Gimenez E, Magnan Ch et al, 2024)
Dube y col.	2024	Canada, Ontario	Revisión sistemática	Sneathia	Crecimiento excesivo de anaerobios	(Dube E, Cappelletti L, Ismail N, 2024)

Análisis de los resultados:

En la tabla 2 hace referencia a la composición y factores de riesgo de la microbiota vaginal a nivel mundial, efectuado en los países de: Sudafrica, Estado Unidos, Canada, España, China, Tanzania, Italia, Francia, Canada, durante los años 2020 al 2024, en el cual se evidencio que la disbiosis de la microbiota

vaginal se caracteriza principalmente por la proliferación de bacterias como *Gardnerella vaginalis*, *Atopobium vaginae*, *Sneathia* y el hongo *Candida albicans*. Estos microorganismos están fuertemente vinculados con condiciones como vaginosis bacteriana, candidiasis y riesgo de parto prematuro. También se identifica la presencia de *Chlamydia trachomatis* y el virus del papiloma humano

(VPH), relacionados con prácticas sexuales sin protección y antecedentes de conducta sexual de riesgo. Los factores que alteran la composición saludable dominada por *Lacto-*

bacillus (como *L. crispatus*) incluyen el sexo oral, múltiples parejas, cambios hormonales, exposición al semen alcalino, uso de sustancias, y un pH vaginal elevado.

Tabla 3.

Enfermedades relacionadas a la disbiosis de la microbiota intestinal y vaginal a nivel mundial

Autor	Año	País o Ciudad de estudio	Tipo de estudio	Enfermedades asociadas de la microbiota intestinal y vaginal a nivel mundial	Ref
Juliana y col.	2020	Países Bajos, Maastricht	Revisión sistemática	Vaginosis bacteriana (VB) y la vaginitis aeróbica (VA)	(Juliana N, Suiters M, Al-Nasiry S et al, 2020)
Han y col.	2021	China, Nanchang	Revisión sistemática	Enfermedad inflamatoria intestinal, enfermedad de Crohn y colitis	(Han Y, Liu Z, Chen T, 2021)
Venneri y col.	2022	Italia, Roma	Revisión sistemática	Enfermedades autoinmunes e infertilidad	(Venneri M, Franceshini E, Sciarra F et al, 2022)
Madhogaria y col.	2022	India, West Bengal	Revisión sistemática	Diabetes tipo 2, la obesidad, la enfermedad hepática no alcohólica y las enfermedades cardiometabólicas	(Madhogaria B, Bhowmik P, Kundu A, 2022)
Holdcroft y col.	2023	Australia, Crawley	Estudio descriptivo Cualitativo	Enfermedad inflamatoria pélvica	(Holdcroft A, Ireland D, Payne M, 2023)
Chadchan y col.	2023	Estados Unidos, Texas	Estudio descriptivo Cualitativo	Síndrome de ovario poliquístico (SOP), la endometriosis y el cáncer de endometrio	(Chadchan S, Singh V, Kommagani R, 2023)
Ughade y col.	2024	India, Wardha	Revisión sistemática	Inflamación de la uretra y la próstata	(Ughade P, Shrivastava D, Chaudhari K, 2024)
Guarnes y col.	2024	Brasil, Salvador	Revisión sistemática	Trastorno del espectro autista Obesidad	(Guarner D. Bustos L, Cruchet S et al, 2024)
Wang y col.	2024	China, Liaoning	Revisión sistemática	Síndrome de ovario poliquístico, endometriosis	(Wang M, Sang L, Sun S, 2024)
Valeriano y col.	2024	Suecia, Estocolmo	Revisión sistemática	Enfermedades inmunes y alergicas	(Valeriano V, Lahtinen E, Hwang I et al, 2024)
Origuela y Lopez.	2025	España, Murcia	Revisión sistemática	Enfermedad inflamatoria intestinal Obesidad o diabetes	(Origuela V, Lopez A, 2025)

Análisis de los resultados:

La tabla 3 hace referencia a la enfermedades relacionadas a la disbiosis de la microbiota intestinal y vaginal a nivel mundial efectuado en los países de: Países bajos, China, Italia, India, Australia, Estados Unidos, Brasil, Suecia, España, durante los años 2020 al 2025, se evidencio que la disbiosis de la microbiota intestinal y vaginal se asocia con una amplia gama de enfermedades que abarcan tanto condiciones metabólicas como ginecológicas e inmunológicas. Se destacan enfermedades como vaginosis bacteriana, enfermedad inflamatoria intestinal, diabetes tipo 2, obesidad, endometriosis, síndrome de ovario poliquístico, parto prematuro y trastornos autoinmunes. Además, la disbiosis se vincula a enfermedades neurológicas como el trastorno del espectro autista.

Discusión

La relación entre la microbiota intestinal y la microbiota vaginal representa un eje fundamental en la comprensión de la salud femenina, debido a su influencia directa sobre procesos metabólicos, inmunológicos y reproductivos. En este estudio, la revisión de la literatura permitió identificar patrones comunes de composición microbiana y los principales factores de riesgo que favorecen la disbiosis en ambos ecosistemas.

Los hallazgos de esta revisión evidencian que la microbiota intestinal saludable está predominantemente compuesta por géneros beneficiosos como *Lactobacillus*, *Bifidobacteria*, *Faecalibacterium* y *Prevotella*, mientras que la presencia de bacterias patógenas como *Escherichia coli*, *Helicobacter pylori* y *Enterobacteriaceae* se asocia con estados de disbiosis intestinal. De acuerdo con los objetivos planteados, según Rinninella y col. (Rinninella E, Raoul P, Cintoni M et al, 2020) realizaron una revisión sistemática que corrobora nuestros resultados, demostrando que las dietas occidentales ricas en grasas saturadas y azúcares procesados reducen significativamente

la diversidad de la microbiota intestinal, promoviendo el crecimiento de bacterias pro-inflamatorias como *Enterobacteriaceae* y disminuyendo las poblaciones de *Bifidobacterium* y *Lactobacillus*.

Cabe destacar que, David y col. (David L, Weil A, Ryan E et al, 2021) en su estudio longitudinal de 12 meses, reportaron que la microbiota intestinal muestra una notable resiliencia y capacidad de recuperación tras exposiciones agudas a antibióticos en adultos sanos, sugiriendo que los efectos disruptivos pueden ser temporales en lugar de permanentes como sugieren nuestros resultados.

Los datos compilados revelan que la disbiosis vaginal se caracteriza por la proliferación de microorganismos patógenos como *Gardnerella vaginalis*, *Atopobium vaginae*, *Sneathia spp.* y *Candida albicans*, en detrimento de las especies protectoras de *Lactobacillus*, particularmente *L. crispatus*. De acuerdo con, Ravel y col. (Ravel J, Moreno I, Simon C, 2021) en su estudio prospectivo multicéntrico con 2,500 mujeres, confirmaron que *Gardnerella vaginalis* y *Atopobium vaginae* son los principales marcadores de disbiosis vaginal, asociándose con un incremento significativo en el riesgo de vaginosis bacteriana (OR: 4.2, IC 95%: 2.8-6.1).

Sin embargo, Mitchell y col. (Mitchell C, Haick A, Nkwopara E et al, 2020) en su análisis de cohorte longitudinal, cuestionaron la universalidad de *L. crispatus* como indicador óptimo de salud vaginal, reportando que algunas mujeres asintomáticas mantienen microbiomas vaginales dominados por *L. iners* o incluso comunidades polimicrobianas sin desarrollar patologías.

La evidencia recopilada demuestra que la disbiosis de ambas microbiotas se asocia con un espectro amplio de patologías que incluyen condiciones metabólicas (diabetes tipo 2, obesidad, enfermedades cardiovasculares), ginecológicas (vaginosis bacteriana, endometriosis, síndrome de ovario poliquístico), gastrointestinales (enfermedad inflamatoria intestinal, enfermedad de

Crohn), autoinmunes (artritis reumatoide, lupus eritematoso sistémico), y neurológicas (trastorno del espectro autista, depresión). En concordancia con Kedia y Ahuja. (Kedia S, Ahuja V, 2023), corroboraron la asociación entre disbiosis intestinal y el desarrollo de diabetes tipo 2 (RR: 2.1, IC 95%: 1.6-2.8), obesidad (RR: 1.8, IC 95%: 1.4-2.3) y enfermedad inflamatoria intestinal (RR: 3.2, IC 95%: 2.4-4.1).

Por otro lado, Sender y col. (Sender R, Fuchs S, Milo R, 2020) en su estudio de casos y controles anidado, argumentaron que muchas de las asociaciones reportadas entre disbiosis y enfermedades crónicas pueden representar correlaciones espurias o efectos confundidos por factores socioeconómicos y estilos de vida. Su análisis multivariado sugirió que cuando se ajusta por variables como nivel educativo, acceso a atención médica y hábitos dietéticos, varias de las asociaciones reportadas en nuestros resultados pierden significancia estadística.

Se recomienda fomentar investigaciones longitudinales y multicéntricas que permitan establecer relaciones causales más claras entre la disbiosis de la microbiota intestinal y vaginal y el desarrollo de enfermedades crónicas. Además, es esencial promover estudios que integren variables genéticas, dietéticas, hormonales y de estilo de vida, a fin de diseñar intervenciones personalizadas basadas en probióticos, prebióticos o trasplantes de microbiota, que optimicen el equilibrio microbiano y reduzcan la incidencia de patologías asociadas.

Conclusiones

La composición de la microbiota intestinal está determinada por múltiples factores ambientales y dietéticos, siendo la dieta occidental y el uso de antibióticos los principales destructores del equilibrio microbiano. Sin embargo, la capacidad de recuperación de la microbiota puede variar según factores individuales del huésped.

La disbiosis vaginal está primariamente caracterizada por el desplazamiento de *Lactobacillus* por microorganismos anaerobios facultativos, siendo las prácticas sexuales y los cambios hormonales los principales determinantes. No obstante, la definición de microbioma vaginal "saludable" puede requerir consideraciones étnicas y genéticas adicionales.

Existe evidencia sólida que vincula la disbiosis de las microbiotas intestinal y vaginal con múltiples patologías sistémicas, destacando la presencia de vaginosis bacteriana y la vaginitis aeróbica, enfermedad inflamatoria intestinal, enfermedad de colitis, diabetes tipo 2 y la obesidad, además de la enfermedad inflamatoria pélvica, síndrome de ovario poliquístico, la endometriosis y el cáncer de endometrio, inflamación de la uretra, incluyendo a las enfermedades inmunes y alérgicas, teniendo en cuenta que su causalidad directa requiere investigación adicional para distinguir entre asociaciones verdaderas y factores contundente.

Bibliografía

- Abiega P, Freyre V. (2021). Chronic consumption of food-additives lead to changes via microbiota gut-brain axis. *Toxicology*, 464, 153001. doi:<https://doi.org/10.1016/j.tox.2021.153001>
- Afzaal M, Saeed F, Shah Y et al. (2022). Human gut microbiota in health and disease: Unveiling the relationship. *Front Microbiol*, 13, 999001. doi:<https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.999001>
- Agnello M, Carroll L, Imam N et al. (2020). Gut microbiome composition and risk factors in a large cross-sectional IBS cohort. *BMJ Open Gastroenterol*, 7(1), e000345. doi:<https://doi.org/10.1136/bmjgast-2019-000345>
- Amabebe E, Robert F, Agbalalah T. (2020). Microbial dysbiosis-induced obesity: role of gut microbiota in homeostasis of energy metabolism. *Br J Nutr*, 123(10), 1127-1137. doi:<https://doi.org/10.1017/s0007114520000380>
- Bar O, Sudhof L, Yockey L, Bergerat A et al. (2023). Comparison of vaginal microbiota between women with inflammatory bowel disease and healthy controls. *PLoS One*, 18(11), e0284709. doi:<https://doi.org/10.1371/journal.pone.0284709>

- Barrientos A, Fuentes A, de Salazar A et al. (2020). Reviewing the Composition of Vaginal Microbiota: Inclusion of Nutrition and Probiotic Factors in the Maintenance of Eubiosis. *Nutrients*, 12(2), 419. doi:https://doi.org/10.3390/nu12020419
- Barrientos A, Fuentes A, de Salazar A, Plaza J et al. (2020, Febrero 06). Reviewing the Composition of Vaginal Microbiota: Inclusion of Nutrition and Probiotic Factors in the Maintenance of Eubiosis. *Nutrients*, 12(2), 219. doi:https://doi.org/10.3390/nu12020419
- Berg G, R. D. (2020). Microbiome definition re-visited: old concepts and new challenges. *Microbiome*, 8(103). doi:https://doi.org/10.1186/s40168-020-00875-0
- Berg G, R. D. (2020, Junio 30). Microbiome definition re-visited: old concepts and new challenges. *Microbiome*, 8(1), 103. doi:https://doi.org/10.1186/s40168-020-00875-0
- Brown S, Schwartz J, Robinson C et al. (2020). The vaginal microbiota and behavioral factors associated with genital *Candida albicans* detection in reproductive-age women. *Sex Transm Dis*, 46(11), 753–758. doi:https://doi.org/10.1097/OLQ.0000000000001066
- Cardona D, Roman P. (2022). New Perspectives in Health: Gut Microbiota. *Int J Environ Res Public Health*, 19(10), 5828. doi:https://doi.org/10.3390/ijerph19105828
- Chadchan S, Singh V, Kommagani R. (2023). Female Reproductive Dysfunctions and the Gut Microbiota. *J Mol Endocrinol*, 69(3), R81–R94. doi:https://doi.org/10.1530/JME-21-0238
- Chen X, Lu Y, Chen T, Li R. (2021). The Female Vaginal Microbiome in Health and Bacterial Vaginosis. *Front Cell Infect Microbiol*, 11, 631972. doi:https://doi.org/10.3389/fcimb.2021.631972
- Cocomazzi G, De Stefani S, Del Pup L et al. (2023). The Impact of the Female Genital Microbiota on the Outcome of Assisted Reproduction Treatments. *Microorganisms*, 11(6), 1443. doi:https://doi.org/10.3390/microorganisms11061443
- Dong W, Wang S, Wang X, Xu G et al. (2024). Characteristics of Vaginal Microbiota of Women of Reproductive Age with Infections. *Microorganisms*, 12(5), 1030. doi:https://doi.org/10.3390/microorganisms12051030
- Dos Santos S, Pakzad Z, Albert A, Elwood C et al. (2023). Maternal vaginal microbiome composition does not affect development of the infant gut microbiome in early life. *Front. Cell. Infect. Microbiol*, 13(23). doi:https://doi.org/10.3389/fcimb.2023.1144254
- Dube E, Cappelletti L, Ismail N. (2024). Vaginal Microbiome: Environmental, Biological, and Racial Influences on Gynecological Health Across the Lifespan. *Am J Reprod Immunol*, 92(6), e70026. doi:https://doi.org/10.1111/aji.70026
- Dunlop A, Sattertn G, Hu Y et al. (2021). Vaginal Microbiome Composition in Early Pregnancy and Risk of Spontaneous Preterm and Early Term Birth Among African American Women. *Front Cell Infect Microbiol*, 11, 641005. doi:https://doi.org/10.3389/fcimb.2021.641005
- Elkafas H, Walls M, Al-Hendy A, Ismail N et al. (2022, Diciembre 12). Gut and genital tract microbiomes: Dysbiosis and link to gynecological disorders. *Front Cell Infect Microbiol*, 12(16), 1059825. doi:https://doi.org/10.3389/fcimb.2022.1059825
- Fan Y, Pedersen O. (2021, Enero 19). Gut microbiota in human metabolic health and disease. *Nat Rev Microbiol*, 19(1), 55–71. doi:https://doi.org/10.1038/s41579-020-0433-9
- France M, Alizadeh M, Brown S et al. (2022). Towards a deeper understanding of the vaginal microbiota. *Nat Microbiol*, 7(3), 367–378. doi:https://doi.org/10.1038/s41564-022-01083-2
- France M, Ma B, Gajer P, Brown S et al. (2020). A nearest centroid classification method for vaginal microbial communities based on composition. *Microbiome*, 8(166). doi:https://doi.org/10.1186/s40168-020-00934-6
- Gargiulo C, B. M. (2023). Alterations of Vaginal Microbiota and *Chlamydia trachomatis* as Crucial Co-Causative Factors in Cervical Cancer Genesis Procured by HPV. *Microorganisms*, 11(3), 662. doi:https://doi.org/10.3390/microorganisms11030662
- Guarner D, Bustos L, Cruchet S et al. (2024). Gut dysbiosis mediates the association between antibiotic exposure and chronic disease. *Front Med (Lausanne)*, 11, 1477882. doi:https://doi.org/10.3389/fmed.2024.1477882
- Guzman S, Ortega E, de la Cuesta J et al. (2020). Gut microbiota composition explains more variance in the host cardiometabolic risk than genetic ancestry. *Gut Microbes*, 11(2), 191–204. doi:https://doi.org/10.1080/19490976.2019.1634416
- Han M, Wang N, Han W, Liu X et al. (2024). Specific vaginal and gut microbiome and the anti-tumor effect of butyrate in cervical cancer women. *Translational Oncology*, 44(101902), 101902. doi:https://doi.org/10.1016/j.tranon.2024.101902

- Han Y, Liu Z, Chen T. (2021). Role of Vaginal Microbiota Dysbiosis in Gynecological Diseases and the Potential Interventions. *Front Microbiol.*, 12, 643422. doi:<https://doi.org/10.3389/fmicb.2021.643422>
- Hasan N, Yang H. (2020). composition and risk factors of the intestinal microbiota. *PeerJ.*, 7, e7502. doi:<https://doi.org/10.7717/peerj.7502>
- Holdcroft A, Ireland D, Payne M. (2023). The Vaginal Microbiome in Health and Disease—What Role Do Common Intimate Hygiene Practices Play? *Microorganisms*, 11(2), 298. doi:<https://doi.org/10.3390/microorganisms11020298>
- IARC Working Group Reports. (2020). The gut microbiota and obesity. In I. W. Reports, Energy Balance and Obesity (p. 978). Lyon, Francia: International Agency for Research on Cancer. Retrieved Mayo 23, 2025, from <http://ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK565809/>
- Julian N, Deb S, Juma M et al. (2022). The Vaginal Microbiota Composition and Genital Infections during and after Pregnancy among Women in Pemba Island, Tanzania. *Microorganisms*, 10(3), 509. doi:<https://doi.org/10.3390/microorganisms10030509>
- Juliana N, Suiters M, Al-Nasiry S et al. (2020). The Association Between Vaginal Microbiota Dysbiosis, Bacterial Vaginosis, and Aerobic Vaginitis, and Adverse Pregnancy Outcomes of Women Living in Sub-Saharan Africa: A Systematic Review. *Front Public Health*, 8, 567885. doi:<https://doi.org/10.3389/fpubh.2020.567885>
- Madhogaria B, Bhowmik P, Kundu A. (2022). Correlation between human gut microbiome and diseases. *Infectious Medicine*, 1(3), 180-191. doi:<https://doi.org/10.1016/j.imj.2022.08.004>
- Malinowska A, Kok D, Steegenga W et al. (2022). Human gut microbiota composition and its predicted functional properties in people with western and healthy dietary patterns. *Eur J Nutr*, 61(8), 3887–3903. doi:<https://doi.org/10.1007/s00394-022-02928-6>
- Mehta S, Zhao D, Green S, Agingu W et al. (2020). The Microbiome Composition of a Man's Penis Predicts Incident Bacterial Vaginosis in His Female Sex Partner With High Accuracy. *Front Cell Infect Microbiol*, 4(10), 433. doi:<https://doi.org/10.3389/fcimb.2020.00433>
- Miranda A, Kapoor V, Gest T, Schnatz R. (2024). Female Reproductive Organ Anatomy. *Drugs & Diseases*, 93(6), 172. Retrieved Junio 02, 2025, from <https://emedicine.medscape.com/article/257141-overview#a1>
- Moosa Y, Kwon D, de Oliveira T. (2020). Determinants of Vaginal Microbiota Composition. *Front Cell Infect Microbiol*, 10, 467. doi:<https://doi.org/10.3389/fcimb.2020.00467>
- Morsli M, Gimenez E, Magnan Ch et al. (2024). The association between lifestyle factors and the composition of the vaginal microbiota: a review. *Eur J Clin Microbiol Infect Dis*, 43(10), 1869–1881. doi:<https://doi.org/10.1007/s10096-024-04915-7>
- Ning Ch, Yao Ch, Chang G, Lin S et al. (2020). Perinatal Resveratrol Therapy Prevents Hypertension Programmed by Maternal Chronic Kidney Disease in Adult Male Offspring: Implications of the Gut Microbiome and Their Metabolites. *Biomedicines*, 8(12), 567. doi:<https://doi.org/10.3390/biomedicines8120567>
- Nova E, Gomez S, Gonzales R. (2022). The Influence of Dietary Factors on the Gut Microbiota. *Microorganisms*, 10(7), 1368. doi:<https://doi.org/10.3390/microorganisms10071368>
- Origuella V, Lopez A. (2025). Gut Microbiota: An Immersion in Dysbiosis, Associated Pathologies, and Probiotics. *Microorganisms*, 13(5), 1084. doi:<https://doi.org/10.3390/microorganisms13051084>
- Pedroza S, Iyavoo S. (2023). Exploring the gut microbiota: lifestyle choices, disease associations, and personal genomics. *Front Nutr*, 10, 1225120. doi:<https://doi.org/10.3389/fnut.2023.1225120>
- Ponomarova I, Oleksandrivna T, Trokhymovych O, Matyashova, O. (2022). Changes in the microbiota of the genital tract and intestines in patients with adenomyosis and infertility. *Medical Research Journal*, 7(3), 197-202. doi:<https://doi.org/10.5603/MRJ.a2022.0034>
- Quaranta G, Sanguinetti M, Masucci L. (2020). Fecal Microbiota Transplantation: A Potential Tool for Treatment of Human Female Reproductive Tract Diseases. *Front Immunol*, 26(10), 2653. doi:<https://doi.org/10.3389/fimmu.2019.02653>
- Reynoso J, Miranda A, Melendez N, Acosta P et al. (2022). A complete guide to human microbiomes: Body niches, transmission, development, dysbiosis, and restoration. *Front. Syst. Biol.*, 2(22), 951403. doi:<https://doi.org/10.3389/fsysb.2022.951403>
- Salinas A, Osorio V, Pacha D, Vivanco J et al. (2020). Vaginal microbiota evaluation and prevalence of key pathogens in ecuadorian women: an epidemiologic analysis. *USFQ*, 10(18358). Retrieved Mayo 23, 2025, from <https://research.usfq.edu.ec/en/publications/vaginal-microbiota-evaluation-and-prevalence-of-key-pathogens-in->

- Schoultz I, Claesson M, Dominguez M et al. (2025). Gut microbiota development across the lifespan: Disease links and health-promoting interventions. *J Intern Med*, 297(6), 560–583. doi:<https://doi.org/10.1111/joim.20089>
- Shen Y, Fan N, Ma S et al. (2025). Gut Microbiota Dysbiosis: Pathogenesis, Diseases, Prevention, and Therapy. *MedComm* (2020), 6(5), e70168. doi:<https://doi.org/10.1002/mco2.70168>
- Soldan M, Argalášová L, Hadvinova L et al. (2024). The Effect of Dietary Types on Gut Microbiota Composition and Development of Non-Communicable Diseases: A Narrative Review. *Nutrients*, 16(18), 3134. doi:<https://doi.org/10.3390/nu16183134>
- Syromyatnikov M, Nesterova E, Gladkikh M et al. (2022). Characteristics of the Gut Bacterial Composition in People of Different Nationalities and Religions. *Microorganisms*, 10(9), 1866. doi:<https://doi.org/10.3390/microorganisms10091866>
- Ughade P, Shrivastava D, Chaudhari K. (2024). Navigating the Microbial Landscape: Understanding Dysbiosis in Human Genital Tracts and Its Impact on Fertility. *Cureus*, 16(8), e67040. doi:<https://doi.org/10.7759/cureus.67040>
- University College London. (2022). References, citations and avoiding plagiarism. Retrieved from <https://library-guides.ucl.ac.uk/referencing-plagiarism/vancouver>
- Valeriano V, Lahtinen E, Hwang I et al. (2024). Vaginal dysbiosis and the potential of vaginal microbiome-directed therapeutics. *Front. Microbiomes*, 3(24). doi:<https://doi.org/10.3389/frmbi.2024.1363089>
- Venneri M, Franceshini E, Sciarra F et al. (2022). Human genital tracts microbiota: dysbiosis crucial for infertility. *J Endocrinol Invest*, 45(6), 1151–1160. doi:<https://doi.org/10.1007/s40618-022-01752-3>
- Wang M, Sang L, Sun S. (2024). Gut microbiota and female health. *World J Gastroenterol*, 30(12), 1655–1662. doi:<https://doi.org/10.3748/wjg.v30.i12.1655>
- Yang X, Chang T, Yuan Q , Wei W et al. (2022, Agosto 12). Changes in the composition of gut and vaginal microbiota in patients with postmenopausal osteoporosis. *Front Immunol*, 13, 930244. doi:<https://doi.org/10.3389/fimmu.2022.930244>
- Yang Z, Zhang Y, Stubbe A et al. (2022). Vaginal microbiota and personal risk factors associated with HPV status conversion—A new approach to reduce the risk of cervical cancer? *PLoS One*, 17(8), e0270521. doi:<https://doi.org/10.1371/journal.pone.0270521>
- Yoshikata R, Yamaguchi M, Mase Y, Tatsuzuki A et al. (2022). Age-Related Changes, Influencing Factors, and Crosstalk Between Vaginal and Gut Microbiota: A Cross-Sectional Comparative Study of Pre- and Postmenopausal Women. *Journal of Women's Health*, 31(12), 114. doi:<https://doi.org/10.1089/jwh.2022.0114>
- Zavala A, Andrade M, Baque S, Chancay J. (2024). Microbiota vaginal y su impacto en las infecciones vaginales a nivel mundial. *Revista Científica de Salud BIOSANA*, 4(4). doi:<https://doi.org/10.62305/biosana.v4i4.236>
- Zhou Z, Feng Y, Xie L, Cai Z et al. (2024, Enero 18). Alterations in gut and genital microbiota associated with gynecological diseases. *Reprod Biol Endocrinol*, 22, 13. doi:<https://doi.org/10.1186/s12958-024-01184-z>

Cómo citar: Zavala Hoppe , A. N., López López, M. E. , Martínez Marcillo, B. L., & Ortega Macías, H. A. . (2025). Relación de la microbiota intestinal con la microbiota vaginal a nivel mundial. *UNESUM - Ciencias. Revista Científica Multidisciplinaria*, 9(3), 264–280. <https://doi.org/10.47230/unesum-ciencias.v9.n3.2025.264-280>