



# Comunicación. Gastroenterología, nutrición y obesidad

## Microbiota a los tres años: ¿es diferente en niños con exceso de peso respecto a normopesos?

Mercedes Sarmiento Martínez<sup>a</sup>, Julio César Alonso Lorenzo<sup>b</sup>, Diana Katherine Segura Ramírez<sup>c</sup>, Silvia Arbolea Montes<sup>d</sup>, Aida Zapico Linares<sup>e</sup>, Begoña Domínguez Aurrecoechea<sup>f</sup>

Publicado en Internet:  
26-mayo-2025

Mercedes Sarmiento Martínez:  
mercedes.pediatra@gmail.com

<sup>a</sup>CS La Corredoria. Oviedo. Asturias. España.

<sup>b</sup>Servicio de Salud del Principado de Asturias (SESPA). Oviedo. Asturias. España.

<sup>c</sup>CS Naranco. Oviedo. Asturias. España.

<sup>d</sup>Instituto de Productos Lácteos de Asturias (IPLA-CSIC). Oviedo. Asturias. España.

<sup>e</sup>Área de Fisiología. Departamento de Biología Funcional. Oviedo. Asturias. España.

<sup>f</sup>Instituto de Investigación Sanitaria del Principado de Asturias (ISPA). Oviedo. Asturias. España.

### INTRODUCCIÓN Y OBJETIVOS

La microbiota intestinal es un factor de riesgo para el desarrollo del exceso de peso (EP). Existen tratamientos para la obesidad con diana en la microbiota intestinal. La microbiota de los lactantes es muy dinámica y se estabiliza en torno a los 3 años, edad en la que observamos un aumento del EP. El objetivo de este estudio es identificar las alteraciones en la composición de la microbiota intestinal de los niños de 3 años de edad con EP, evaluar el potencial papel predictor de la microbiota en la evolución del EP.

### MATERIAL Y MÉTODOS

Estudio de casos y controles (desde 2022 hasta 2023). Proyecto con financiación pública. Población diana: niños/as de 3 años. Selección aleatoria de casos y controles en las consultas de Pediatría de Atención Primaria. Participantes, con indicadores antropométricos de EP ( $Z$  score  $>1$ ) y normopeso ( $Z$  score  $<1$ ). El análisis de la microbiota fecal se realizó determinando los niveles de ácidos grasos de cadena corta mediante cromatografía de gases y un estudio metataxonómico (perfiles de genes del ARNr16S) de la microbiota fecal. Se emplearon técnicas de análisis discriminante lineal, principalmente LEfSe, para identificar los grupos microbianos discriminantes entre los EP y los normopesos; se utilizaron modelos de regresión para valorar las relaciones entre las variables estudiadas.

### RESULTADOS

Muestra total: 44 (26 niños y 18 niñas); 20 controles con normopeso y 24 casos con exceso de peso; de entre ellos: 16

riesgo de sobrepeso ( $Z$  score  $>1$  y  $<2$ ); 8 sobrepeso ( $Z$  score  $>2$  y  $<3$ ) y ninguno obesidad ( $Z$  score  $>3$ ).

En el análisis de la microbiota de la cohorte estudiada se identificaron 225 *genus*, 74 *family*, 12 *phylum* y 6 ácidos grasos de cadena corta.

No se encontraron diferencias significativas en la microbiota de los niños con exceso de peso y los niños con normopeso (Figura 1).

### CONCLUSIONES

En el estudio no se ha constatado la existencia de diferencias significativas en la composición de la microbiota.

El resultado obtenido puede deberse al pequeño tamaño de la muestra o a que a la edad (3 años) de la muestra aún no se expresan los cambios “clave” en la microbiota relacionados con la obesidad. Se necesitan más estudios, con mayor tamaño muestral o de diseño longitudinal que permitan ver variaciones en la microbiota y predecir su efecto sobre la obesidad. Consideramos que este campo de investigación es muy relevante de cara a la prevención y manejo de la obesidad infantil desde nuestras consultas.

### CONFLICTO DE INTERESES

Los autores declaran no presentar conflictos de intereses en relación con la preparación y publicación de este artículo.

### ABREVIATURAS

EP: exceso de peso.

**Cómo citar este artículo:** Sarmiento Martínez M, Alonso Lorenzo JC, Segura Ramírez DK, Arbolea Montes S, Zapico Linares A, Domínguez Aurrecoechea B. Microbiota a los tres años: ¿es diferente en niños con exceso de peso respecto a normopesos? Rev Pediatr Aten Primaria Supl. 2025;(34):e114-e115.

Figura 1. Diagrama de barras que muestra las abundancias relativas (%) de los distintos géneros bacterianos presentes en las heces de los dos grupos de niños en estudio

