



<https://doi.org/10.24245/gom.v94id.11260>

Microbiota materna en el embarazo y desenlaces obstétricos y neonatales: revisión narrativa sistematizada

Maternal microbiota in pregnancy and obstetric and neonatal outcomes: a systematic narrative review.

Néstor Casillas Vega,¹ Soraya Mendoza Olazarán²

Resumen

OBJETIVO: Describir la evidencia disponible referente a la microbiota materna vaginal e intestinal durante el embarazo y su relación con los desenlaces obstétricos y neonatales, en un campo con información creciente, aunque aún heterogénea.

METODOLOGÍA: Revisión narrativa de la bibliografía con metodología sistematizada. La búsqueda se llevó a cabo en PubMed/MEDLINE, Scopus, Web of Science y Google Scholar, e incluyó estudios publicados entre 2015 y 2025. La síntesis de la evidencia fue cualitativa. No se efectuó metanálisis debido a la heterogeneidad metodológica de los estudios incluidos. Se usaron términos relacionados con microbiota materna, embarazo y desenlaces perinatales. Se incluyeron estudios observacionales con información clínica relevante en mujeres embarazadas. La selección se hizo mediante revisión de títulos, resúmenes y textos completos, con base en su pertinencia y calidad metodológica.

RESULTADOS: Se identificaron 312 artículos. Después de eliminar duplicados y aplicar el proceso de selección, en la síntesis final se incluyeron 45 estudios. Gran parte correspondieron a estudios observacionales. La disbiosis de la microbiota vaginal se asoció con mayor riesgo de parto pretérmino e infecciones obstétricas. Las alteraciones de la microbiota intestinal se vincularon con procesos inflamatorios y metabólicos, en especial con diabetes gestacional. Asimismo, la vía de nacimiento y la lactancia materna influyeron en la colonización microbiana neonatal.

CONCLUSIÓN: La microbiota materna vaginal e intestinal parece desempeñar un papel relevante en los desenlaces materno-fetales. No obstante, la evidencia disponible es heterogénea y tiene limitaciones metodológicas. Por ello, se requieren estudios prospectivos debidamente diseñados que permitan esclarecer su utilidad en la práctica clínica.

PALABRAS CLAVE: Microbiota; embarazo; parto pretérmino; microbiota vaginal; recién nacido.

Abstract

OBJECTIVE: To summarise the available evidence on maternal vaginal and gut microbiota during pregnancy and its association with obstetric and neonatal outcomes. This field of research has generated an increasing body of evidence, although the available data remain heterogeneous.

METHODS: A narrative literature review was conducted using a systematic approach. Searches were performed in PubMed/MEDLINE, Scopus, Web of Science and Google

¹ Doctor en Ciencias, especialista en Microbiología, profesor titular del Departamento de Patología clínica, Facultad de Medicina, Universidad Autónoma de Nuevo León, Monterrey.

² Doctora en Ciencias, especialista en Microbiología, profesora de asignatura del Departamento de Ciencias de la Salud, Universidad del Valle de México, Campus Cumbres, Monterrey, Nuevo León.

ORCID

<https://orcid.org/0000-0003-2242-9126>
<https://orcid.org/0000-0001-5649-4810>

Recibido: abril 2026

Aceptado: junio 2026

Correspondencia

Néstor Casillas Vega
ncasillasv@uanl.edu.mx

Este artículo debe citarse como:
Casillas-Vega N, Mendoza-Olazarán S. Microbiota materna en el embarazo y desenlaces obstétricos y neonatales: revisión narrativa sistematizada. Ginecol Obstet Mex 2026; 94: e11260. <https://doi.org/10.24245/gom.v94id.11260>

Scholar for studies published between 2015 and 2025. The evidence was synthesized qualitatively; no meta-analysis was performed because of the methodological heterogeneity of the included studies. Search terms related to maternal microbiota, pregnancy and perinatal outcomes were used. Relevant observational studies reporting clinical data in pregnant women were included. Study selection was based on the assessment of titles, abstracts and full-text articles, considering relevance and methodological quality.

RESULTS: A total of 312 articles were identified. After duplicate removal and application of the selection criteria, 45 studies were included in the final synthesis. Most were observational studies. Vaginal microbiota dysbiosis was associated with an increased risk of preterm birth and obstetric infections. Alterations in the gut microbiota were linked to inflammatory and metabolic pathways, particularly in relation to gestational diabetes mellitus. In addition, mode of delivery and breastfeeding were found to influence neonatal microbial colonisation.

CONCLUSION: Maternal vaginal and gut microbiota appear to play an important role in maternal, fetal and neonatal outcomes. However, the available evidence remains heterogeneous and is limited by methodological constraints. Well-designed prospective studies are therefore needed to clarify their potential clinical utility.

KEYWORDS: Microbiota; Pregnancy; Preterm birth; Vaginal microbiota; Newborn.

ANTECEDENTES

El embarazo es un proceso fisiológico complejo. Incluye adaptaciones hormonales, inmunológicas y metabólicas en el organismo materno. El estudio de la salud materno-fetal se ha enfocado en factores genéticos, ambientales y nutricionales. En años recientes aumentó el interés por las comunidades microbianas del cuerpo humano, denominadas microbiota. También se ha analizado su posible papel en la evolución del embarazo y en el desarrollo temprano del recién nacido.^{1,2}

Durante la gestación, la microbiota materna muestra cambios vinculados con la adaptación del organismo a este estado fisiológico.³ Entre los distintos nichos microbianos, los ambientes vaginal e intestinal han recibido mayor atención. Su relevancia deriva de su posible relación con desenlaces obstétricos y neonatales.^{1,4}

En condiciones normales, el ecosistema vaginal se caracteriza por el predominio de especies del género *Lactobacillus*. Estas bacterias producen ácido láctico y conservan un ambiente ácido. Esta condición limita la proliferación de microorganismos potencialmente patógenos.⁵ La pérdida de este equilibrio puede originar disbiosis, incluida la vaginosis bacteriana. Estos estados se han vinculado con parto pretérmino, rotura prematura de membranas e infecciones intrauterinas.⁶

El parto pretérmino sigue siendo uno de los principales problemas de salud perinatal en el mundo. Cerca del 10% de los nacimientos ocurre antes de las 37 semanas de gestación lo que se relaciona con mayor mortalidad neonatal y con secuelas a largo plazo: alteraciones neurológicas y metabólicas. La prematuridad también genera una carga para los sistemas de salud debido a la necesidad de cuidados intensivos neonatales y seguimiento prolongado.^{7,8}



La microbiota intestinal materna parece intervenir en la regulación metabólica e inmunológica durante el embarazo.⁹ Los cambios en su diversidad y composición se han relacionado con diabetes gestacional. También se han asociado con procesos inflamatorios implicados en otras complicaciones obstétricas.¹⁰ Desde una perspectiva biológica, ciertos microorganismos intestinales participan en el metabolismo energético, la respuesta inmunitaria y la producción de metabolitos con posible efecto en la gestación.¹¹

La microbiota materna también participa en la colonización microbiana inicial del recién nacido.¹² Durante el parto y la lactancia ocurre la transferencia de microorganismos de la madre al neonato. Este proceso contribuye al establecimiento de la microbiota intestinal y al desarrollo inmunológico temprano.¹³ En contraste, el nacimiento por cesárea y la exposición perinatal a antibióticos pueden modificar esa colonización.¹⁴ El término microbiota se refiere a las comunidades de microorganismos que habitan un nicho anatómico específico. El microbioma corresponde al conjunto de microorganismos, su material genético y sus funciones metabólicas. Este término se utiliza, sobre todo, en estudios moleculares o metagenómicos.

Pese al aumento de investigaciones en este campo, la evidencia disponible es heterogénea. Las diferencias entre poblaciones, metodologías de caracterización microbiana y desenlaces evaluados dificultan la comparación de resultados. Además, limitan su aplicación clínica.⁷

La integración y el análisis crítico de la información disponible pueden contribuir a comprender el papel de la microbiota materna en la salud materno-fetal. Por ello, esta revisión describe la evidencia disponible referente a la microbiota materna vaginal e intestinal durante el embarazo y su relación con los desenlaces obstétricos y neonatales, en un campo con información creciente, aunque aún heterogénea.

METODOLOGÍA

Se efectuó una revisión narrativa de la bibliografía científica con metodología sistematizada. Se siguieron las recomendaciones de la guía PRISMA 2020¹⁵ para fortalecer la transparencia en la búsqueda, el cribado y el informe de las publicaciones seleccionadas. Debido a la variabilidad metodológica de los trabajos analizados y al carácter cualitativo de la síntesis, este manuscrito no corresponde a una revisión sistemática con metaanálisis. El protocolo se registró previamente en PROSPERO (*International Prospective Register of Systematic Reviews*), con el identificador CRD420251150871, disponible en: <https://www.crd.york.ac.uk/prosperto/>. El registro se completó antes de concluir la extracción y el análisis de los artículos incluidos. No hubo cambios sustanciales al protocolo original durante el desarrollo de esta revisión.

La pregunta de investigación se estructuró mediante el modelo PICO. La población incluyó mujeres embarazadas y sus recién nacidos. La intervención o exposición correspondió a la composición del perfil microbiano materno, en particular vaginal e intestinal. La comparación consideró perfiles microbianos normales frente a estados de disbiosis. Los desenlaces incluyeron resultados obstétricos y neonatales: parto pretérmino, infecciones maternas, diabetes gestacional, preeclampsia y patrones de colonización microbiana neonatal.

Los criterios de elegibilidad incluyeron estudios originales que evaluaran la relación entre microbiota materna y resultados obstétricos o neonatales. Se aceptaron diseños observacionales, sobre todo cohortes, investigaciones de casos y controles, y trabajos transversales. También se consideraron publicaciones en mujeres embarazadas cuando el ecosistema vaginal o intestinal se hubiera evaluado mediante cultivo microbiológico o técnicas moleculares. Además, debían informar su asociación con resultados clínicos maternos o neonatales.

Se excluyeron reportes de caso, cartas al editor, estudios en modelos animales, publicaciones duplicadas y artículos sin acceso a texto completo. También se excluyeron trabajos con datos insuficientes para el análisis. Como apoyo conceptual y contextual para la discusión, se consideraron revisiones narrativas y artículos de actualización. Estos documentos no formaron parte de la síntesis principal de evidencia clínica. Tampoco se contabilizaron entre las investigaciones originales incluidas ni se valoraron mediante la Newcastle-Ottawa Scale.

La búsqueda bibliográfica se llevó a cabo en PubMed/MEDLINE, Scopus y Web of Science. Se complementó con Google Scholar e incluyó publicaciones difundidas entre enero de 2015 y diciembre de 2025, en inglés y español. Este periodo se eligió por la expansión de técnicas moleculares de alta resolución. Entre ellas destacan la secuenciación del gen 16S del ácido ribonucleico ribosómico, la metagenómica y otras herramientas avanzadas de caracterización del microbioma. Estas técnicas se aplican al estudio de las comunidades microbianas maternas durante el embarazo.

La estrategia de búsqueda se estructuró con términos MeSH (*Medical Subject Headings*) y palabras clave relacionadas con comunidades microbianas maternas y gestación. Se incluyeron los siguientes términos: “microbiota”, “microbiome”, “pregnancy”, “pregnant women”, “vaginal microbiota”, “gut microbiota”, “intestinal microbiota”, “preterm birth”, “gestational diabetes”, “preeclampsia”, “obstetric outcomes” y “neonatal outcomes”.

Los términos se combinaron mediante los operadores booleanos AND y OR. En PubMed/MEDLINE se utilizó la siguiente estrategia general: (“microbiota” OR “microbiome”) AND (“pregnancy” OR “pregnant women”) AND (“vaginal microbiota” OR “gut microbiota” OR “intestinal microbiota”) AND (“preterm birth”

OR “gestational diabetes” OR “preeclampsia” OR “obstetric outcomes” OR “neonatal outcomes”).

Además, se hicieron consultas complementarias en Scopus, Web of Science y Google Scholar. Los detalles completos de la estrategia aplicada en cada base de datos se incluyen en el Anexo 1. Allí se especifican términos, filtros y registros recuperados.

Se efectuó un rastreo manual en las referencias de los artículos seleccionados para identificar trabajos relevantes no recuperados en la búsqueda inicial. Google Scholar se usó como herramienta complementaria para localizar bibliografía científica no detectada en las principales bases biomédicas y para revisar referencias. Debido al elevado volumen de resultados, se examinaron los primeros 200 registros ordenados por relevancia. **No se incluyó** literatura gris no indexada, tesis ni resúmenes de congresos.

Los registros recuperados se organizaron con métodos de gestión bibliográfica. Después se eliminaron las referencias duplicadas. Dos revisores seleccionaron los trabajos de forma independiente mediante evaluación de títulos, resúmenes y textos completos. Las discrepancias se resolvieron por consenso entre los investigadores.

Los artículos potencialmente elegibles se revisaron a texto completo. Esta etapa permitió verificar el cumplimiento de los criterios de inclusión y exclusión. Las principales causas de exclusión fueron ausencia de resultados obstétricos o neonatales relevantes, datos insuficientes para análisis comparativo, falta de evaluación de microbiota materna, diseño no elegible y publicación fuera del periodo definido.

La extracción de datos se efectuó con un formato estandarizado. Se recopiló información de los autores, año de publicación, país, diseño del estudio, características de la población, métodos



de análisis microbiológico y resultados obstétricos o neonatales evaluados.

La calidad metodológica y el riesgo de sesgo de los estudios observacionales incluidos se evaluaron mediante la Newcastle-Ottawa Scale. Se consideraron los dominios de selección de participantes, comparabilidad entre grupos y valoración de desenlaces. Dos revisores hicieron la evaluación de forma independiente. Las diferencias se resolvieron por consenso.

De acuerdo con esta valoración, gran parte de los estudios mostró calidad metodológica moderada a alta. Sin embargo, se identificaron limitaciones relacionadas con heterogeneidad poblacional, variabilidad en las técnicas de análisis microbiológico y diferencias en los resultados obstétricos y neonatales evaluados.

Los desenlaces obstétricos considerados fueron: parto pretérmino, rotura prematura de membranas, infecciones genitales, preeclampsia y diabetes gestacional. Entre los desenlaces neonatales se evaluaron: semanas de gestación al nacimiento, peso al nacer, ingreso a unidades de cuidados intensivos neonatales y patrones de colonización microbiana temprana.

Esta revisión se basó solo en información publicada. Por ello, no implicó participación directa de seres humanos ni acceso a datos identificables. Se condujo conforme a principios éticos de la investigación científica.

RESULTADOS

Los hallazgos se organizaron según los principales desenlaces obstétricos y neonatales descritos en la bibliografía científica disponible. Se consideraron la microbiota vaginal, intestinal y materno-neonatal. La síntesis principal incluyó, de forma predominante, estudios observacionales, como cohortes prospectivas, estudios de casos y controles, y estudios transversales. Las revisiones

narrativas citadas en los cuadros se usaron solo como apoyo contextual. No formaron parte de la síntesis principal de evidencia clínica.

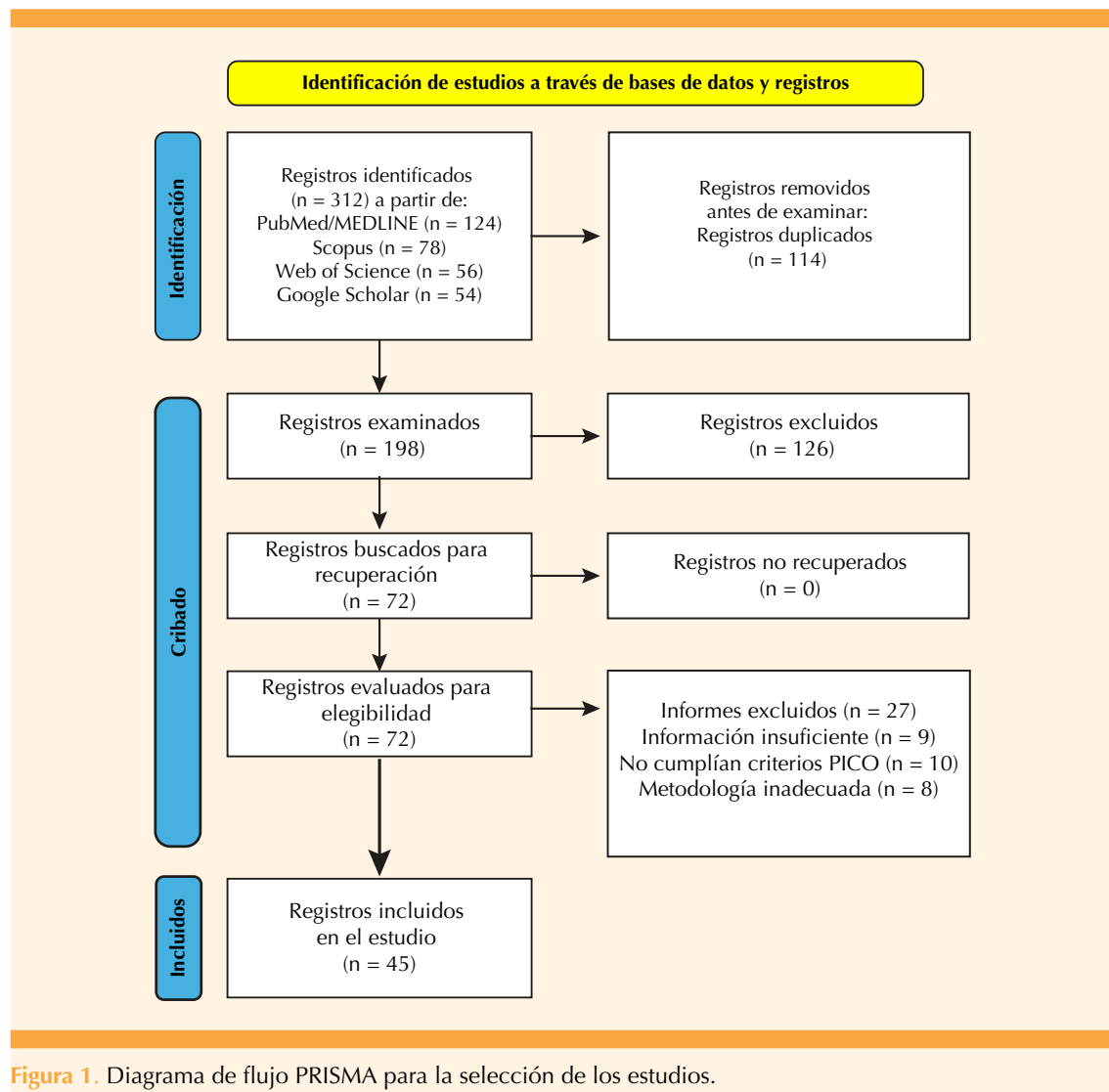
De acuerdo con la estrategia de búsqueda y el proceso de selección descritos, se identificaron inicialmente 312 artículos en las bases consultadas. Luego de eliminar duplicados, se evaluaron 198 registros mediante revisión de título y resumen. Posteriormente, se analizaron a texto completo 72 artículos; de estos, 45 cumplieron los criterios de inclusión y se incorporaron en la síntesis cualitativa.

Los estudios más relevantes y representativos se describen y citan en el texto y en los cuadros correspondientes. El proceso de identificación, cribado, elegibilidad e inclusión se muestra en la **Figura 1**.

Características generales de los estudios incluidos

Los estudios incluidos correspondieron, principalmente, a diseños observacionales. Entre ellos se identificaron cohortes, estudios de casos y controles, y estudios transversales. Las investigaciones procedieron de distintas regiones geográficas, sobre todo de América, Europa y Asia. Esto permitió integrar evidencia de contextos epidemiológicos diversos.

Las poblaciones analizadas incluyeron mujeres embarazadas en distintos trimestres de la gestación y a sus recién nacidos. El tamaño de muestra fue variable. Algunos trabajos incluyeron menos de 100 participantes. Otros evaluaron cohortes con varios cientos de casos. Para caracterizar la microbiota se emplearon cultivo microbiológico convencional, secuenciación del gen 16S del ácido ribonucleico ribosómico, reacción en cadena de la polimerasa cuantitativa y análisis metagenómicos. Estas diferencias metodológicas constituyen una fuente relevante de heterogeneidad.



Las principales características de los trabajos incluidos se resumen en el **Cuadro 1**. Estas comprenden diseño, población, tipo de microbiota evaluada y desenlaces analizados. En el **Cuadro 2**

se incluyen investigaciones representativas publicadas entre 2015 y 2025. Estos estudios son relevantes para el conocimiento de la microbiota materna y los desenlaces obstétricos y neonatales.

**Cuadro 1.** Características generales de los estudios incluidos.

Variable	Características detalladas
Regiones geográficas	América (Estados Unidos, Latinoamérica), Europa (Reino Unido, España, países nórdicos) y Asia (China, Japón); predominio de estudios en países de altos ingresos
Diseño de los estudios	Cohortes prospectivas y retrospectivas, estudios de casos y controles y estudios transversales.
Tamaño de muestra	Variable, desde menos de 100 hasta más de 800 participantes; la mayoría entre 100 a 400 mujeres embarazadas
Población de estudio	Mujeres embarazadas en diferentes trimestres de gestación
Momento de evaluación	Primer, segundo y tercer trimestre; algunos estudios longitudinales evaluaron cambios a lo largo del embarazo
Tipo de microbiota evaluada	Vaginal, intestinal, y en menor proporción estudios combinados vaginal-intestinal
Métodos de caracterización microbiológica	Cultivo microbiológico convencional, PCR cuantitativa, secuenciación del gen 16S rRNA y metagenómica shotgun
Nivel de resolución microbiológica	Identificación a nivel de filo, género y en algunos estudios a nivel de especie bacteriana
Principales microorganismos descritos	<i>Lactobacillus</i> spp., <i>Gardnerella vaginalis</i> , <i>Atopobium vaginae</i> , <i>Prevotella</i> spp., <i>Collinsella</i> , <i>Desulfovibrio</i> , <i>Faecalibacterium prausnitzii</i>
Clasificación microbiológica utilizada	En microbiota vaginal: estados comunitarios; en microbiota intestinal: diversidad alfa y beta, abundancia relativa
Desenlaces obstétricos evaluados	Parto pretérmino, rotura prematura de membranas, infecciones intrauterinas, corioamnionitis, preeclampsia y diabetes gestacional
Desenlaces neonatales evaluados	Edad gestacional al nacimiento, peso al nacer, ingreso a unidad de cuidados intensivos neonatales, colonización microbiana temprana
Factores moduladores analizados	Indicación de antibióticos, tipo de parto (vaginal vs cesárea), dieta materna, índice de masa corporal, edad de la madre
Tipo de análisis estadístico	Modelos de regresión, análisis de asociación, comparación de diversidad microbiana; heterogeneidad en los métodos analíticos
Hallazgos principales	Asociación entre disbiosis vaginal y parto pretérmino; relación entre microbiota intestinal alterada y diabetes gestacional; influencia de la microbiota materna en la colonización neonatal
Principales limitaciones identificadas	Variabilidad en técnicas microbiológicas, diferencias en definición de desenlaces, diseño observacional predominante
Aplicabilidad clínica	Potencial relevancia para estratificación de riesgo obstétrico y desarrollo de intervenciones basadas en microbiota

Calidad metodológica y riesgo de sesgo

La calidad metodológica fue, en general, moderada a alta. Gran parte de los estudios definió de manera adecuada la población y los desenlaces. Sin embargo, se identificaron limitaciones en el

control de factores de confusión y en los métodos utilizados para caracterizar la microbiota. Además, la variabilidad en los diseños y en las poblaciones dificultó la comparación directa de los resultados. Estos aspectos deben considerarse al interpretar los hallazgos de esta revisión.

Cuadro 2. Estudios originales incluidos y revisiones de apoyo contextual publicados entre 2015 y 2025 relacionados con microbiota materna y desenlaces obstétricos y neonatales. (continúa en la siguiente página)

Autor	Año	País / ámbito	Diseño / tipo de estudio	Tipo de microbiota	Hallazgo principal	Ref
Robertson RC et al.	2019	Reino Unido / revisión global	Revisión narrativa	Materna–infantil	La microbiota temprana influye en el crecimiento y la programación de la salud infantil	2
Sinha T et al.	2023	Revisión internacional	Revisión narrativa	Intestinal	La microbiota intestinal materna participa en la salud materna e infantil	4
Fettweis JM et al.	2019	EUA	Cohorte	Vaginal	La composición de la microbiota vaginal se asoció con riesgo de parto pretérmino	6
Bayar E et al.	2020	Reino Unido / revisión	Revisión narrativa	Materna	La microbiota del embarazo se relaciona con inflamación y parto pretérmino	7
Crusell MKW et al.	2018	Dinamarca	Cohorte prospectiva	Intestinal	La diabetes gestacional se asoció con cambios en la microbiota intestinal durante el tercer trimestre y el posparto	10
Hasain Z et al.	2020	Revisión internacional	Revisión narrativa	Intestinal	La microbiota intestinal se vinculó con la fisiopatología de la diabetes gestacional	11
Ferretti P et al.	2018	Italia	Cohorte prospectiva	Múltiples nichos	La transmisión microbiana materno-infantil desde distintos nichos contribuye al ensamblaje temprano del microbioma intestinal del lactante	12
Tamburini S et al.	2016	EUA / revisión	Revisión narrativa	Neonatal	La microbiota temprana influye en la maduración inmunológica y en desenlaces de salud	13
Shao Y et al.	2019	Reino Unido	Cohorte	Neonatal	El nacimiento por cesárea se asoció con microbiota neonatal empobrecida y mayor colonización por patógenos oportunistas	14
DiGiulio DB et al.	2015	EUA	Cohorte longitudinal	Vaginal	La microbiota humana mostró variación temporal y espacial durante el embarazo	16
Smith SB, Ravel J	2017	EUA / revisión	Revisión narrativa	Vaginal	La dominancia por <i>Lactobacillus</i> se asoció con homeostasis y defensa vaginal	17
Tabatabaei N et al.	2019	Canadá	Cohorte	Vaginal	La microbiota vaginal en el embarazo temprano se asoció con riesgo posterior de parto pretérmino espontáneo	18
Mulligan CM et al.	2017	Revisión internacional	Revisión narrativa	Intestinal	Los modificadores maternos del microbioma intestinal infantil se relacionan con consecuencias metabólicas tempranas	19
Miko E et al.	2022	Revisión internacional	Revisión narrativa	Intestinal	El eje intestino–microbiota materno-fetal está influido por cambios fisiológicos y dieta durante la gestación	20
Nakandalage R et al.	2023	Revisión internacional	Revisión narrativa	Intestinal	Las intervenciones microbianas pueden modular la salud intestinal neonatal	21



Cuadro 2. Estudios originales incluidos y revisiones de apoyo contextual publicados entre 2015 y 2025 sobre microbiota materna y desenlaces obstétricos y neonatales.

Autor	Año	País / ámbito	Diseño / tipo de estudio	Tipo de microbiota	Hallazgo principal	Ref
Dunlop AL et al.	2021	EUA	Cohorte	Vaginal	La composición de la microbiota vaginal en el embarazo temprano se asoció con parto pretérmino espontáneo y parto temprano	22
Teixeira RA et al.	2023	Revisión internacional	Revisión narrativa	Intestinal	La diabetes gestacional se asoció con alteraciones en la microbiota intestinal	23
Chen X et al.	2021	China / revisión	Revisión narrativa	Vaginal	La microbiota vaginal saludable difiere de la observada en vaginosis bacteriana	24
Callahan BJ et al.	2017	EUA	Cohorte multicéntrica	Vaginal	Se replicó y refinó una firma microbiana vaginal asociada con parto pretérmino en dos cohortes racialmente distintas	25
Elovitz MA et al.	2019	EUA	Cohorte	Cervicovaginal	La microbiota cervicovaginal y la respuesta inmune local modularon el riesgo de parto pretérmino espontáneo	26
Freitas AC et al.	2018	Canadá	Casos y controles	Vaginal	Una mayor riqueza y diversidad de la microbiota vaginal se asoció con parto pretérmino espontáneo	27
Grech A et al.	2021	Australia / revisión internacional	Revisión narrativa	Materna-infantil	Las exposiciones maternas modifican la microbiota intestinal infantil	28

Evaluación de heterogeneidad y síntesis de la evidencia

La heterogeneidad se evaluó de forma cualitativa. Se consideraron diferencias en el tipo de muestra, las técnicas de caracterización microbiológica, el momento de recolección, la definición de disbiosis y los desenlaces reportados. La variabilidad incluyó muestras vaginales, cervicales, fecales y neonatales. También se observaron diferencias en los métodos empleados, como cultivo microbiológico, reacción en cadena de la polimerasa, secuenciación del gen 16S del ácido ribonucleico ribosómico y metagenómica *shotgun*. Además, existieron variaciones en semanas de gestación, uso de antibióticos, índice de masa corporal materno, dieta, etnicidad y criterios diagnósticos de parto pretérmino o diabetes gestacional. Por estas razones, no fue

posible efectuar un metanálisis. Los resultados se integraron mediante una síntesis narrativa estructurada por desenlace clínico.

Microbiota vaginal y parto pretérmino

La evidencia de microbiota vaginal y parto pretérmino incluyó, principalmente, estudios de cohorte y de casos y controles. En general, los trabajos coinciden en que una microbiota vaginal dominada por *Lactobacillus* se asocia con un estado de equilibrio favorable para el mantenimiento del embarazo. En contraste, la disbiosis vaginal se caracteriza por disminución de *Lactobacillus* y aumento de bacterias anaerobias, como *Gardnerella*, *Atopobium* y *Mobiluncus*. Esta alteración se ha relacionado de manera consistente con mayor riesgo de parto pretérmino.

Diversas investigaciones reportan mayor frecuencia de rotura prematura de membranas, infecciones intrauterinas y corioamnionitis en mujeres con vaginosis bacteriana. Estos resultados sugieren que la alteración del ecosistema vaginal puede favorecer el ascenso bacteriano. También podría activar respuestas inflamatorias locales vinculadas con el inicio del trabajo de parto prematuro. Sin embargo, la magnitud de esta asociación varía entre estudios. Esta diferencia puede explicarse por los criterios diagnósticos de disbiosis y por las técnicas utilizadas para su identificación.

Microbiota intestinal y diabetes gestacional

Las investigaciones de microbiota intestinal y diabetes gestacional correspondieron, sobre todo, a cohortes prospectivas y revisiones narrativas. Los estudios incluidos describen menor diversidad microbiana intestinal en mujeres con esta condición. También informan cambios en la abundancia relativa de determinados grupos bacterianos.

Está documentado un aumento de bacterias con potencial proinflamatorio, como *Collinsella* y *Desulfovibrio*. A la vez, se observa una disminución de microorganismos productores de ácidos grasos de cadena corta, como *Faecalibacterium prausnitzii*. Estos cambios podrían contribuir a la inflamación sistémica y a la resistencia a la insulina observadas en la diabetes gestacional. Algunas investigaciones sugieren que la microbiota intestinal participa en la modulación del metabolismo energético y en la regulación inmunológica durante el embarazo. Estos mecanismos también podrían influir en otros desenlaces obstétricos, como la preeclampsia.

Microbiota materna y colonización neonatal

La evidencia disponible indica que la microbiota materna participa de forma importante en la colonización microbiana neonatal temprana. Los estudios señalan que la vía de nacimiento, la exposición a antibióticos y la lactancia materna influyen en

la composición inicial del microbioma neonatal. También se relacionan con la maduración inmunológica temprana.

Los neonatos nacidos por vía vaginal muestran perfiles microbianos similares a los de la microbiota vaginal e intestinal materna. En ellos predominan *Lactobacillus* y *Bifidobacterium*. En contraste, los nacidos por cesárea muestran una composición inicial distinta, con mayor coexistencia de bacterias del filo *Proteobacteria*. Este patrón se ha asociado con alteraciones en el desarrollo inmunológico.

La lactancia materna también modifica de forma significativa la composición de la microbiota neonatal. Favorece el crecimiento de bacterias benéficas y contribuye a la maduración del sistema inmunológico. Estos hallazgos resaltan la importancia de los factores perinatales en la configuración temprana del ecosistema microbiano y en la salud a largo plazo.

Otros desenlaces obstétricos y neonatales

Algunos estudios han explorado la relación entre la microbiota materna y otros desenlaces obstétricos, como la preeclampsia. En estos casos, se ha descrito menor diversidad microbiana intestinal y mayor abundancia de bacterias asociadas con inflamación sistémica.

Cuando estuvieron disponibles, los estudios incluidos reportaron medidas de asociación ajustadas, principalmente razón de momios y riesgo relativo. Estas estimaciones evidenciaron asociaciones consistentes entre disbiosis materna y desenlaces obstétricos adversos. No obstante, la magnitud del efecto fue variable por diferencias metodológicas y poblacionales.

Principales limitaciones de la evidencia disponible

Las principales limitaciones identificadas fueron la heterogeneidad metodológica, las



diferencias en las técnicas de secuenciación y caracterización microbiológica, la variabilidad de los desenlaces obstétricos evaluados y el predominio de diseños observacionales. Estas diferencias dificultan la comparación directa de los resultados y limitan la posibilidad de establecer relaciones causales concluyentes.

DISCUSIÓN

Esta revisión ofrece una síntesis narrativa con metodología sistematizada de la relación entre la microbiota materna y los desenlaces obstétricos y neonatales. En conjunto, los datos disponibles indican que las alteraciones en su composición, en particular a nivel vaginal e intestinal, se asocian con mayor riesgo de complicaciones durante el embarazo. Entre ellas destacan el parto pretérmino, las infecciones obstétricas y trastornos metabólicos como la diabetes gestacional.^{1,4,7} Además, diversos estudios respaldan su participación en la colonización microbiana inicial del recién nacido.¹²⁻¹⁷

Uno de los hallazgos más consistentes fue la asociación entre disbiosis vaginal y parto pretérmino. Esta relación coincide con la bibliografía científica, que vincula la pérdida del predominio de *Lactobacillus* con mayor riesgo de prematuridad. También se ha descrito un ambiente vaginal más susceptible a la colonización por bacterias anaerobias potencialmente patógenas.^{5,6,10} Esta alteración podría favorecer la inflamación local y activar vías inmunológicas implicadas en el inicio prematuro del trabajo de parto.^{7,18-27}

También se identificó una relación entre la microbiota intestinal y la diabetes gestacional. Esta asociación se caracteriza por cambios en la diversidad microbiana y por una mayor abundancia de bacterias vinculadas con inflamación y disfunción metabólica.^{10,11,12} Estos resultados concuerdan con investigaciones que atribuyen a la microbiota intestinal un papel en la regulación del metabolismo energético, la sen-

sibilidad a la insulina y la respuesta inflamatoria sistémica. Esos mecanismos son relevantes en el desarrollo de trastornos metabólicos durante la gestación.^{9,11,18}

La microbiota materna también podría influir en el establecimiento inicial del ecosistema microbiano neonatal. La vía de nacimiento es un factor determinante en este proceso.^{28,29} En los recién nacidos por vía vaginal, la colonización temprana suele reflejar la composición del canal del parto. En cambio, en los nacidos por cesárea predomina la influencia de microorganismos de la piel materna y del entorno hospitalario.¹⁴ Estas diferencias han sido ampliamente descritas. No obstante, su repercusión clínica a largo plazo aún se debate porque algunos estudios sugieren una normalización progresiva en etapas posteriores de la infancia.^{13,21}

Si bien la evidencia de la importancia de la microbiota materna en la salud perinatal ha aumentado, los resultados deben interpretarse con cautela. La heterogeneidad metodológica dificulta la comparación directa de los hallazgos. Las diferencias en las técnicas de secuenciación, el tipo de muestra y la definición de disbiosis reducen la comparabilidad y pueden sobreestimar algunas asociaciones.^{3,4} Por ejemplo, algunos estudios utilizan el cultivo microbiológico, mientras que otros utilizan la secuenciación de nueva generación. Esto modifica la capacidad para identificar determinados microorganismos.⁷ Además, la dieta de la madre, tratamientos con antibióticos, el estado nutricional y las condiciones socioeconómicas pueden modificar la composición microbiana y actuar como variables de confusión.²⁸

Gran parte de los estudios incluidos mostró calidad metodológica moderada a alta. Sin embargo, se identificaron limitaciones relevantes en el tamaño de muestra, el control de variables de confusión y los métodos de análisis microbiológico.⁸ Estas diferencias pueden modificar la magnitud

de las asociaciones observadas. Por ello, deben considerarse al interpretar los resultados.

La evidencia en poblaciones latinoamericanas sigue siendo limitada y, con frecuencia, subrepresentada. Esta situación restringe la extrapolación de los hallazgos a contextos clínicos regionales.^{1,4} La mayor parte de los estudios procede de Europa, Asia o Norteamérica. Por ello, es necesario fortalecer la investigación en América Latina. Las diferencias genéticas, ambientales y nutricionales entre regiones podrían modificar la composición microbiana y su relación con los desenlaces del embarazo.^{19,30}

Desde una perspectiva clínica, los resultados sugieren que la caracterización de la microbiota materna podría ayudar a identificar mujeres con mayor riesgo de complicaciones obstétricas.^{6,25} En el futuro, el análisis del microbioma vaginal o intestinal durante el embarazo podría apoyar estrategias preventivas o intervenciones dirigidas. Entre ellas se incluyen probióticos y medidas nutricionales orientadas a modular el ecosistema microbiano.³¹ No obstante, su aplicación clínica requiere evidencia más sólida.

Este estudio tiene algunas limitaciones. En primer lugar, la heterogeneidad metodológica de los trabajos incluidos limita la comparación de los resultados. Además, el predominio de diseños observacionales impide establecer relaciones causales definitivas. Por último, la diversidad de técnicas para caracterizar la microbiota y la escasa representación latinoamericana restringen la generalización de los hallazgos.

Se requieren estudios prospectivos debidamente diseñados y con enfoques multidisciplinarios. Estos deberán integrar análisis microbiológicos, inmunológicos y metabólicos, así como tecnologías de secuenciación de nueva generación y diseños longitudinales durante el embarazo. Este proceso permitirá comprender mejor el papel de la microbiota materna en los desenlaces obstétricos y neonatales.

CONCLUSIONES

La evidencia disponible sugiere que la microbiota materna, en especial la vaginal y la intestinal, podría participar en los desenlaces obstétricos y neonatales. La disbiosis vaginal se ha asociado con mayor riesgo de parto pretérmino e infecciones obstétricas. Por su parte, las alteraciones de la microbiota intestinal se han relacionado con trastornos metabólicos, como la diabetes gestacional. Sin embargo, estas asociaciones deben interpretarse con cautela por la heterogeneidad metodológica de los estudios incluidos.

Asimismo, la microbiota materna podría intervenir en la colonización microbiana inicial del recién nacido. Este proceso puede influir en el desarrollo del sistema inmunológico y en la salud a largo plazo. No obstante, la relevancia clínica de estos hallazgos aún requiere mayor confirmación. En este contexto, su caracterización representa un área de interés para identificar mujeres con mayor riesgo obstétrico. Aun así, su aplicación en la práctica clínica demanda estudios prospectivos, longitudinales y debidamente diseñados.

DECLARACIONES

Conflictos de interés

Los autores declaran no tener conflictos de interés relacionados con el estudio.

Fuentes de financiamiento

Este estudio fue autofinanciado por los autores.

Uso de IA

Se recurrió a la inteligencia artificial para verificar la correcta sintaxis del español. El contenido, análisis e interpretación de la información son responsabilidad exclusiva de los autores.

Contribución de los autores

Néstor Casillas-Vega y Soraya Mendoza-Olazarán aportaron contribuciones sustanciales a la concepción y diseño del estudio, la estrategia de búsqueda y selección de artículos, la extracción y análisis de los datos, y la interpretación de los



resultados. Ambos autores participaron en la redacción del manuscrito y en la revisión crítica de su contenido intelectual. Asimismo, aprobaron la versión final del artículo y asumen la responsabilidad por todos los aspectos del trabajo.

Declaración de derechos humanos y de los animales

El estudio corresponde a una revisión de la bibliografía científica, por lo que no implicó la participación directa de sujetos humanos ni animales.

Permisos

Todas las Figuras y Cuadros incluidos en este manuscrito son originales y elaborados por los autores.

REFERENCIAS

- Nuriel-Ohayon M, Neuman H, Koren O, et al. Microbial changes during pregnancy, birth, and infancy. *Front Microbiol* 2016; 7: 1031. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2016.01031>
- Robertson RC, Manges AR, Finlay BB, Prendergast AJ, et al. The human microbiome and child growth—first 1000 days and beyond. *Trends Microbiol* 2019; 27 (2): 131-47. <https://doi.org/10.1016/j.tim.2018.09.008>
- MacIntyre DA, Chandiramani M, Lee YS, Kindinger L, et al. The vaginal microbiome during pregnancy and the postpartum period in a European population. *Sci Rep* 2015; 5: 8988. <https://doi.org/10.1038/srep08988>
- Sinha T, Brushett S, Prins J, Zhernakova A, et al. The maternal gut microbiome during pregnancy and its role in maternal and infant health. *Curr Opin Microbiol* 2023; 74: 102309. <https://doi.org/10.1016/j.mib.2023.102309>
- Anahitar MN, Gootenberg DB, Mitchell CM, Kwon DS, et al. Cervicovaginal microbiota and reproductive health: the virtue of simplicity. *Cell Host Microbe* 2018; 23 (2): 159-68. <https://doi.org/10.1016/j.chom.2018.01.013>
- Fettweis JM, Serrano MG, Brooks JP, Edwards DJ, et al. The vaginal microbiome and preterm birth. *Nat Med* 2019; 25 (6): 1012-1021. <https://doi.org/10.1038/s41591-019-0450-2>
- Bayar E, Bennett PR, Chan D, Sykes L, et al. The pregnancy microbiome and preterm birth. *Semin Immunopathol* 2020; 42 (4): 487-499. <https://doi.org/10.1007/s00281-020-00817-w>
- Kindinger LM, Bennett PR, Lee YS, Marchesi JR, et al. The interaction between vaginal microbiota, cervical length, and vaginal progesterone treatment for preterm birth risk. *Microbiome* 2017; 5: 6. <https://doi.org/10.1186/s40168-016-0223-9>
- Goltsman DSA, Sun CL, Proctor DM, DiGiulio DB, et al. Metagenomic analysis with strain-level resolution reveals variation in the human pregnancy microbiome. *Genome Res* 2018; 28 (10): 1467-80. <https://doi.org/10.1101/gr.236000.118>
- Crusell MKW, Hansen TH, Nielsen T, Allin KH, et al. Gestational diabetes is associated with change in the gut microbiota composition in third trimester of pregnancy and postpartum. *Microbiome* 2018; 6: 89. <https://doi.org/10.1186/s40168-018-0472-x>
- Hasain Z, Mokhtar NM, Kamaruddin NA, et al. Gut microbiota and gestational diabetes mellitus. *Front Cell Infect Microbiol* 2020; 10: 188. <https://doi.org/10.3389/fcimb.2020.00188>
- Ferretti P, Pasolli E, Tett A, Asnicar F, et al. Mother-to-infant microbial transmission from different body sites shapes the developing infant gut microbiome. *Cell Host Microbe* 2018; 24 (1): 133-145. <https://doi.org/10.1016/j.chom.2018.06.005>
- Tamburini S, Shen N, Wu HC, Clemente JC, et al. The microbiome in early life: implications for health outcomes. *Nat Med* 2016; 22 (7): 713-722. <https://doi.org/10.1038/nm.4142>
- Shao Y, Forster SC, Tsaliki E, Vervier K, et al. Stunted microbiota and opportunistic pathogen colonization in caesarean-section birth. *Nature* 2019; 574 (7776): 117-121. <https://doi.org/10.1038/s41586-019-1560-1>
- Page MJ, McKenzie JE, Bossuyt PM, Boutron I, et al. The PRISMA 2020 statement: an updated guideline for reporting systematic reviews. *BMJ* 2021; 372: n71. <https://doi.org/10.1136/bmj.n71>
- DiGiulio DB, Callahan BJ, McMurdie PJ, Costello EK, et al. Temporal and spatial variation of the human microbiota during pregnancy. *Proc Natl Acad Sci USA* 2015; 112 (35): 11060-11065. <https://doi.org/10.1073/pnas.1502875112>
- Smith SB, Ravel J. The vaginal microbiota, host defence and reproductive physiology. *J Physiol* 2017; 595 (2): 451-463. <https://doi.org/10.1113/JP271694>
- Tabatabaei N, Eren AM, Barreiro LB, Yotova V, et al. Vaginal microbiome in early pregnancy and risk of spontaneous preterm birth. *BJOG* 2019; 126 (3): 349-358. <https://doi.org/10.1111/1471-0528.15299>
- Mulligan CM, Friedman JE. Maternal modifiers of the infant gut microbiota: metabolic consequences. *J Endocrinol* 2017; 235 (1): R1-R12. <https://doi.org/10.1530/JOE-17-0303>
- Miko E, Csaszar A, Bodis J, Kovacs K, et al. The maternal-fetal gut microbiota axis. *Life* 2022; 12 (3): 424. <https://doi.org/10.3390/life12030424>
- Nakandalage R, Guan LL, Malmuthuge N, et al. Microbial interventions to improve neonatal gut health. *Microorganisms* 2023; 11 (5): 1328. <https://doi.org/10.3390/microorganisms11051328>
- Dunlop AL, Satten GA, Hu YJ, Knight AK, et al. Vaginal microbiome composition in early pregnancy and risk of preterm birth. *Front Cell Infect Microbiol* 2021; 11: 641005. <https://doi.org/10.3389/fcimb.2021.641005>
- Teixeira RA, Silva C, Ferreira AC, Martins D, et al. The association between gestational diabetes and the microbiome. *Microorganisms* 2023; 11 (7): 1749. <https://doi.org/10.3390/microorganisms11071749>
- Chen X, Lu Y, Chen T, Li R, et al. The female vaginal microbiome in health and bacterial vaginosis. *Front Cell Infect Microbiol* 2021; 11: 631972. <https://doi.org/10.3389/fcimb.2021.631972>

- fcimb.2021.631972
25. Callahan BJ, DiGiulio DB, Goltsman DSA, Sun CL, et al. Replication and refinement of a vaginal microbial signature of preterm birth. *Proc Natl Acad Sci USA* 2017; 114 (37): 9966-9971. <https://doi.org/10.1073/pnas.1705899114>
 26. Elovitz MA, Gajer P, Riis V, Brown AG, et al. Cervicovaginal microbiota and immune response in preterm birth. *Nat Commun* 2019; 10: 1305. <https://doi.org/10.1038/s41467-019-09285-9>
 27. Freitas AC, Bocking A, Hill JE, Money DM, et al. Increased richness of vaginal microbiota and preterm birth. *Microbiome* 2018; 6: 117. <https://doi.org/10.1186/s40168-018-0502-8>
 28. Grech A, Collins CE, Holmes A, et al. Maternal exposures and infant gut microbiome. *Gut Microbes* 2021; 13 (1): 1-30. <https://doi.org/10.1080/19490976.2021.1897210>
 29. Chu DM, Ma J, Prince AL, Antony KM, et al. Maturation of the infant microbiome and delivery mode. *Nat Med* 2017; 23 (3): 314-26. <https://doi.org/10.1038/nm.4272>
 30. Rothschild D, Weissbrod O, Barkan E, Kurilshikov A, et al. Environment dominates over host genetics in shaping gut microbiota. *Nature* 2018; 555 (7695): 210-215. <https://doi.org/10.1038/nature25973>
 31. Ravel J, Brotman RM. Translating the vaginal microbiome: gaps and challenges. *Genome Med* 2016; 8 (1): 35. <https://doi.org/10.1186/s13073-016-0291-2>