

CÁPSULA: Hígado y riesgo cardiometabólico

Coordinador: Flavio Francini

Huéspedes microscópicos, impacto enorme: ¿qué tan cerca estamos de aplicar la microbioma humana en el diagnóstico y pronóstico de MASLD y diabetes?

Julieta Trinks

Investigadora independiente en el Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina

En los últimos años, la investigación ha revelado una estrecha relación entre las alteraciones del microbioma intestinal (disbiosis) y el desarrollo de enfermedades metabólicas como la enfermedad hepática esteatósica asociada a disfunción metabólica (MASLD) y la diabetes mellitus tipo 2 (DM2).

Diversos estudios han demostrado que los cambios en la composición y la función del microbioma pueden influir en la resistencia a la insulina, la inflamación sistémica y la acumulación de grasa en el hígado mediante la producción de metabolitos, ácidos grasos de cadena corta y otros compuestos bioactivos. Estas evidencias han impulsado el interés por utilizar el microbioma como una herramienta para el diagnóstico temprano, la estratificación del riesgo, el pronóstico y tratamiento de estas enfermedades¹.

No obstante, aunque los resultados son prometedores, la aplicación clínica del microbioma aún enfrenta importantes desafíos. La gran variabilidad entre individuos, la influencia de factores como la dieta, el uso de antibióticos, el estilo de vida y el entorno dificultan la identificación de biomarcadores universales y reproducibles. Todavía es necesario estandarizar las técnicas de muestreo, secuenciación y análisis de datos para garantizar resultados consistentes. Además, el proceso para convertir una firma microbiana recientemente descubierta en una prueba analíticamente válida y útil en la práctica clínica de la MASLD es riguroso, lo cual retrasa su incorporación para orientar el manejo de los pacientes².

En la actualidad, el microbioma representa una de las áreas más innovadoras de la medicina de precisión. Su integración con información genética, clínica y metabolómica podría mejorar significativamente la detección, el seguimiento y el tratamiento de la MASLD y la DM1.

Esta disertación presenta una visión general del estado actual de este campo, y una hoja de ruta para mejorar la investigación de biomarcadores derivados del microbioma² para la MASLD, así como de estrategias terapéuticas novedosas dirigidas a modular el microbioma de manera segura y efectiva³.

Bibliografía

1. Byndloss M, et al. The Gut Microbiota and Diabetes: Research, Translation, and Clinical Applications-2023 Diabetes, Diabetes Care, and Diabetologia Expert Forum. Diabetes Care. 2024 Sep 1;47(9):1491-1508. doi: 10.2337/dci24-0052.
2. Trinks J, et al. Omics-based biomarkers as useful tools in metabolic dysfunction-associated steatotic liver disease clinical practice: How far are we? World J Gastroenterol. 2024 Apr 14;30(14):1982-1989. doi: 10.3748/wjg.v30.i14.1982.
3. Saeed H, et al. Microbiome-centered therapies for the management of metabolic dysfunction-associated steatotic liver disease. Clin Mol Hepatol. 2025 Feb;31(Suppl):S94-S111. doi: 10.3350/cmh.2024.0811.

Palabras clave: microbioma; diabetes.

CAPSULE: Liver and cardiometabolic risk

Coordinator: Flavio Francini

Microscopic hosts, huge impact: How close are we to applying the human microbiome to the diagnosis and prognosis of MASLD and diabetes?

Julieta Trinks

Independent Researcher at the National Scientific and Technical Research Council (CONICET), Autonomous City of Buenos Aires, Argentina

Evidence accumulated in recent years has revealed a close relationship between an unfavorable imbalance within the gut microbiome (dysbiosis) and the development of metabolic diseases such as metabolic dysfunction-associated steatotic liver disease (MASLD) and type 2 diabetes mellitus.

Several studies have demonstrated that changes in the composition and function of the microbiome contribute to insulin resistance, systemic inflammation, and liver fat accumulation by producing metabolites, short-chain fatty acids, and other bioactive compounds. This evidence has fueled interest in using the microbiome as a tool for the early diagnosis, risk stratification, prognosis, and treatment of these diseases¹.

However, although the results are promising, the clinical application of the microbiome still faces significant challenges. The high variability among individuals and the influence of factors such as diet, antibiotic use, lifestyle, and environment make it difficult to identify universal and reproducible biomarkers. Standardization of sampling, sequencing, and data analysis techniques are still needed to ensure consistent results. Furthermore, a rigorous process is required to convert a newly discovered microbial signature into an analytically valid and useful test for clinical practice in MASLD, which delays its incorporation into patient management².

Currently, the microbiome represents one of the most innovative areas of precision medicine. Its integration with genetic, clinical, and metabolomic information could significantly improve the detection, monitoring, and treatment of MASLD and diabetes¹.

This dissertation presents an overview of the current state of this field and a roadmap for improving research on microbiome-derived biomarkers for MASLD², as well as novel therapeutic strategies aimed at safely and effectively modulating the microbiome³.

Key words: microbiome; diabetes.