

## Consumo de alimentos, grado de procesamiento y microbiota de la leche materna de mujeres colombianas

Diana C. Londoño-Sierra<sup>1</sup> , Nathalia Correa Guzmán<sup>1</sup> , Victoria Mesa<sup>2</sup> , Sandra L. Restrepo-Mesa<sup>1</sup> .

**Resumen: Introducción:** la alimentación de la mujer ha mostrado un efecto significativo en la microbiota de la leche materna, sin embargo, la relación entre el consumo de grupos de alimentos específicos y su grado de procesamiento no ha sido documentada. **Objetivo:** explorar la relación entre el consumo de grupos de alimentos según las guías alimentarias para Colombia y su grado de procesamiento, y taxones microbianos de la leche materna de madres lactantes en primer trimestre postparto. **Materiales y métodos:** se llevó a cabo un estudio descriptivo-trasversal en 30 mujeres lactantes sanas de Antioquia, Colombia. La microbiota se analizó mediante secuenciación del gen 16S (ARNr). Se aplicaron dos recordatorios de 24 horas, se clasificaron los alimentos según las guías alimentarias colombianas y el sistema NOVA para explorar las relaciones con taxones bacterianos de la leche materna. **Resultados:** el consumo de leche y lácteos mostró una correlación negativa con *Escherichia-Shigella* spp. ( $r = -0,376$   $p = 0,04$ ) y la ingesta de frutas y verduras una relación positiva con *Bifidobacterium* spp. ( $r = 0,449$   $p = 0,01$ ). El consumo de alimentos procesados presentó correlación positiva con *Proteobacteria* ( $r = 0,47$ ;  $p = 0,02$ ) y de ultraprocesados con *Escherichia-Shigella* spp. ( $r = 0,36$ ;  $p = 0,04$ ), *Lactobacillus* spp. ( $r = 0,37$ ;  $p = 0,04$ ) y *Desulfovibrio* spp. ( $r = 0,38$   $p = 0,037$ ). **Conclusiones:** el consumo de leche y lácteos, frutas y verduras, grasas, alimentos procesados y ultraprocesados en el primer trimestre de lactancia se relaciona con taxones bacterianos de la microbiota de la leche materna potencialmente relevantes para la salud infantil. **Arch Latinoam Nutr 2026; 76(2): 79-90.**

**Palabras clave:** microbiota, leche humana, alimentación, salud materno-infantil.

**Abstract: Relationship between food consumption and its degree of processing with the breast milk microbiota of Colombian women. Introduction:** Maternal diet has been shown to significantly influence the composition of the human milk microbiota. However, the relationship between the consumption of specific food groups and their degree of processing has not yet been documented. **Objective:** To explore the relationship between the consumption of food groups according to the Colombian dietary guidelines and their degree of processing, and microbial taxa in the breast milk of lactating mothers during the first trimester postpartum. **Materials and Methods:** A descriptive cross-sectional study was conducted in 30 healthy lactating women from Antioquia, Colombia. Milk microbiota was analyzed using 16S rRNA gene sequencing. Two 24-hour dietary recalls were collected, and foods were classified according to the Colombian dietary guidelines and the NOVA classification system to explore their associations with bacterial taxa in human milk. **Results:** Milk and dairy consumption showed a negative correlation with *Escherichia-Shigella* spp. ( $r = -0.376$ ;  $p = 0.04$ ), whereas fruit and vegetable intake showed a positive association with *Bifidobacterium* spp. ( $r = 0.449$ ;  $p = 0.01$ ). Processed food consumption was positively correlated with *Proteobacteria* ( $r = 0.47$ ;  $p = 0.02$ ). Ultra-processed food intake was positively associated with *Escherichia-Shigella* spp. ( $r = 0.36$ ;  $p = 0.04$ ), *Lactobacillus* spp. ( $r = 0.37$ ;  $p = 0.04$ ), and *Desulfovibrio* spp. ( $r = 0.38$ ;  $p = 0.037$ ). **Conclusions:** The consumption of milk and dairy products, fruits and vegetables, fats, processed foods, and ultra-processed foods during the first trimester of lactation was associated with bacterial taxa in the human milk microbiota that may be relevant to infant health. **Arch Latinoam Nutr 2026; 76(2): 79-90.**

**Keywords:** Microbiota, human milk, diet, maternal and child health.

### Introducción

El establecimiento temprano de la microbiota intestinal es un proceso biológico importante en

la maduración inmunológica y la programación metabólica en los primeros mil días de vida(1,2). En este periodo, la leche humana representa un vehículo de bacterias para el lactante, que favorece la siembra, desarrollo y ensamblaje del microbioma, mientras aporta la energía y nutrientes necesarios para el adecuado crecimiento y desarrollo infantil(2).

Se ha documentado que cuando un niño es amamantado recibe cerca de  $10^7$  UFC/mL de bacterias y una cuarta parte de su microbiota intestinal proviene de la transferencia que la

<sup>1</sup>Grupo de Investigación en Enfermedades del niño y el adolescente- (Pediencias), Departamento de Pediatría y Puericultura, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia UdeA, Calle 70 No. 52-21, Medellín, Colombia. <sup>2</sup>Physiopathologie et Pharmacotoxicologie Placentaire Humaine Microbiote Pré & Postnatal (3PHM), INSERM, UMR-S 1139, Université Paris Cité, 75006 Paris, France.

Autor para la correspondencia: Diana C. Londoño-Sierra, e-mail: dcarolina.londono@udea.edu.co



madre hace a través de la leche humana (2), encontrándose una transmisión de géneros como *Bifidobacterium* spp., *Escherichia-Shigella* spp. y *Bacteroides* spp. importantes en la maduración intestinal y del sistema inmunológico (3,4), lo que apoya aún más la recomendación establecida por organismos internacionales de usarla exclusivamente como alimento para los lactantes durante los primeros seis meses de vida (5,6).

Diversos factores se han relacionado con la modulación de la microbiota de la leche materna, dentro de los cuales la alimentación de la mujer ha mostrado un efecto significativo. La evidencia disponible ha identificado asociaciones entre la ingesta de energía y nutrientes durante la gestación y la lactancia con filos y géneros bacterianos en la leche, especialmente en la relación nutriente-taxones microbianos (7–9), sin embargo, la disponibilidad de estudios que metodológicamente aborden la relación entre el consumo de grupos de alimentos y su clasificación por grado de procesamiento en madres lactantes, más allá de la energía y nutrientes individuales consumidos, siguen siendo limitado (7).

En la actualidad tres investigaciones han realizado aproximaciones analíticas basadas en ingesta de grupos de alimentos y microbiota de la leche materna (10–12), no obstante, no se ha explorado la relación con el consumo de alimentos según su grado de procesamiento, lo que cobra interés por los cambios que en los últimos años se han evidenciado en los patrones alimentarios y el consumo de alimentos cada vez más industrializados en diferentes momentos de la alimentación(13), junto con evidencia proveniente de estudios en otras poblaciones, en la que se ha identificado que los ultraprocesados pueden desencadenar una firma microbiana intestinal proinflamatoria, mientras que la ingesta de alimentos de origen vegetal y una dieta tipo mediterránea generan un efecto contrario, favoreciendo la presencia de bacterias productoras de ácidos grasos de cadena corta y reduciendo los marcadores de inflamación intestinal (14,15), fenómeno biológico explicativo en la génesis de diversas alteraciones en salud(16).

Explorar la relación entre la alimentación de la madre lactante con la microbiota de la leche materna es importante, más aún cuando se ha encontrado que muchas mujeres asumen la lactancia en situación de vulnerabilidad alimentaria y su patrón de consumo dista de las recomendaciones dietéticas establecidas para esta etapa fisiológica, una de las más exigentes en requerimientos de calorías y nutrientes en el ciclo vital (17,18). A partir de lo anterior, el objetivo de este estudio fue explorar la relación entre el consumo de grupos de alimentos según las guías alimentarias para Colombia y su grado de procesamiento, y taxones microbianos de la leche materna de madres lactantes en primer trimestre posparto.

## **Materiales y métodos**

Se llevó a cabo un estudio descriptivo-trasversal en 30 mujeres lactantes sanas de la región del Oriente de Antioquia, Colombia, quienes fueron atendidas en el Hospital Nuestra Señora de la Candelaria de Guarne y en el Hospital San Juan de Dios de Rionegro, ambas instituciones de carácter público. El proceso de selección de la muestra fue a conveniencia y el reclutamiento se realizó entre junio de 2021 y febrero de 2022. Las mujeres fueron identificadas inicialmente a través de las instituciones de salud y, tras una revisión detallada de su historia clínica para verificar criterios de elegibilidad, antecedentes en salud e indicadores antropométricos (peso pregestacional y ganancia de peso), fueron contactadas para indagar por su estado actual de lactancia, situación de salud, seguridad alimentaria y voluntad de participación. Posteriormente, se programaron dos encuentros presenciales para la firma del consentimiento informado, la recolección de la información alimentaria, la toma de peso y talla, y la colecta de las muestras biológicas de leche materna.

Se incluyeron mujeres en primer trimestre de lactancia, con edades entre 18 y 39 años, que ofrecían a sus hijos lactancia materna exclusiva, con seguridad alimentaria en el hogar según la Escala Latinoamericana y Caribeña de Seguridad Alimentaria (ELCSA)(19), sin enfermedades que afectarán el desarrollo de la lactancia, con índice de Masa Corporal (IMC) adecuado o en sobrepeso y con nacimiento de su hijo a término. Aquellas mujeres con alteraciones en salud en la gestación o lactancia como diabetes, trastornos hipertensivos, enfermedades inmunológicas o que reportaron consumo de medicamentos u otras sustancias como antibióticos,

antidepresivos, laxantes, corticosteroides, cigarrillos, alcohol, inhibidores de la bomba de protones y probióticos de forma crónica o 30 días previos a la recolección de las muestras, fueron excluidas.

#### *Recolección de información antropométrica y alimentaria*

Los datos de consumo de alimentos fueron recolectados a partir de dos recordatorios de 24 horas (R24h) con la metodología de múltiples pasos ajustada previamente validada en estudios poblacionales (20–23). Los R24h se aplicaron en diferentes días de la semana, no consecutivos para ajustar la variabilidad intra e interindividual (20,24). La cantidad de alimentos ingerida por las mujeres fue obtenida usando figuras geométricas, modelos de alimentos y fotografías, todos ellos validados para población colombiana (25). Se tomaron mediciones antropométricas de estatura y peso, con una báscula digital y tallímetro portátil marca Seca y se calculó el IMC actual de la madre lactante, el cual fue clasificado como adecuado si se encontraba entre  $\geq 18.5$  a  $24.9$  kg/m<sup>2</sup> o en sobrepeso  $\geq 25$  kg/m<sup>2</sup> a  $29.9$  kg/m<sup>2</sup> según lo establecido por la Organización Mundial de la Salud (OMS) (26). A partir de los datos de la historia clínica se calcularon el IMC pregestacional y la ganancia de peso gestacional. La recolección de la información fue realizada por un nutricionista dietista previamente capacitado.

#### *Análisis del consumo de alimentos*

La información del consumo de alimentos obtenida a través de los R24h fue digitada en el *software* EVINDI@v5 de la Escuela de Nutrición y Dietética, de la Universidad de Antioquia, Colombia (27). En este *software* se generó la base de datos con el aporte nutricional de los alimentos para cada participante, la cual se procesó en el *software* *for Intake Distribution Estimation* (PC-SIDE@v1.0) del Departamento de Estadística de la Universidad Estatal de Iowa, Ames IA, Estados Unidos (28).

A partir de los datos obtenidos del primer R24h, se obtuvieron todos los alimentos consumidos por cada una de las mujeres participantes y se clasificaron de acuerdo con el grado de procesamiento según la clasificación NOVA así: mínimamente procesados, ingredientes culinarios, procesados y ultraprocesados (29). Posteriormente se sumaron las calorías de los alimentos en cada categoría y se estimó el porcentaje de aporte calórico al total de la ingesta energética para cada participante. Además, los alimentos se asignaron a los seis grupos establecidos por las Guías Alimentarias

Basadas en Alimentos para mujeres gestantes y madres en período de lactancia de Colombia (30): Cereales, raíces, tubérculos y plátanos; frutas y verduras; leche y productos lácteos; carnes y huevos; grasas; azúcares y postres. Se cuantificaron los gramos consumidos en cada grupo dietético, y se obtuvo el consumo en gramos para cada mujer. El proceso de clasificación de los alimentos de acuerdo con su grado de procesamiento y grupos de alimentos se realizó por dos nutricionistas dietistas e investigadoras de la unidad de evaluación de ingesta de la Escuela de Nutrición y Dietética en Medellín, Colombia con experiencia en la recolección, clasificación y análisis de ingesta dietética, y que han desarrollado trabajos en esta línea de consumo de alimentos en población colombiana (31–33).

#### *Análisis de la microbiota de la leche humana*

Se obtuvieron muestras de leche humana madura en un solo punto temporal entre 15 días y 3 meses posparto, extraídas de forma manual por una nutricionista capacitada, del seno contrario a la última toma del lactante y entre las 8:00 am y las 10:00 am. Una cantidad entre 15 a 20 mL de leche materna fue transportada en hielo seco y tubos estériles libres de DNAsas y RNAsas hasta el laboratorio Alimentación y Nutrición Humana de la Universidad de Antioquia. Para la extracción del DNA se tomaron 10 mL de la muestra, la cual se centrifugó para retirar la matriz lipídica y obtener el pellet celular. La extracción se realizó con el kit GeneJET *Genomic DNA Purification* de Thermo Scientific siguiendo las instrucciones del fabricante. La cantidad y la calidad del ADN extraído se evaluaron en un espectrofotómetro Nanodrop 2000 (Thermo Scientific, Pittsburg, PA, EE. UU.). Los amplicones se purificaron y se les asignó un código de barras, posteriormente se agruparon en cantidades equimolares (~50 ng por muestra) para la preparación de la biblioteca. La secuenciación de las regiones hipervariables V3-V4 del gen del ácido ribonucleico ribosomal 16S (ARNr), se realizó utilizando la plataforma Illumina MiSeq paired-end (2 × 300 pares de bases) con 100.000 lecturas para cada biblioteca (Macrogen, Corea).

### Análisis Bioinformático

En un artículo publicado recientemente se describe el análisis bioinformático, a partir del cual se deriva este estudio (9). Brevemente, las secuencias obtenidas fueron analizadas en el software QIIME2 (*Quantitative Insights into Microbial Ecology*) v2019.7 (34), se eliminaron secuencias quiméricas y ruidos de secuenciación, se agruparon las secuencias en variantes de amplicones (ASVs)(35) y se realizó la asignación taxonómica empleando el método de alineación Vsearch (36) con la base de datos SILVA V138(37). Finalmente se obtuvieron los resultados de taxonomía a nivel de filo y género. Las lecturas de secuencia se encuentran depositadas en el Archivo Europeo de Nucleótidos (ENA) a través del número de proyecto PRJEB59523.

### Análisis estadístico

Para el análisis descriptivo, se utilizaron distribuciones absolutas y relativas. Los resultados del consumo de alimentos de acuerdo con el grado de procesamiento y los gramos consumidos por grupo dietético se expresan en mediana y desviación de la mediana (DAM). Para el análisis de la relación entre la microbiota de la leche materna y las clasificaciones de los alimentos, se incluyeron aquellos filos y géneros bacterianos con una abundancia relativa  $\geq 0.1\%$  y presentes en al menos 50% de las muestras, el género *Bifidobacterium* spp. si bien no cumplió esta condición, fue incluido en el análisis dado su relevancia en la salud infantil (38). Después de probar la normalidad de los datos, se calcularon correlaciones robustas empleando la correlación de Pearson Winsorizada, para reducir la influencia de los valores atípicos en ambos conjuntos de datos y obtener una estimación más confiable y estable de la relación lineal entre las variables evaluadas (39). El procesamiento y análisis estadístico de los datos se llevó a cabo en los programas JASP v0.19.3.0, y RStudio v4.5.0. Se consideró como estadísticamente significativo un valor de  $p < 0,05$ .

Esta investigación fue aprobada por el Comité de Bioética de la Facultad de Odontología de la

Universidad de Antioquia, concepto No. 66-2020, Acta No. 10 de 2020. Todas las mujeres firmaron el consentimiento informado y donaron de forma voluntaria las muestras de leche.

## Resultados

Las características sociodemográficas, gestacionales y antropométricas se muestran en la tabla 1. Brevemente, la mitad de las madres lactantes pertenecía al régimen de salud subsidiado, la mayor proporción tenía formación técnica y universitaria, entre 1 y 2 gestaciones previas, asistieron entre 6 a 8 controles prenatales y tuvieron parto vaginal. El promedio de IMC pregestacional fue  $23,7 \pm 2,54 \text{ kg/m}^2$ , de ganancia de peso  $12,2 \text{ kg} \pm 3,6 \text{ kg}$  y el IMC durante la lactancia  $24,6 \pm 2,90 \text{ kg/m}^2$ . Al momento de la evaluación 60% de las mujeres presentaba IMC en normalidad.

**Tabla 1.** Características sociodemográficas, gestacionales y antropométricas de las madres lactantes participantes

Variable	Categoría	n (%)	
Sociodemográficas	Nivel de escolaridad	Primaria	1 (3.3)
		Secundaria	7 (23.3)
		Técnico	11 (36.7)
		Posgrado	11 (36.7)
	Régimen de Salud	Contributivo	14 (46.7)
		Subsidiado	16 (53.3)
Gestacionales	Zona de residencia	Urbano	13 (43.3)
		Rural	17 (56.7)
		Embarazos anteriores	Sin embarazos
	1-2		16 (53.3)
	$\geq 3$		1 (3.3)
	Número de controles prenatales	$\leq 5$	6 (20.0)
6-8		17 (56.7)	
$\geq 9$		7 (23.3)	
Antropométrico	Tipo de parto	Vaginal	23 (76.7)
		Cesárea	7 (23.3)
	IMC pregestacional ( $\text{Kg/m}^2$ )	Adecuado	21 (70.0)
		Déficit	1 (3.3)
		Sobrepeso	8 (26.7)
	IMC de la lactante ( $\text{Kg/m}^2$ )	Adecuado	18 (60.0)
Sobrepeso		12 (40.0)	

### Consumo de grupos de alimentos y su grado de procesamiento en las madres lactantes

La media ajustada en la ingesta calórica fue 2185 kcal±399, la media ajustada del consumo de grasas saturadas 28,6g±6,12, grasa monoinsaturada 23,65g±4,97, grasa poliinsaturada 12,60g ± 2,32; el consumo de carbohidratos fue 314,1g±68 y carbohidratos simples 82,8 g±48,2, mientras que la fibra se consumió en una cantidad media ajustada de 13,9g±6,6; y el consumo medio ajustado de proteína fue 74,8g±15. En cuanto al cumplimiento de las recomendaciones de ingesta dietética para la mujer

**Tabla 2.** Consumo en gramos por grupos de alimentos de las guías alimentarias en las mujeres participantes.

Grupo de alimento	Prevalencia de consumo n (%)	Gramos consumidos Me ± DAM*
Cereales, raíces, tubérculos y plátanos	30 (100)	490 ±217
Frutas y verduras	28(93)	157±117
Leche y lácteos	26 (87)	297 ± 84
Proteína animal (carne y huevos)	30 (100)	183± 47
Grasas y aceites	30 (100)	22±7
Grasas poliinsaturadas	8 (27)	13±5
Grasas monoinsaturadas	16(53)	6±4
Azúcares y postres	30 (100)	162±77

\*Me: Mediana; DAM: Desviación de la mediana

**Tabla 3.** Consumo de alimentos según su grado de procesamiento y porcentaje de aporte calórico a la ingesta energética total de las madres lactantes.

Grupos de alimentos según NOVA	Kcal Me ± DAM [Min a Máx]	% del aporte calórico Me ± DAM [Min a Máx]
Mínimamente procesados	1.205 ± 256 [712 - 2.149]	58 ± 8 [37 - 82]
Ingredientes culinarios	413 ± 150 [36 - 812]	19 ± 7 [1 - 35]
Procesados	44 ± 44 [0 - 640]	2 ± 2 [0 - 26]
Ultra procesados	334 ± 227 [2.2 - 1.113]	19 ± 8 [0.1 - 47]

\*Abreviaturas: Me: Mediana, DAM: Desviación Absoluta de la Mediana, Min: Mínimo, Máx: Máximo.

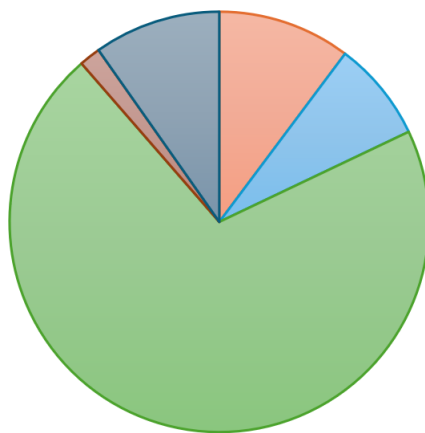
lactante colombiana, 99% de las participantes no cumplió la recomendación en la ingesta de proteína, 86% superó la ingesta recomendada de grasas saturadas y 72% de carbohidratos simples.

En cuanto al análisis de los gramos consumidos por grupos de alimentos, el mayor aporte estuvo representado por el grupo de cereales, raíces, tubérculos y plátanos (490±217g) seguido del grupo de leche y productos lácteos (297±84g) (Tabla 2), en relación con el grado de procesamiento (NOVA), los alimentos mínimamente procesados aportaron la mayor cantidad de calorías a la alimentación con una mediana de 1205kcal±256, mientras que los alimentos procesados tuvieron el menor aporte 44kcal±44 (Tabla 3). Frente al consumo de alimentos ultra procesados, 73% de las mujeres presentó un consumo mayor o igual al 10% de su ingesta calórica total.

### Relación entre el consumo por grupos de alimentos y taxones bacterianos de la microbiota de la leche materna

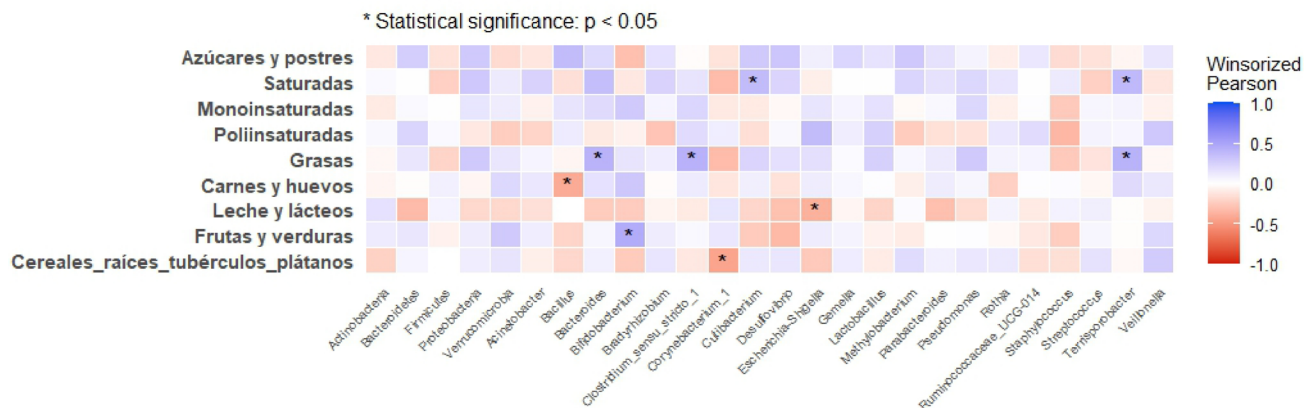
La microbiota de la leche materna fue descrita y publicada previamente (7), donde, en términos generales, 50% de la microbiota estuvo representada por los géneros *Streptococcus* spp., *Staphylococcus* spp. y *Corynebacterium* 1 spp. y los filos representativos fueron *Firmicutes* (69%), seguido de *Actinobacteria* (10%) y *Proteobacteria* (9.6%) (Figura 1).

La ingesta de grupos de alimentos específicos mostró correlaciones significativas con los géneros de la leche (Figura 2). El consumo del grupo de grasas que incluye alimentos fuente de grasa tanto de origen vegetal (aceites vegetales y margarina) como de origen animal (crema de leche, mantequilla, manteca de cerdo), se correlacionó de forma positiva con los géneros *Bacteroides* spp. ( $r=0,412, p=0,02$ ) y *Clostridium sensu stricto* 1 spp. ( $r=0,416 p=0,02$ ) mientras que el consumo del grupo de grasas saturadas (crema de leche, queso crema, mantequilla, aceite de palma y manteca de cerdo) con *Cutibacterium* spp. ( $r=0,364 p=0,04$ ) y *Terrisporobacter* spp. ( $r=0,376 p=0,04$ ). La ingesta de leche y lácteos mostró una correlación negativa con *Escherichia-Shigella* spp. ( $r=-0,376 p=0,04$ ) y el consumo



Actinobacteria Bacteroidetes Firmicutes Fusobacteria Proteobacteria

**Figura 1.** Principales filos bacterianos identificados en la leche humana de las mujeres participantes.



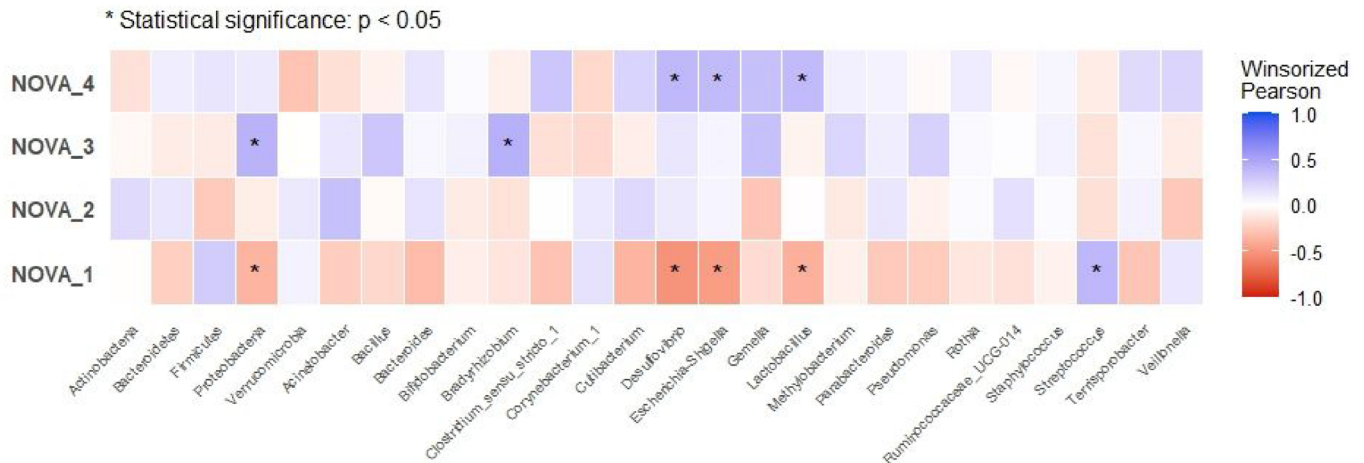
**Figura 2.** Correlaciones entre el consumo de grupos de alimentos según las guías alimentarias colombianas y taxones bacterianos de la leche materna.

de frutas y verduras una relación positiva con *Bifidobacterium* spp. ( $r = 0,449$   $p = 0,01$ ). No se evidenciaron relaciones con los principales filos bacterianos ( $p > 0,05$ ).

*Relación entre el grado de procesamiento de los alimentos consumidos y taxones bacterianos de la microbiota de la leche materna.*

El análisis de la relación entre el grado de procesamiento de los alimentos y la

microbiota de la leche materna, mostró correlaciones moderadas y fuertes. El consumo de alimentos mínimamente procesados presentó una correlación negativa significativa con el filo *Proteobacteria* ( $r = -0,37$ ;  $p = 0,04$ ) y los géneros *Desulfovibrio* spp. ( $r = -0,52$ ;  $p \leq 0,01$ ) y *Escherichia-Shigella* spp. ( $r = -0,47$ ;  $p \leq 0,01$ ), mientras que el consumo de alimentos procesados presentó correlación positiva con *Proteobacteria* ( $r = 0,47$ ;  $p = 0,02$ ) y la ingesta de ultraprocesados con *Escherichia-Shigella* spp. ( $r = 0,36$ ;  $p = 0,04$ ), *Lactobacillus* spp. ( $r = 0,37$ ;  $p = 0,04$ ) y *Desulfovibrio* spp. ( $r = 0,38$   $p = 0,037$ ) (Figura 3).



**Figura 3.** Correlaciones entre el consumo calórico según el grado de procesamiento de los alimentos y taxones bacterianos de la leche materna.

### Discusión

Los resultados de este estudio exploratorio en Colombia muestran que el consumo en la madre lactante de ciertos grupos de alimentos y su grado de procesamiento se relacionan con taxones específicos de la microbiota de la leche materna, algunos de ellos asociados a condiciones inflamatorias y otros importantes para la salud metabólica e inmunológica del lactante.

En cuanto al consumo de los grupos de alimentos, en este estudio identificamos que el consumo materno de leche y lácteos, siendo la leche la fuente más representativa en este grupo de mujeres, se relacionó con menor abundancia de *Escherichia-Shigella* spp., al respecto, Aslam *et al.* (40), en una revisión sistemática de la literatura en la que evaluaron el efecto de la ingesta de todos los tipos de lácteos sobre la microbiota intestinal en adultos, reportaron que el consumo de leche y productos lácteos fermentados (yogur y kéfir) puede modular la microbiota intestinal, al favorecer el crecimiento de géneros bacterianos saludables como *Lactobacillus* spp. y *Bifidobacterium* spp., al tiempo que limita el crecimiento de potenciales patógenos.

En esta misma línea, Costa de Almeida *et al.* (41), en un experimento con murinos, encontraron que el suministro de kéfir por 21 días a hembras lactantes, incrementó la abundancia de bacterias productoras de butirato en la microbiota intestinal del lactante.

Estos hallazgos reafirman la importancia de la leche y sus derivados en la alimentación durante el posparto, no solo por su aporte de proteínas, vitaminas y minerales como el calcio, sino también por los efectos benéficos que pueden tener en la modulación de la microbiota de la leche que será transferida al lactante.

Un género que ha sido considerado de gran relevancia para la salud infantil es *Bifidobacterium* spp., el cual favorece la integridad de la barrera intestinal, previene la adhesión de patógenos y genera ácidos grasos de cadena corta tras la fermentación de los oligosacáridos de la leche humana (38). En esta investigación, encontramos que la ingesta materna de frutas y vegetales se relacionó de forma positiva con la abundancia de este género bacteriano, al respecto, Cortes-Macías *et al.* (10) identificaron que en la leche materna de mujeres que consumieron proteínas vegetales, fibra y carbohidratos, la abundancia relativa de *Bifidobacterium* spp. era superior en comparación con las mujeres cuya alimentación se caracterizaba por lípidos y proteínas de origen animal. Por su parte, Fan *et al.* (42), demostraron que la ingesta de más de una taza de frutas y más de una taza de verduras al día en la gestación tuvo un efecto en la microbiota del bebé a los

dos meses de edad, con mayor abundancia de *Lactococcus* spp., *Parabacteroides* spp., *Cutibacterium* spp., *Propionibacteriales*, *Tannerellaceae* y *Propionibacteriaceae*.

Si bien estos análisis derivan del consumo durante la gestación, los resultados de nuestro estudio hacen pensar que los efectos pueden mantenerse o potenciarse a partir del consumo de alimentos en las madres lactantes durante el posparto, de esta manera, el patrón alimentario de la madre en ambos periodos debe incluir diversidad de frutas y verduras, al igual que otras fuente de fibra dietaria, como estrategia alimentaria para potenciar la abundancia de bifidobacterias en la leche materna y modular la microbiota del lactante, lo cual podría jugar un rol protagónico en la prevención de infecciones, al favorecer el desarrollo del sistema inmune en el recién nacido (43).

En cuanto al consumo de alimentos fuente de grasa tanto de origen vegetal (aceites vegetales y margarina) así como origen animal (crema de leche, mantequilla, manteca de cerdo) agrupadas en las grasas, encontramos una relación positiva con mayor abundancia de *Bacteroides* spp. en la leche, hallazgo que coincide con lo reportado por Cortes-Macías *et al.* (10), sin embargo, Chu *et al.* (44), encontraron que la dieta materna alta en grasas se asoció con menor abundancia relativa de *Bacteroides* spp. en la microbiota infantil. El género *Bacteroides* spp. ha sido considerado relevante en el proceso de maduración y entrenamiento del sistema inmunológico del lactante y su aparición en la microbiota intestinal esta precedida por *Escherichia* y *Bifidobacterium* spp. (45). La relación ingesta de alimentos fuente de grasa y *Bacteroides* spp. en la leche materna merece una atención especial, ya que, si bien este género puede tener un papel positivo para la salud del lactante, su enriquecimiento suele estar dado con la introducción de los alimentos complementarios (46), y por tanto, un incremento en la abundancia durante los primeros meses de vida podría estar asociado a una maduración temprana del microbioma, la cual se ha relacionado con alteraciones en salud como el exceso de peso en la etapa pediátrica (47).

Respecto al tipo de grasas consumidas, identificamos una relación entre la ingesta de grasas saturadas proveniente de crema de leche, queso crema, mantequilla, aceite de palma y manteca de cerdo con los géneros *Cutibacterium* spp. y *Terrisporobacter* spp. Estas relaciones no han sido claramente documentadas y contribuyen a nuevos planteamientos y análisis para su comprensión. Específicamente Ou *et al.* (48). identificaron una mayor abundancia relativa del género *Terrisporobacter* spp., en niños con comportamiento internalizante, es decir, problemas psicológicos como la ansiedad y depresión; por su parte, Han *et al.* (49), en un análisis en el cual compararon la microbiota intestinal de niños con baja estatura idiopática y niños con deficiencia de la hormona del crecimiento, encontraron que la abundancia *Terrisporobacter* spp. fue significativamente mayor en el primer grupo, lo que hace pensar en la importancia del tipo de grasas que son consumidos por la mujer lactante, que además de su efecto en la microbiota, se ha documentado que la composición lipídica de la leche humana está influenciada por la ingesta materna (50).

Frente al grado de procesamiento de los alimentos, aunque los alimentos mínimamente procesados representaron la principal fuente de energía materna, el consumo de ultraprocesados superó el 10% de la ingesta calórica diaria en más de la mitad de las mujeres. Las recomendaciones locales (51) resaltan la importancia de mantener una ingesta inferior a este valor, por los efectos negativos en la salud asociados a una baja calidad de la dieta, lo que cobra aún más relevancia en el contexto de los primeros mil días de vida (52,53) y la reciente evidencia asociada al microbioma humano (14,54). En este estudio identificamos que el consumo de alimentos procesados y ultraprocesados se relacionó con mayor abundancia del filo Proteobacteria, específicamente los géneros *Escherichia-Shigella* spp. y *Desulfovibrio* spp. Las Proteobacterias, han sido relacionadas con diversas enfermedades tanto intestinales como extraintestinales que tienen en común la inflamación, por lo que se han considerado un marcador de enfermedad (55). El incremento de Proteobacterias se ha relacionado con alteraciones en salud como la enterocolitis necrotizante, al incrementar la respuesta del sistema inmune y favorecer la translocación bacteriana en el lactante (56). Particularmente, el género *Desulfovibrio* spp., caracterizado por la producción de sulfuro de hidrógeno se ha relacionado con la secreción de citoquinas inflamatorias y lesión intestinal (57).

Además de lo anterior, evidenciamos una asociación positiva entre *Lactobacillus* spp. y el consumo de ultraprocesados, esta relación puede estar dada por la disponibilidad de azúcares en estos productos para el metabolismo sacarolítico propio de este grupo bacteriano, sin embargo, aunque este género se ha relacionado con efectos benéficos en la salud del lactante, se ha reportado un incremento de ciertas cepas en el contexto de la obesidad infantil (58). Lo anterior, hace pensar en la relevancia de limitar la ingesta de productos ultraprocesados durante el posparto, por las posibles implicaciones que puede tener en la abundancia de taxones potencialmente inflamatorios en la leche materna que será transferida al lactante.

Estos hallazgos develan la importancia de garantizar la seguridad alimentaria, la disponibilidad, la diversidad y la calidad de los alimentos, y el asesoramiento nutricional no solo durante la gestación, sino en la etapa de lactancia; período en el cual la vigilancia del consumo de alimentos y el estado nutricional de la mujer es nulo o limitado, ya que se da prioridad a la atención del recién nacido, olvidando la necesidad de cuidados de la mujer que amamanta. Es imperante, poner la mirada y atención en la mujer lactante, ante la evidencia científica que muestra que cambios aberrantes en la microbiota intestinal en los primeros tres meses de vida pueden repercutir de forma negativa en la salud a corto, mediano y largo plazo(43).

Entre las fortalezas del estudio se destaca la presentación de un análisis basado en grupos de alimentos de las guías alimentarias para Colombia y su grado de procesamiento (NOVA), a partir de datos recolectados con una metodología de evaluación de ingesta dietética previamente validada, además de la rigurosidad en los criterios de elegibilidad de las mujeres participantes, incluyendo la verificación de la situación de seguridad alimentaria y nutricional, lo que favorece el control de factores modificables de la microbiota de la leche materna. Entre las limitaciones del estudio, se reconoce que la evaluación dietética se realizó mediante recordatorio de 24 horas y no incluyó un cuestionario de frecuencia de consumo de alimentos, por lo que la caracterización del patrón alimentario habitual de largo plazo pudo haber sido limitada. Además, el análisis de los taxones microbianos de la leche materna no se realizó por duplicado y fue llevado a cabo en un solo punto temporal.

## Conclusiones

Los resultados de este estudio evidencian que el consumo en madres lactantes de leche y productos lácteos, frutas y verduras, así como alimentos mínimamente procesados en el primer trimestre de lactancia materna exclusiva, podrían vincularse con un perfil bacteriano en la leche materna potencialmente benéfico para la salud del lactante, por el contrario, la ingesta de alimentos procesados y ultraprocesados podría favorecer la abundancia de taxones asociados a efectos deletéreos en salud, lo que hace relevante la alimentación y nutrición de la mujer lactante como una ruta biológica de interés para favorecer el ensamblaje de un microbioma saludable en los primeros 1000 días de vida a través de la modulación de taxones específicos de la leche materna. Estos hallazgos, dan apertura a nuevas preguntas para ser validadas en futuras investigaciones que relacionen los patrones alimentarios específicos e intervenciones nutricionales durante la lactancia con taxones y métricas de ecología microbiana en el eje materno-infantil.

## Agradecimientos

Los autores agradecen en primer lugar a las mujeres participantes del estudio y a la Fundación para la Promoción de la Investigación y la Tecnología del Banco de la República de Colombia (No. 202508) por los recursos aportados para el desarrollo del trabajo.

## Conflictos de intereses

Los autores declaramos que no existe conflicto de interés en el desarrollo de este trabajo y que la entidad financiadora no participo en ningún componente del proceso de investigación.

## Referencias

1. Lv H, Zhang L, Han Y, Wu L, Wang B. The development of early life microbiota in human

- health and disease. *Engineering (Beijing)*. 2022; 12:101-114. doi:[10.1016/j.eng.2020.12.014](https://doi.org/10.1016/j.eng.2020.12.014)
2. Robertson RC, Manges AR, Finlay BB, Prendergast AJ. The human microbiome and child growth—first 1000 days and beyond. *Trends Microbiol*. 2019;27(2):131-47. doi:[10.1016/j.tim.2018.09.008](https://doi.org/10.1016/j.tim.2018.09.008)
  3. Meng L, Xie H, Li Z, Tye KD, Fan G, Huang T, et al. Gut-mammary pathway: breast milk microbiota as a mediator of maternal gut microbiota transfer to the infant gut. *J Funct Foods*. 2025; 124:106620. doi:[10.1016/j.jff.2024.106620](https://doi.org/10.1016/j.jff.2024.106620)
  4. Laursen MF, Pekmez CT, Larsson MW, Lind MV, Yonemitsu C, Larnkjær A, et al. Maternal milk microbiota and oligosaccharides contribute to the infant gut microbiota assembly. *ISME Commun*. 2021;1(1):21. doi:[10.1038/s43705-021-00021-3](https://doi.org/10.1038/s43705-021-00021-3)
  5. Dombrowska-Pali A, Wiktorczyk-Kapischke N, Chrustek A, Olszewska-Słonina D, Gospodarek-Komkowska E, Socha MW. Human milk microbiome—a review of scientific reports. *Nutrients*. 2024;16(10):1420. doi:[10.3390/nu16101420](https://doi.org/10.3390/nu16101420)
  6. Vázquez-Frías R, Ladino L, Bagés-Mesa MC, Hernández-Rosiles V, Ochoa-Ortiz E, Alomía M, et al. Consenso de alimentación complementaria de la Sociedad Latinoamericana de Gastroenterología, Hepatología y Nutrición Pediátrica: COCO 2023. *Rev Gastroenterol Mex*. 2023;88(1):57-70. doi:[10.1016/j.rgmx.2022.11.001](https://doi.org/10.1016/j.rgmx.2022.11.001)
  7. Taylor R, Keane D, Borrego P, Arcaro K. Effect of maternal diet on maternal milk and breastfed infant gut microbiomes: a scoping review. *Nutrients*. 2023;15(6):1420. doi:[10.3390/nu15061420](https://doi.org/10.3390/nu15061420)
  8. Padilha M, Danneskiold-Samsøe NB, Brejnrod A, Hoffmann C, Cabral VP, Iaucci JM, et al. The human milk microbiota is modulated by maternal diet. *Microorganisms*. 2019;7(11):502. doi:[10.3390/microorganisms7110502](https://doi.org/10.3390/microorganisms7110502)
  9. Londoño-Sierra DC, Mesa V, Guzmán NC, Bolívar-Parra L, Montoya-Campuzano OI, Restrepo-Mesa SL. Maternal diet may modulate breast milk microbiota—a case study in a group of Colombian women. *Microorganisms*. 2023;11(7):1812. doi:[10.3390/microorganisms11071812](https://doi.org/10.3390/microorganisms11071812)
  10. Cortes-Macías E, Selma-Royo M, García-Mantrana I, Calatayud M, González S, Martínez-Costa C, et al. Maternal diet shapes the breast milk microbiota composition and diversity: impact of mode of delivery and antibiotic exposure. *J Nutr*. 2021;151(2):330-40. doi:[10.1093/jn/nxaa310](https://doi.org/10.1093/jn/nxaa310)
  11. Shenker NS, Perdonés-Montero A, Burke A, Stickland S, McDonald JAK, Alexander-Hardiman K, et al. Metabolomic and metataxonomic fingerprinting of human milk suggests compositional stability over a natural term of breastfeeding to 24 months. *Nutrients*. 2020;12(11):3450. doi:[10.3390/nu12113450](https://doi.org/10.3390/nu12113450)
  12. Marsh AJ, Azcarate-Peril MA, Aljumaah MR, Neville J, Perrin MT, Dean LL, et al. Fatty acid profile driven by maternal diet is associated with the composition of human milk microbiota. *Front Microbiomes*. 2022;1. doi:[10.3389/frmbi.2022.1041752](https://doi.org/10.3389/frmbi.2022.1041752)
  13. Correa-Madrid MC, Cediel G. Momentos alimentarios y consumo de productos ultraprocesados durante el día, Antioquia, Colombia. *Arch Latinoam Nutr*. 2024;73(S2):24-34. doi:[10.37527/2023.73.S2.004](https://doi.org/10.37527/2023.73.S2.004)
  14. Bolte LA, Vich Vila A, Imhann F, Collij V, Gacesa R, Peters V, et al. Long-term dietary patterns are associated with pro-inflammatory and anti-inflammatory features of the gut microbiome. *Gut*. 2021;70(7):1287-98. doi:[10.1136/gutjnl-2020-322670](https://doi.org/10.1136/gutjnl-2020-322670)
  15. Turpin W, Dong M, Sasson G, Raygoza Garay JA, Espin-Garcia O, Lee SH, et al. Mediterranean-like dietary pattern associations with gut microbiome composition and subclinical gastrointestinal inflammation. *Gastroenterology*. 2022;163(3):685-98. doi:[10.1053/j.gastro.2022.05.037](https://doi.org/10.1053/j.gastro.2022.05.037)
  16. Di Vincenzo F, Del Gaudio A, Petito V, Lopetuso LR, Scaldaferri F. Gut microbiota, intestinal permeability, and systemic inflammation: a narrative review. *Intern Emerg Med*. 2024;19(2):275-93. doi:[10.1007/s11739-023-03374-w](https://doi.org/10.1007/s11739-023-03374-w)
  17. Londoño Asano E, Calvo Betancur VD, Restrepo Mesa SL. Factores asociados al estado nutricional en un grupo de mujeres lactantes de Antioquia, Colombia. *Rev Fac Nac Salud Publica*. 2022;40(3):e346933. doi:[10.17533/udea.rfnsp.e346933](https://doi.org/10.17533/udea.rfnsp.e346933)
  18. Arias-Gutiérrez MJ, Londoño-Sierra DC, Correa-Guzmán N, Restrepo-Mesa SL. Evaluación de ingesta dietética en un grupo de mujeres lactantes en dos poblaciones de Antioquia, Colombia, 2021-2022. *Rev Colomb Obstet Ginecol*. 2023;74(3):214-24. doi:[10.18597/rcog.4025](https://doi.org/10.18597/rcog.4025)
  19. Food and Agriculture Organization of the United Nations. Escala Latinoamericana y Caribeña de Seguridad Alimentaria (ELCSA): manual de uso y aplicaciones. Rome: FAO; 2012.
  20. Ferrari M. Intake estimation by means of a 24-hour recall. *Diaeta*. 2013;31(143).
  21. Manjarrés Correa LM, Hernández J, Cárdenas D. Métodos para precisar la recolección de la ingesta dietética en estudios poblacionales. *Perspect Nutr Humana*. 2007;9(2):155-63.
  22. Manjarrés Correa LM. Métodos para precisar la recolección de la ingesta dietética en estudios poblacionales. *Perspect Nutr Humana*. 2011;9(2):155-63. doi:[10.17533/udea.penh.9353](https://doi.org/10.17533/udea.penh.9353)
  23. Instituto Colombiano de Bienestar Familiar. Encuesta nacional de la situación nutricional en Colombia (ENSIN 2015). Bogotá: ICBF; 2019.
  24. Institute of Medicine. Dietary reference intakes: applications in dietary assessment. Washington (DC): National Academy Press; 2000.
  25. Cadavid MA, Restrepo LM, Rivillas YA, Sepúlveda LM. Concordancia entre el peso directo de porciones de alimentos ingeridas y la estimación de pesos con ayuda de figuras geométricas. *Perspect Nutr Humana*. 2006;15(1):31-43.
  26. World Health Organization. Physical status: the use and interpretation of anthropometry. Geneva: WHO; 1995.
  27. Manjarrés LM, Hernández JP, Cárdenas DL. Programa de evaluación de ingesta dietética (EVINDI) v5. Medellín: Universidad de Antioquia; 2015.
  28. Carriquiry A. PC-SIDE software for intake distribution estimation. Iowa State University.

29. Monteiro CA, Cannon G, Moubarac JC, Levy RB, Louzada ML, Jaime PC. The UN decade of nutrition, the NOVA food classification and the trouble with ultra-processing. *Public Health Nutr.* 2018;21(1):5-17. doi:[10.1017/S1368980017000234](https://doi.org/10.1017/S1368980017000234)
30. Instituto Colombiano de Bienestar Familiar, FAO. Guías alimentarias basadas en alimentos para mujeres gestantes y madres en lactancia. Bogotá; 2018.
31. Correa-Madrid MC, Correa Guzmán N, Bergeron G, Restrepo-Mesa SL, Cediel G. Validation of the NOVA score for the consumption of ultra-processed foods by young women of Medellín, Colombia. *Ann N Y Acad Sci.* 2023;1528(1):69-76. doi:[10.1111/nyas.15054](https://doi.org/10.1111/nyas.15054)
32. Restrepo-Mesa SL, Correa Guzmán N, Manjarrés Correa LM, Duque Franco L, Bergeron G. Food and nutrient intake of adolescent women in Medellín, Colombia. *Ann N Y Acad Sci.* 2023;1528(1):77-84. doi:[10.1111/nyas.15047](https://doi.org/10.1111/nyas.15047)
33. Correa Guzmán N, Sepúlveda Herrera DM, Restrepo Mesa SL, Cárdenas Sánchez DL, Mendoza Uribe AF, Manjarrés Correa LM. Ingesta dietética y patrón alimentario de mujeres gestantes y lactantes indígenas de Colombia. *Rev Fac Nac Salud Publica.* 2023;41(3):e352497. doi: [10.17533/udea.rfnsp.e352497](https://doi.org/10.17533/udea.rfnsp.e352497)
34. Bolyen E, Rideout JR, Dillon MR, Bokulich NA, Abnet CC, Al-Ghalith GA, et al. Reproducible, interactive, scalable and extensible microbiome data science using QIIME 2. *Nat Biotechnol.* 2019;37(8):852-7. doi:[10.1038/s41587-019-0209-9](https://doi.org/10.1038/s41587-019-0209-9)
35. Callahan BJ, McMurdie PJ, Rosen MJ, Han AW, Johnson AJA, Holmes SP. DADA2: high-resolution sample inference from Illumina amplicon data. *Nat Methods.* 2016;13(7):581-3. doi:[10.1038/nmeth.3869](https://doi.org/10.1038/nmeth.3869)
36. Rognes T, Flouri T, Nichols B, Quince C, Mahé F. VSEARCH: a versatile open source tool for metagenomics. *PeerJ.* 2016;4:e2584. doi:[10.7717/peerj.2584](https://doi.org/10.7717/peerj.2584)
37. Glöckner FO, Yilmaz P, Quast C, Gerken J, Beccati A, Ciuprina A, et al. 25 years of serving the community with ribosomal RNA gene reference databases and tools. *J Biotechnol.* 2017; 261:169-76. doi: [10.1016/j.jbiotec.2017.06.1198](https://doi.org/10.1016/j.jbiotec.2017.06.1198)
38. Stuivenberg GA, Burton JP, Bron PA, Reid G. Why are bifidobacteria important for infants? *Microorganisms.* 2022;10(2):278. doi:[10.3390/microorganisms10020278](https://doi.org/10.3390/microorganisms10020278)
39. Ventura-León J. Pearson winsorizado: un coeficiente robusto para las correlaciones con muestras pequeñas. *Rev Chil Pediatr.* 2020;91(4):642-3.
40. Aslam H, Marx W, Rocks T, Loughman A, Chandrasekaran V, Ruusunen A, et al. The effects of dairy and dairy derivatives on the gut microbiota: a systematic literature review. *Gut Microbes.* 2020;12(1):1799533. doi:[10.1080/19490976.2020.1799533](https://doi.org/10.1080/19490976.2020.1799533)
41. Costa de Almeida T, Sabino YNV, Brasiel PGA, Rocha BMO, Alpino GCA, Rocha VN, et al. Maternal kefir intake during lactation impacts the breast milk and gut microbiota of Wistar rat offspring. *Int J Food Sci Nutr.* 2025. doi:[10.1080/09637486.2025.2461142](https://doi.org/10.1080/09637486.2025.2461142)
42. Fan HY, Tung YT, Yang YC, Hsu JB, Lee CY, Chang TH, et al. Maternal vegetable and fruit consumption during pregnancy and its effects on infant gut microbiome. *Nutrients.* 2021;13(5):1559. doi:[10.3390/nu13051559](https://doi.org/10.3390/nu13051559)
43. Saturio S, Nogacka AM, Alvarado-Jasso GM, Salazar N, de los Reyes-Gavilán CG, Gueimonde M, et al. Role of bifidobacteria on infant health. *Microorganisms.* 2021;9(12):2415. doi:[10.3390/microorganisms9122415](https://doi.org/10.3390/microorganisms9122415)
44. Chu DM, Antony KM, Ma J, Prince AL, Showalter L, Moller M, et al. The early infant gut microbiome varies in association with a maternal high-fat diet. *Genome Med.* 2016; 8:77. doi:[10.1186/s13073-016-0330-z](https://doi.org/10.1186/s13073-016-0330-z)
45. Beller L, Deboutte W, Falony G, Vieira-Silva S, Tito RY, Valles-Colomer M, et al. Successional stages in infant gut microbiota maturation. *mBio.* 2021;12(6). doi:[10.1128/mBio.01857-21](https://doi.org/10.1128/mBio.01857-21)
46. Arrieta MC. Microbiome maturation trajectory and key milestones in early life. *Ann Nutr Metab.* 2025. doi:[10.1159/000543754](https://doi.org/10.1159/000543754)
47. Jian C, Carpén N, Helve O, de Vos WM, Korpela K, Salonen A. Early-life gut microbiota and its connection to metabolic health in children. *EBioMedicine.* 2021; 69:103475. doi: [10.1016/j.ebiom.2021.103475](https://doi.org/10.1016/j.ebiom.2021.103475)
48. Ou Y, Belzer C, Smidt H, de Weerth C. Development of the gut microbiota in healthy children in the first ten years of life. *Gut Microbes.* 2022;14(1). doi:[10.1080/19490976.2022.2038853](https://doi.org/10.1080/19490976.2022.2038853)
49. Han J, Huang C, Meng L, Wu H, Meng D. Children with idiopathic short stature exhibit similar changes in gut microbiota. *Endocr J.* 2025;72(7). doi:[10.1507/endocrj.EJ24-0615](https://doi.org/10.1507/endocrj.EJ24-0615)
50. Gil Gallego MT, Sánchez Moya T, Anishchenko Halkina S, Chaowdhary Beauty NJ, Lorenzo Quijada M, Doménech Asensi G. Influencia de la dieta materna en la composición de la leche materna. *Rev Esp Nutr Comunitaria.* 2025;31(1):45-54. doi:[10.63474/renc.v31i1.6](https://doi.org/10.63474/renc.v31i1.6)
51. Gobernación de Antioquia, Universidad de Antioquia. Perfil de seguridad alimentaria y nutricional de Antioquia. Medellín; 2019.
52. Oliveira PG, Sousa JM, Assunção DGF, Araujo EKS, Bezerra DS, Dametto JF, et al. Impacts of consumption of ultra-processed foods on maternal-child health: a systematic review. *Front Nutr.* 2022;9. doi:[10.3389/fnut.2022.821657](https://doi.org/10.3389/fnut.2022.821657)
53. Morales-Suarez-Varela M, Rocha-Velasco OA. Impact of ultra-processed food consumption during pregnancy on maternal and child health outcomes. *Clin Nutr ESPEN.* 2025; 65:288-304. doi: [10.1016/j.clnesp.2024.12.006](https://doi.org/10.1016/j.clnesp.2024.12.006)
54. Bevilacqua A, Speranza B, Racioppo A, Santillo A, Albenzio M, Derossi A, et al. Ultra-processed food and gut microbiota: do additives affect eubiosis? *Nutrients.* 2025;17(1):2. doi:[10.3390/nu17010002](https://doi.org/10.3390/nu17010002)
55. Rizzatti G, Lopetuso LR, Gibiino G, Binda C, Gasbarrini A. Proteobacteria: a common factor in human diseases. *Biomed Res Int.* 2017; 2017:9351507. doi:[10.1155/2017/9351507](https://doi.org/10.1155/2017/9351507)

56. Turróni F, Milani C, Duranti S, Lugli GA, Bernasconi S, Margolles A, et al. The infant gut microbiome as a microbial organ influencing host well-being. *Ital J Pediatr.* 2020;46(1):16. doi:[10.1186/s13052-020-0781-0](https://doi.org/10.1186/s13052-020-0781-0)
57. Zhou H, Huang D, Sun Z, Chen X. Effects of intestinal *Desulfovibrio* bacteria on host health and its potential regulatory strategies. *Microbiol Res.* 2024; 284:127725. doi: [10.1016/j.micres.2024.127725](https://doi.org/10.1016/j.micres.2024.127725)
58. Huerta-Ávila EE, Ramírez-Silva I, Torres-Sánchez LE, Díaz-Benítez CE, Orbe-Orihuela YC, Lagunas-Martínez A, et al. High Relative Abundance of *Lactobacillus reuteri* and Fructose Intake are Associated with Adiposity and Cardiometabolic Risk Factors in Children from Mexico City. *Nutrients.*2019;11(6):1207. doi: [10.3390/nu11061207](https://doi.org/10.3390/nu11061207). PMID: [31141963](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/31141963/).

Recibido: 09/10/2025  
Aceptado: 06/03/2026