

Microbioma urinario y su relación en las infecciones del tracto urinario

Urinary microbiome and its relationship with urinary tract infections

Iván Andrés Lindo-Barrozo¹ (ilindo1271@uta.edu.ec) (<https://orcid.org/0009-0009-0908-9340>)

Andrea Catalina Parra Rosero² (ac.parra@uta.edu.ec) (<https://orcid.org/0000-0001-6262-3682>)

Resumen

El microbioma urinario cumple un papel central en la fisiopatología de las infecciones del tracto urinario, ya que su equilibrio actúa como barrera natural frente a la colonización por patógenos y su alteración se asocia con cuadros recurrentes y mayor susceptibilidad a infecciones. Este artículo tiene como objetivo realizar una revisión sistemática cualitativa de estudios publicados entre 2020-2025 en PubMed, Scopus y Web of Science, que evaluaron la composición del microbioma urinario, sus cambios en presencia de infección y sus implicaciones clínicas. Se identificaron 28 artículos que cumplieron los criterios de inclusión. Los estudios muestran que el tracto urinario alberga comunidades microbianas complejas, con predominio de géneros como *Lactobacillus*, *Corynebacterium* y *Streptococcus* en sujetos sanos, mientras que en pacientes con infecciones recurrentes se observa disbiosis, pérdida de especies protectoras y aumento de bacterias oportunistas como *Escherichia coli*, *Enterococcus* y *Klebsiella*, así como una menor diversidad microbiana. Se describe un eje intestino-vejiga mediante el cual la microbiota intestinal puede actuar como reservorio de cepas uropatógenas. La integración de técnicas de secuenciación de nueva generación y cultivos ampliados mejora la caracterización del microbioma urinario y permite diferenciar disbiosis de infección activa. En conclusión, la evidencia respalda al microbioma urinario como componente clave en las infecciones urinarias y plantea nuevas estrategias diagnósticas y terapéuticas dirigidas a restaurar el equilibrio microbiano, como el uso de probióticos y otros abordajes ecológicos, aunque se requieren estudios clínicos controlados que validen su eficacia y definan su aplicación en la práctica médica.

Palabras clave: microbioma urinario, infecciones del tracto urinario, disbiosis, probióticos, urobioma.

Abstract

The urinary microbiome plays a central role in the pathophysiology of urinary tract infections, as its balance acts as a natural barrier against colonization by pathogens, and its alterations (dysbiosis) are associated with recurrent infections and increased susceptibility to infection. A qualitative systematic review was conducted of studies published between 2020 and 2025 in PubMed, Scopus, and Web of Science, which

¹ Interno de Medicina. Universidad Técnica de Ambato. Ecuador.

² Especialista en Urología. Universidad Técnica de Ambato. Ecuador.

evaluated the composition of the urinary microbiome, its changes in the presence of infection, and its clinical implications. Twenty-eight articles met the inclusion criteria. The studies show that the urinary tract harbors complex microbial communities, with a predominance of genera such as *Lactobacillus*, *Corynebacterium*, and *Streptococcus* in healthy subjects, while in patients with recurrent infections, dysbiosis, loss of protective species, and an increase in opportunistic bacteria such as *Escherichia coli*, *Enterococcus*, and *Klebsiella* are observed, along with reduced microbial diversity. Furthermore, a gut-bladder axis is described whereby the gut microbiota can act as a reservoir for uropathogenic strains, promoting urinary colonization and the recurrence of infections. The integration of next-generation sequencing techniques and expanded cultures improves the characterization of the urinary microbiome and allows differentiation between dysbiosis and active infection. In conclusion, the evidence supports the urinary microbiome as a key component in urinary tract infections and suggests new diagnostic and therapeutic strategies aimed at restoring microbial balance, such as the use of probiotics and other ecological approaches, although controlled clinical trials are still needed to validate their efficacy and define their application in medical practice.

Key words: urinary microbiome, urinary tract infections, dysbiosis, probiotics, urobiome.

Introducción

El microbioma urinario y su relación con las infecciones del tracto urinario (ITU) ha experimentado una transformación de conceptos importante en los últimos años, desplazando principalmente la teoría de una orina estéril hacia una visión en la que el tracto urinario alberga su propio ecosistema de microorganismos (Seo & Kim, 2025; Reasoner *et al*, 2025). Se define al microbioma urinario como el conjunto de microorganismos, sus genomas y productos metabólicos localizados en la orina y las superficies del tracto urinario, incluyendo bacterias, hongos y virus, así como arqueas en menor proporción (Bradley *et al*, 2025; Kim & Lee, 2023). La microbiota urinaria, por su parte, se refiere a las familias que lo conforman, como los Firmicutes, Actinobacteria, Proteobacteria y Bacteroidetes (Perez-Carrasco *et al*, 2021). Este sistema microbiano endógeno ha demostrado desempeñar un papel clave en el equilibrio fisiológico local, la defensa antimicrobiana y la prevención de la colonización patogénica (Kim & Lee, 2023).

Nuevas técnicas de secuenciación genómica además de métodos de cultivo expandido han permitido identificar una diversidad significativa de microorganismos en la orina, incluso en individuos sanos y en distintas etapas de la vida (Neugent *et al*, 2020; Mancuso *et al*, 2023). La composición y riqueza microbiana urinaria difiere según género, edad, estado hormonal, intervenciones médicas y comorbilidades urológicas (Jones-Freeman *et al*, 2021).

Las ITU que tradicionalmente fueron atribuidas a especies uropatógenas como la *Escherichia coli* o la *Klebsiella pneumoniae*, ahora se asocian, además a, transformaciones en la microbiota conocida como disbiosis, que pueden disminuir la

resistencia local a infecciones, incrementar la predisposición a recaídas y favorecer la colonización por cepas multirresistentes (Seo & Kim, 2025; Bradley *et al*, 2025). Por ejemplo, una menor abundancia de *Lactobacillus crispatus* y una sobreexpresión de Enterobacteriaceae y Proteobacteria suelen correlacionarse con mayor incidencia de ITU recurrentes, especialmente en mujeres y pacientes bajo manejo de catéteres (Perez-Carrasco *et al*, 2021; Mancuso *et al*, 2023). Mientras que otras familias como las firmicutes y lactobacilos actúan como factores protectores (Seo & Kim, 2025; Reasoner & Deresinski, 2025).

Se ha demostrado que la diversidad bacteriana es notoriamente reducida en contextos de ITU sintomáticas frente a controles de pacientes sanos. Los cambios en el microbioma urinario pueden anticipar episodios infecciosos o incluso la aparición de resistencia a antibióticos (Bradley *et al*, 2025; Zhang *et al*, 2025). Estudios con secuenciación de nueva generación han aportado resultados innovadores sobre la interacción del microbioma urinario con la microbiota intestinal y vaginal, sugiriendo la existencia de un eje fisiopatológico e inmunológico que conecta estos ecosistemas y predispone a procesos infecciosos cuando se pierde la homeostasis (Choi *et al*, 2024; Jones-Freeman *et al*, 2021). Actualmente se sabe que, el manejo terapéutico de las ITU debe ir más allá de la erradicación microbiológica tradicional, explorando alternativas que restablezcan el equilibrio bacteriano y promuevan la restitución de cepas protectoras (Seo & Kim, 2025; Mancuso *et al*, 2023; Bradley *et al*, 2025). Se considera relevante la búsqueda de estrategias diagnósticas y terapéuticas que incluyan el análisis del microbioma urinario, el empleo de probióticos, agentes ecológicos y técnicas de medicina personalizada orientadas a modular la biodiversidad microbiana (Neugent *et al*, 2020; Reasoner *et al*, 2025).

Por tanto, el objetivo principal de esta investigación es analizar la evidencia bibliográfica disponible para determinar la relación entre el microbioma urinario y las infecciones repetitivas del tracto urinario, con el fin de proponer nuevos enfoques terapéuticos en el campo. Se describirá con precisión la composición del microbioma urinario, identificando los principales géneros y especies microbianos presentes en sujetos sanos y en quienes presentan infecciones recurrentes. Así mismo, se plantea conocer los posibles mecanismos fisiopatológicos mediante los cuales el microbioma urinario actúa como factor protector del sistema urinario, considerando cómo su desequilibrio puede predisponer o facilitar la instauración y recurrencia de procesos infecciosos.

Materiales y métodos

Se trata de una revisión sistemática de carácter cualitativa.

Para la recolección de información se utilizó una técnica documental mediante una revisión bibliográfica de artículos y publicaciones de carácter científico, sobre el microbioma urinario y su relación en las infecciones del tracto urinario. Se empleó una metodología detallada que garantiza la exhaustividad y la relevancia de la investigación.

Criterios de elegibilidad

Se incluyeron artículos científicos que brindaron resultados respecto al microbioma urinario y su relación en las infecciones del tracto urinario. Se consideraron estudios en inglés y español de los últimos 6 años. Se excluyeron los estudios que no brindaron resultados con el suficiente soporte científico o que no fueron concluyentes, al igual que comentarios científicos, cartas al editor o cartas de opinión científica.

Estrategias de búsqueda

Se llevó a cabo una búsqueda electrónica sistemática de artículos publicados desde enero del 2020 hasta octubre 2025 en las bases de datos PubMed, Scopus, Web of Science, además, se emplearon otros filtros para limitar los resultados a artículos originales, revisiones sistemáticas, metaanálisis y estudios experimentales en idiomas inglés, español, francés, italiano y portugués, con texto completo disponible. Se ha priorizando estudios con enfoque humano y relevancia clínica.

Se realizó la estrategia de búsqueda utilizando los descriptores MeSH (Medical Subject Headings) y términos equivalentes en inglés y español, con el propósito de garantizar una recuperación amplia y precisa de la literatura científica: “Urinary Microbiota”, “Urinary Microbiome”, “Urobiome”, “Urinary Tract Infections”, “Recurrent Urinary Tract Infections”, “Dysbiosis”, “Gut-Urinary Axis” y “Bacterial Communities”. Asimismo, se incluyeron los términos en español “microbiota urinaria”, “infecciones del tracto urinario”, y “disbiosis” para ampliar la búsqueda en bases de datos científicos. Se aplicaron operadores booleanos combinando los conceptos clave de la siguiente manera: (“Urinary Microbiota” OR “Urinary Microbiome” OR “Urobiome”) AND (“Urinary Tract Infection” OR “Recurrent Urinary Tract Infection”) AND (“Dysbiosis” OR “Microbial Diversity”).

Selección de estudios

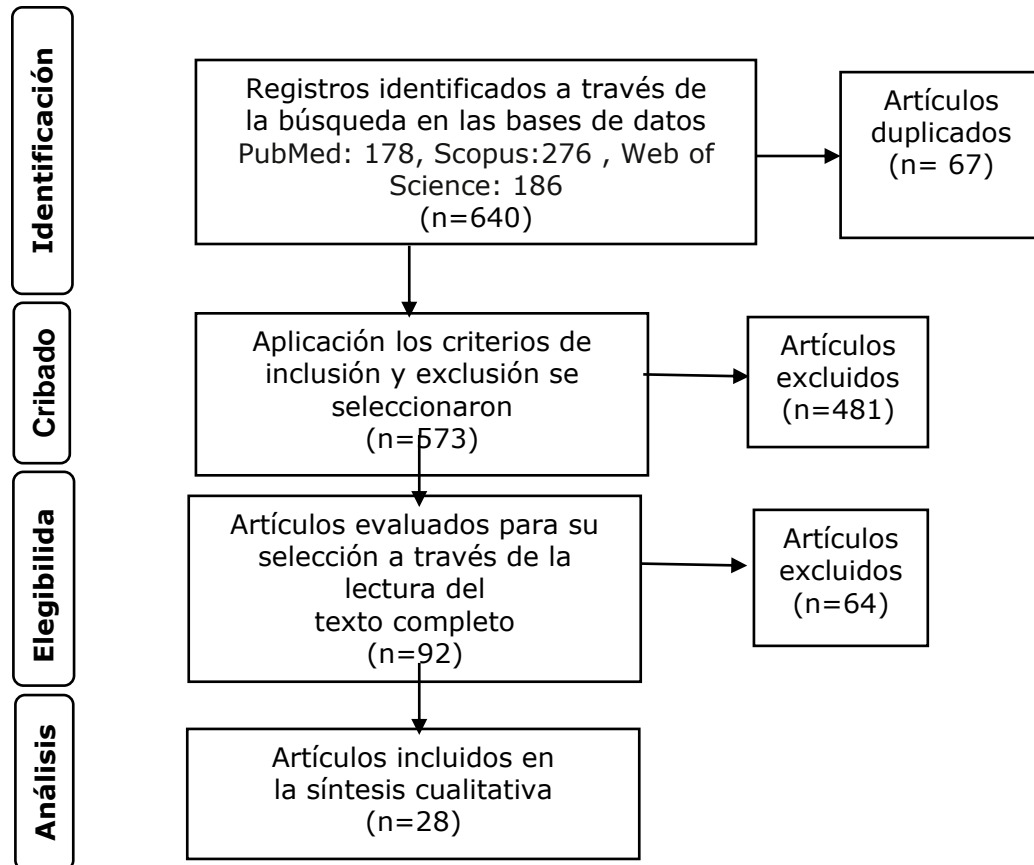
Se eligieron artículos científicos como artículos originales, revisiones sistemáticas, metaanálisis y estudios experimentales, los cuales proporcionan el cociente de riesgo instantáneo (HR), intervalo de confianza (IC) y nivel de significancia (p) del microbioma urinario y su relación en las infecciones del tracto urinario.

Extracción y síntesis de resultados

Se realizó mediante el uso de un formulario que incluye: autores, año de publicación, diseño metodológico, resultados. Se incluyeron finalmente 28 artículos para la estructuración de esta investigación.

Figura 1.

Diagrama de flujo de selección de los estudios PRISMA



Fuente: Elaboración propia.

Resultados

El tradicional paradigma de que la orina es un ambiente estéril ha sido transformado radicalmente gracias a los avances en las tecnologías de secuenciación genética (NGS) y los cultivos cuantitativos ampliados, los cuales han confirmado la existencia de un “microbioma urinario” también conocido como urobioma el cual es dinámico, específico y fundamental para la salud del tracto urinario (Kim & Lee, 2023; Reasoner *et al*, 2025). El microbioma urinario, definido como el conjunto de microorganismos y sus genomas presentes en la orina y el tracto urinario, incluye bacterias, hongos, virus y arqueas, los cuales tienen un equilibrio aún poco entendido e insistentemente estudiado (Zhang *et al*, 2025; Saenz *et al*, 2025).

La composición del microbioma urinario está determinada por factores individuales como la edad, el sexo, la anatomía urogenital, el estado hormonal y las intervenciones médicas, lo que influye notablemente en los géneros bacterianos predominantes en

cada grupo poblacional (Reasoner *et al*, 2025). En mujeres en edad reproductiva predomina el género *Lactobacillus*, reconocido por su papel en la estabilidad y defensa local mediante la producción de metabolitos antimicrobianos y modulación inmunitaria. En contraste, *Corynebacterium* y *Streptococcus* son más frecuentes en hombres y personas mayores, también contribuyendo a la protección del microambiente urinario (Perez-Carrasco *et al*, 2021; Reasoner *et al*, 2025).

El desequilibrio o disbiosis de estas especies comensales favorece la aparición de ITU y aumenta la susceptibilidad a la colonización por patógenos multirresistentes (Bradley *et al*, 2025; Choi *et al*, 2024). Así, pacientes con infecciones urinarias recurrentes suelen mostrar una disminución de especies protectoras y un aumento de microorganismos oportunistas como *Escherichia coli*, *Enterococcus* y *Klebsiella*, cuyo predominio se asocia con mayor riesgo de ITU y recurrencia (Bradley *et al*, 2025; Zhang *et al*, 2025).

Las ITU no se producen únicamente por la invasión directa de bacterias uropatógenas, sino también por el deterioro de las comunidades microbianas del urobioma y el impacto de factores de riesgo como el uso repetido de antibióticos, la cateterización, la edad avanzada y la inmunosupresión (Kim & Lee, 2023; Zhang *et al*, 2025; Choi *et al*, 2024). Estudios metagenómicos han demostrado que el equilibrio entre las familias de los Firmicutes, Proteobacterias, Actinobacterias y Bacteroidetes es determinante en la prevención y evolución de las ITU, donde una alta diversidad alfa y la presencia de especies comensales constituyen una barrera natural contra infecciones (Mancuso *et al*, 2023; Choi *et al*, 2024).

Desde la perspectiva epidemiológica global, las ITU constituyen una de las infecciones bacterianas más frecuentes del mundo, estudios indican que entre 1990 y 2019 el número absoluto de casos aumentó en un 60,4 %, alcanzando aproximadamente 404,6 millones de nuevos casos en 2019, aunque la tasa de incidencia ajustada por edad (ASIR) se ha mantenido relativamente estable (50 por cada 1.000 personas/año) (Yang *et al*, 2022). Un análisis más reciente estimó un incremento del 66,45% en los casos de ITU entre 1990 y 2021 llegando a 4.490 millones de casos en ese año, con una ASIR global de 5.531,88 por cada 100.000 habitantes (He *et al*, 2025). Se observa que las mujeres tienen una tasa de incidencia aproximadamente cuatro veces mayor que los hombres, y que las regiones de América Latina tropical presentan de las más elevadas tasas a nivel mundial (He *et al*, 2025).

En Latinoamérica, estudios recientes apuntan a una prevalencia especialmente alta de ITU en poblaciones vulnerables como mujeres embarazadas y adultos mayores; lo que evidencia que ciertos factores sociodemográficos como el acceso a servicios básicos y de salud juegan un papel importante en las resistencias antimicrobianas (de Souza *et al*, 2023). A nivel de Ecuador, aunque los datos nacionales específicos sobre el urobioma son escasos, estudios locales han demostrado una elevada incidencia de ITU comunitarias con dificultades de identificación microbiológica tradicional y creciente resistencia antibiótica; un estudio con mujeres indígenas de Otavalo documentó una

tasa de discrepancia entre identificación bioquímica y molecular de Enterobacteriales en > 30 % de los aislamientos, lo que evidencia la necesidad de incorporar técnicas moleculares en la vigilancia local (Bastidas-Caldes *et al*, 2024). Estas cifras reflejan una carga considerable de ITU en el país y subrayan la relevancia de investigar la microbiota urinaria localmente.

El microbioma urinario sano cumple una función esencial como barrera competitiva frente a la colonización por patógenos y contribuye a la protección inmunológica del tracto urinario mediante la producción de metabolitos antimicrobianos, principalmente ácido láctico y peróxido de hidrógeno, generados por especies de *Lactobacillus* (Kim & Lee, 2023; Seo & Kim, 2025; Pastuszka *et al*, 2025; Corrales-Acosta *et al*, 2025). Estos compuestos mantienen un pH ácido, inhiben la proliferación de bacterias infecciosas y favorecen la estabilidad microbiana. Destacan en particular cepas como *Lactobacillus crispatus* y *L. iners*, que compiten eficazmente por adhesión y nutrientes, dificultando la implantación y el crecimiento de microorganismos patógenos (Ravel *et al*, 2011; Corrales-Acosta *et al*, 2025).

La reducción significativa de *Lactobacillus*, especialmente en mujeres postmenopáusicas o pacientes con vejiga neurogénica, se asocia a una mayor incidencia de infecciones urinarias recurrentes por especies como *Gardnerella vaginalis* y familias multirresistentes de Enterobacteriaceae (Zhang *et al*, 2025; Bradley *et al*, 2025; Carnes *et al*, 2023). Además de la exclusión competitiva, el microbioma urinario regula la respuesta inmune local a través de la modulación de células dendríticas, linfocitos y citocinas antiinflamatorias, lo que limita la inflamación excesiva y facilita la eliminación de patógenos (Bradley *et al*, 2025; Reasoner *et al*, 2025). La elevada diversidad alfa fortalece la resiliencia del ecosistema urinario ante factores perturbadores como antibióticos o procedimientos invasivos, disminuyendo el riesgo de disbiosis y la recurrencia de infecciones (Choi *et al*, 2024; Mancuso *et al*, 2023).

Estos mecanismos integrados sustentan el papel protector fisiológico del microbioma urinario y su importancia en la prevención de infecciones recurrentes. Asimismo, se ha descrito que ciertos géneros como *Streptococcus*, *Enterococcus* y *Staphylococcus* pueden desempeñar roles duales, actuando como comensales y como patógenos oportunistas, especialmente en pacientes con alteraciones estructurales o con compromiso inmunológico (Choi *et al*, 2024; Reasoner *et al*, 2025).

Uno de los descubrimientos más relevantes de la última década es la identificación del eje “intestino-vesical”. Diversos estudios han demostrado la coincidencia clonal entre cepas intestinales y uropatógenas de *Escherichia coli*, lo que respalda la hipótesis de tránsito y colonización cruzada entre distintos reservorios microbianos, principalmente el intestino, la zona perineal, la región vaginal y la uretra (Choi *et al*, 2024; Naji *et al*, 2024). Estos mecanismos constituyen procesos centrales en la patogénesis de las infecciones del tracto urinario. La evidencia metagenómica y genómica indica que muchas cepas uropatógenas derivan de la microbiota intestinal, iniciando su colonización en este sitio y desplazándose posteriormente hacia la región perineal y

uretral, lo que explica la recurrencia de episodios de bacteriuria y cistitis, especialmente en mujeres (Magruder *et al*, 2020; Worby *et al*, 2022).

La transferencia cruzada se ve favorecida por factores que comprometen las barreras microbianas locales, como la disbiosis vaginal, prácticas higiénicas inadecuadas, uso prolongado de antibióticos y condiciones predisponentes —entre ellas el cateterismo o la incontinencia—, que facilitan la persistencia y ascenso de patógenos desde la microbiota intestinal o perineal hacia la vejiga (Salazar *et al*, 2022; Choi *et al*, 2023). El tránsito bacteriano no representa únicamente un fenómeno físico, sino también un proceso biológico que propicia la interacción entre las comunidades microbianas y el huésped, afectando la eliminación de metabolitos intestinales, reduciendo la producción de ácidos grasos de cadena corta y modulando las respuestas inmunitarias. Estas alteraciones pueden generar un entorno propicio para la colonización urinaria, perpetuando ciclos de infección y recurrencia.

Estudios recientes han documentado la presencia de reservorios intracelulares y biopelículas en el epitelio vesical que actúan como fuentes de reinfección endógena. Desde la perspectiva genómica, se ha confirmado la identidad entre aislamientos intestinales y urinarios en múltiples casos, lo que resalta la necesidad de abordar la ecología microbiana sistémica —y no únicamente los patógenos aislados— al desarrollar estrategias preventivas y terapéuticas (Worby *et al*, 2022; Miller *et al*, 2024).

Respecto al diagnóstico y manejo, se ha comprobado que el análisis del microbioma urinario mediante NGS y cultivos ampliados permite diferenciar mejor la disbiosis de la infección activa, distinguir bacteriuria asintomática de ITU sintomática e identificar microorganismos previamente no detectados en cultivos estándar (Kim & Lee, 2023; Bradley *et al*, 2025; Reasoner *et al*, 2025). Este enfoque resulta particularmente útil en casos de infecciones recurrentes, pacientes con catéteres crónicos y situaciones de multirresistencia bacteriana (Zhang *et al*, 2025; Seo & Kim, 2025).

Las propuestas terapéuticas innovadoras para el manejo de las ITU se centran en restablecer el equilibrio y la diversidad del microbioma urinario mediante la administración de probióticos de cepas específicas de *Lactobacillus* por vía oral, vaginal o instilación vesical, así como el uso de bacteriófagos, péptidos antimicrobianos y el trasplante de microbiota fecal en casos seleccionados (Mancuso *et al*, 2023; Saenz *et al*, 2025; Zhang *et al*, 2025; Seo & Kim, 2025). La evidencia actual destaca que estos tratamientos favorecen la recuperación de cepas protectoras y reducen la recurrencia de ITU, aunque los resultados son aún heterogéneos y requieren mayor validación a través de ensayos clínicos controlados.

El reconocimiento del microbioma urinario como ecosistema regulador abre la puerta a nuevas estrategias diagnósticas y terapéuticas, permitiendo gracias a las tecnologías de secuenciación de nueva generación una caracterización precisa de la disbiosis y una monitorización personalizada de la respuesta terapéutica (Kim & Lee, 2023; Choi *et al*, 2024). Por ello, la integración de enfoques basados en la ecología microbiana y medicina personalizada contribuye a restaurar la diversidad bacteriana y fortalecer las

bacterias beneficiosas, posicionándose como el futuro en la prevención y tratamiento de ITUs, y proporcionando soluciones frente a la resistencia antimicrobiana y la recurrencia infecciosa (Kim & Lee, 2023; Mancuso *et al*, 2023; Seo & Kim, 2025; Saenz *et al*, 2025; Bradley *et al*, 2025).

Discusión

El concepto de microbioma urinario ha generado una transformación significativa en el abordaje científico sobre las ITU. Los avances en las tecnologías de secuenciación genética y cultivos ampliados han permitido descartar el paradigma de la orina estéril, evidenciando un ecosistema complejo, dinámico y específico cuya composición está determinada por factores individuales tales como edad, sexo, estado hormonal y variables anatómicas o clínicas (Reasoner *et al*, 2025; Perez-Carrasco *et al*, 2021). Autores como Kim & Lee (2023) y Reasoner *et al* (2025) describen a los géneros como *Lactobacillus* y su predominio en mujeres en edad reproductiva, mientras *Corynebacterium* y *Streptococcus* son frecuentes en varones y adultos mayores, confirmando la influencia de determinantes fisiológicos. La protección frente a ITU ha sido atribuida a la presencia de estas especies, cuya disminución favorece la disbiosis y la sobreabundancia de microorganismos oportunistas como *Escherichia coli*, *Enterococcus* y *Klebsiella*, asociados recurrentemente a mayor riesgo de infección (Bradley *et al*, 2025; Zhang *et al*, 2025).

Otras investigaciones, como las de Mancuso *et al* (2023) y Choi *et al* (2024), refuerzan la importancia de la diversidad bacteriana alfa, señalando que el equilibrio entre familias de Firmicutes, Proteobacteria, Actinobacteria y Bacteroidetes tiene un papel central como barrera biológica contra la colonización patógena. Diversos meta-análisis y estudios cuantitativos evidencian que en sujetos sanos predominan Firmicutes y *Lactobacillus*, mientras que en situaciones de ITU hay un desplazamiento hacia familias patógenas, fenómeno ratificado por Weng *et al* (2023). Sin embargo, la etiología no es exclusivamente atribuible a la presencia directa de bacterias uropatógenas; factores como el uso repetido de antibióticos, edad avanzada, inmunosupresión y procedimientos médicos invasivos han demostrado incidir directamente en la pérdida de biodiversidad del urobioma y, por ende, aumentan la susceptibilidad a infecciones recurrentes (Kim & Lee, 2023; Zhang *et al*, 2025; Choi *et al*, 2024).

La literatura evidencia una heterogeneidad en los criterios diagnósticos y metodológicos relativos a la interpretación microbiológica. Ejemplo de esto es el estudio de Flores-Oropeza *et al* (2024), quien cuestiona la validez de tomar la presencia de *E. coli* como único predictor clínico, esto debido a que en las muestras analizadas en su estudio no se encontró asociación significativa con sintomatología urinaria. Balaouras *et al* (2024) profundizan en el debate al demostrar que géneros como *Gardnerella* y *Streptococcus* se detectan en mujeres sintomáticas y asintomáticas, sugiriendo la necesidad de considerar la respuesta inmune y el contexto clínico en la interpretación de resultados microbiológicos.

Diversos estudios recientes han destacado la conexión entre el microbioma gastrointestinal y el sistema urinario, mostrando que existe un intercambio y migración de bacterias entre ambos ecosistemas, fenómeno de particular relevancia en las mujeres debido a la proximidad anatómica y las características de la flora. Investigaciones como las de Jones-Freeman *et al* (2021), Naji *et al* (2024) y Magruder *et al* (2020) han demostrado que cepas patógenas presentes en el intestino pueden trasladarse y colonizar la vejiga, explicando por qué algunas infecciones urinarias son recurrentes y difíciles de erradicar pese al tratamiento adecuado. El tránsito clonal y la colonización cruzada desde el reservorio intestinal hacia la vía urinaria, así como la transferencia de genes y factores de virulencia, permiten que bacterias como *Escherichia coli* se establezcan repetidamente y generen cuadros de bacteriuria y cistitis.

Los aportes de estudios genómicos y experimentales en animales, como los realizados por Guo *et al* (2025), han evidenciado que la manipulación y desequilibrio del microbioma local aumenta la susceptibilidad a infecciones urinarias. En estos modelos, la reducción de bacterias protectoras como *Lactobacillus* facilita la colonización por patógenos, mientras que alteraciones genéticas en factores de adhesión como la proteína FimH potencian la capacidad de invasión bacteriana. Así, la interacción entre comunidades microbianas y la presencia de factores de virulencia se reconoce como determinante en la patogénesis y recurrencia de las infecciones urinarias (Jones-Freeman *et al*, 2021; Naji *et al*, 2024; Magruder *et al*, 2020; Guo *et al*, 2025).

Frente a esto, existe una línea escéptica en las investigaciones que destacan la necesidad de estandarizar métodos de recolección, procesamiento y análisis microbiológico, señalando que la asociación entre disbiosis y predominancia de patógenos no necesariamente implica causalidad directa. Weng *et al* (2023) y Zhang *et al* (2025) coinciden en la importancia de estudios funcionales, longitudinales y multivariados para discernir el verdadero impacto del microbioma urinario en la etiología de las ITU, enfatizando las limitaciones metodológicas y la heterogeneidad de los resultados actuales.

Finalmente, la evidencia acumulada sustenta que la preservación y restauración del equilibrio bacteriano en el sistema urinario mediante el uso de probióticos, agentes ecológicos y medicina personalizada representa una ruta terapéutica de futuro ante el reto de la resistencia antimicrobiana. De acuerdo con Mancuso *et al* (2023), Saenz *et al* (2025) y Seo & Kim (2025), estos enfoques requieren validación a través de ensayos clínicos controlados y estudios comparativos que integren datos microbiológicos, metabólicos e inmunológicos, permitiendo en última instancia una medicina más efectiva y ajustada a la fisiología microbiana de cada paciente.

Conclusiones

El microbioma urinario se reconoce como un componente activo en la fisiología del tracto urinario, mostrando diferencias marcadas en su composición entre individuos sanos y aquellos con infecciones urinarias recurrentes. En sujetos sanos, géneros como

Lactobacillus, Corynebacterium y Streptococcus predominan y contribuyen a la estabilidad del microambiente urinario mediante la producción de metabolitos antimicrobianos y la modulación inmunitaria, mientras que en pacientes con infecciones recurrentes se observa una pérdida de estas especies protectoras y un aumento de microorganismos oportunistas como Escherichia coli, Enterococcus y Klebsiella. Estas alteraciones en la composición microbiana configuran un factor predisponente fundamental para la enfermedad.

Los mecanismos fisiopatológicos demuestran que un microbioma equilibrado funciona como barrera natural, compitiendo eficazmente con los patógenos por nutrientes y sitios de adhesión, además de regular mediadores inflamatorios locales. En circunstancias de disbiosis, ya sea por uso de antibióticos, cambios hormonales o factores anatómicos, esta protección se debilita, favoreciendo la colonización persistente y la formación de biopelículas responsables de recurrencias infecciosas.

En línea con la evidencia reciente, cobran protagonismo los enfoques terapéuticos dirigidos a restablecer el equilibrio y la diversidad microbiana urinaria. Estrategias como la administración de probióticos específicos (por vía oral, vaginal o vesical), el empleo de bacteriófagos, péptidos antimicrobianos y el trasplante de microbiota fecal muestran resultados prometedores para reducir la recurrencia y restaurar cepas protectoras. Así, la integración de terapias basadas en la modulación de la microbiota urinaria y la medicina personalizada se consolida como un eje fundamental para la prevención y tratamiento de infecciones urinarias recurrentes, exigiendo mayor investigación clínica para su validación y una aplicación adaptada a la ecología microbiana individual (Kim & Lee, 2023; Mancuso *et al*, 2023; Saenz *et al*, 2025; Bradley *et al*, 2025; Seo & Kim, 2025).

Referencias bibliográficas

- Balaouras, G., Kostoulas, P., Mikos, T., Balaouras, D. & Chitzios, D. (2024). The Study of Microbiome of the Female Genital Area in Relation to Pelvic Floor Dysfunction: A Systematic Review. *Springer Nature Link*, 35, 1347–1362. <https://doi.org/10.1007/s00192-024-05821-4>
- Bastidas-Caldes, C., Hernández-Alomía, F., Almeida, M., Ormaza, M., Boada, J., Graham, J., Calvopiña, M., & Castillejo, P. (2024). Molecular identification and antimicrobial resistance patterns of enterobacterales in community urinary tract infections among indigenous women in Ecuador: addressing microbiological misidentification. *BMC infectious diseases*, 24(1), 1195. <https://doi.org/10.1186/s12879-024-10096-7>

- Bradley, E. S., Stansky, C., Zeamer, A. L., Huang, Z., Cincotta, L., Lopes, A., Potter, L., Fontes, T., Ward, D. V., Bucci, V., McCormick, B. A., & Haran, J. P. (2025). The urinary microbiome distinguishes symptomatic urinary tract infection from asymptomatic older adult patients presenting to the emergency department. *Virulence*, 16(1), 2546063. <https://doi.org/10.1080/21505594.2025.2546063>
- Corrales-Acosta, E., Cuartiella Zaragoza, E., Monzó Pérez, M., Benítez Perdomo, S., Corrales-Riveros, J. G., & Corrales, M. (2025). Prevention of Recurrent Urinary Tract Infection in Women: An Update. *Microbiology Research*, 16(3), 66. <https://doi.org/10.3390/microbiolres16030066>
- Choi, J. H. et al (2024). Gut microbiome correlates of recurrent urinary tract infection. *The Lancet eClinical Medicine*, 66, 101900. <https://doi.org/10.1016/j.eclim.2024.102490>
- Choi, H. W., Lee, K. W. & Kim, Y. H. (2023). Microbiome in urological diseases: Axis crosstalk and bladder disorders. *Investigative and Clinical Urology*, 64(2), 126–139. <https://doi.org/10.4111/icu.20220357>
- de Souza, H. D., Diório, G. R. M., Peres, S. V., Francisco, R. P. V., & Galletta, M. A. K. (2023). Bacterial profile and prevalence of urinary tract infections in pregnant women in Latin America: a systematic review and meta-analysis. *BMC pregnancy and childbirth*, 23(1), 774. <https://doi.org/10.1186/s12884-023-06060-z>
- Flores-Oropeza, M. A., Ochoa, S. A., Cruz-Córdova, A., Chavez-Tepecano, R., Martínez-Peñafiel, E., Rembao-Bojórquez, D., Zavala-Vega, S., Hernández-Castro, R., Flores-Encarnacion, M., Arellano-Galindo, J., Vélez, D., & Xicohtencatl-Cortes, J. (2024). Comparative genomic analysis of uropathogenic *Escherichia coli* strains from women with recurrent urinary tract infection. *Frontiers in microbiology*, 14, 1340427. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2023.1340427>
- Guo, H., Zhou, X., Li, Z., Zhi, J., Fu, C., Liu, X., Wu, Y., Liu, F., & Feng, N. (2025). Exploring the systemic impacts of urinary tract infection-specific antibiotic treatments on the gut microbiome, metabolome, and intestinal morphology in rats. *PeerJ*, 13, e19486. <https://doi.org/10.7717/peerj.19486>
- He, Y., Zhao, J., Wang, L. et al. (2025). Epidemiological trends and predictions of urinary tract infections in the global burden of disease study 2021. *Sci Rep*, 15, 4702. <https://doi.org/10.1038/s41598-025-89240-5>
- Jones-Freeman, B., Chonwerawong, M., Marcelino, V. R., Deshpande, A. V., Forster, S. C., & Starkey, M. R. (2021). The microbiome and host mucosal interactions in urinary tract diseases. *Mucosal immunology*, 14(4), 779–792. <https://doi.org/10.1038/s41385-020-00372-5>

- Kim, D. S., & Lee, J. W. (2023). Urinary Tract Infection and Microbiome. *Diagnostics*, 13(11), 1921. <https://doi.org/10.3390/diagnostics13111921>
- Magruder, M., Edusei, E., Zhang, L., Albakry, S., Satlin, M. J., Westblade, L. F., Crawford, C., ... & Satlin, M. J. (2020). Gut commensal microbiota and decreased risk for Enterobacteriaceae bacteriuria and urinary tract infection. *Gut Microbes*, 12(1), 1805281. <https://doi.org/10.1080/19490976.2020.1805281>
- Mancuso, G., Midiri, A., Gerace, E., Marra, M., Zummo, S., & Biondo, C. (2023). Urinary Tract Infections: The Current Scenario and Future Prospects. *Pathogens (Basel, Switzerland)*, 12(4), 623. <https://doi.org/10.3390/pathogens12040623>
- Miller, S. J., Carpenter, L., Taylor, S. L., Wesselingh, S. L., Choo, J. M., Papanicolas, L. E., & Rogers, G. B. (2024). Intestinal microbiology and urinary tract infection associated risk in long-term aged care residents. *Communications Medicine*, 4, Article 164. <https://doi.org/10.1038/s43856-024-00583-y>
- Naji, A., Roten, D. A., & Evans, R. T. (2024). Role of the gut, urine, and vaginal microbiomes in the pathogenesis and therapy of recurrent urinary tract infection. *Open Forum Infectious Diseases*, 11(9), ofae471. <https://doi.org/10.1093/ofid/ofae471>
- Neugent, M. L., Hulyalkar, N. et al. (2020). Advances in Understanding the Human Urinary Microbiome and Its Potential Role in Urinary Tract Infection. *mBio*, 11(2), e00218-20. <https://doi.org/10.1128/mBio.00218-20>
- Pastuszka, A., Brantsæter, A., & Sokolowska, E. (2025). Rewriting the urinary tract paradigm: the urobiome as a novel biomarker for urinary tract health. *Microbial Pathogenesis*, 180, 106812. [10.1007/s11033-025-10609-w](https://doi.org/10.1007/s11033-025-10609-w)
- Perez-Carrasco, V., Sanz-García, A., & Martínez-Martínez, L. (2021). Urinary Microbiome: Yin and Yang of the Urinary Tract. *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology*, 11, 617002. <https://doi.org/10.3389/fcimb.2021.617002>
- Reasoner, SA., Francis, J. & Hadjifrangiskou, M. (2025). The urinary microbiome: The next frontier of bacterial ecology. *Journal of Bacteriology*, 207(1), e00105-25. <https://doi.org/10.1128/jb.00105-25>
- Saenz, C. N., Ko, E. Y., & Davies, K. P. (2025). The human urinary microbiome and its potential role in urinary tract infection. *Seminars in Nephrology*, 45(2), 157-167. <https://doi.org/10.1016/j.euf.2024.12.005>
- Salazar, A. M., Neugent, M. L., De Nisco, N. J., & Mysorekar, I. U. (2022). Gut-bladder axis enters the stage: Implication for recurrent urinary tract infections. *Cell host & microbe*, 30(8), 1066–1069. <https://doi.org/10.1016/j.chom.2022.07.008>
- Seo, H. Kim, S. (2025). Emerging insights into microbiome therapeutics for urinary tract infection. *EUTI*, 20(1), 4–16. <https://doi.org/10.14777/uti.2448034017>

- Ravel J., Simmons, Sh., Greenwood, E., Gottfried, S. et al. (2025). Impact of a multi-strain *L. crispatus*-based vaginal synbiotic on the vaginal microbiome: a randomized placebo-controlled trial. *Biofilms and microbiomes*, 11, 158. <https://doi.org/10.1038/s41522-025-00788-6>
- Weng, X., Liu, Y., Hu, H., Wang, M., & Huang, X. (2023). Changes of microbiota level in urinary tract infections: A meta-analysis. *Open medicine (Warsaw, Poland)*, 18(1), 20230702. <https://doi.org/10.1515/med-2023-0702>
- Worby, C. J., Olson, B. S., Dodson, K. W., Earl, A. M., & Hultgren, S. J. (2022). Establishing the role of the gut microbiota in susceptibility to recurrent urinary tract infections. *Journal of Clinical Investigation*, 132(5), e158497. <https://doi.org/10.1172/JCI158497>
- Yang, X., Chen, H., Zheng, Y., Qu, S., Wang, H., & Yi, F. (2022). Disease burden and long-term trends of urinary tract infections: A worldwide report. *Frontiers in public health*, 10, 888205. <https://doi.org/10.3389/fpubh.2022.888205>
- Zhang, J., et al. (2025). Exploring urinary microbiome: Insights into neurogenic bladder and improving management of urinary tract infections. *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology*, 15, 1512891. <https://doi.org/10.3389/fcimb.2025.1512891>

Conflicto de intereses: Los autores declaran no tener conflictos de intereses.

Contribución de los autores: Los autores participaron en la búsqueda y análisis de la información para el artículo, así como en su diseño y redacción.