



Impacto clínico de las dietas BARF VS dietas comerciales en la microbiota intestinal canina: Revisión Sistemática

Autor
Juliana Gómez Gil

Título por el que opta
Medica Veterinaria

Director
Cristian Fernando Rodríguez Neira

Grupo de Investigación
GIMIA

Línea de Investigación
Microbiología Clínica

Ciencias básicas
Medicina veterinaria
Universidad Santiago de Cali
Santiago de Cali - Colombia
2026

IMPACTOS

Relacione el (los) impacto(s) que presentó el Trabajo de Grado según los siguientes criterios:

IMPACTO	PRODUCTO	BENEFICIARIO(S)
Económico	Generación de información científica que puede orientar una alimentación más eficiente y prevenir gastos asociados a enfermedades gastrointestinales	Propietarios de mascotas, clínicas veterinarias, industrias de alimentos
Científico	Revisión sistemática sobre el impacto clínico de las dietas BARF Vs dietas comerciales en la microbiota intestinal canina	Comunidad, médicos veterinarios, familias con mascotas
Indicadores de Gestión	Organización y análisis de 44 estudios científicos bajo metodología PRISMA.	Universidad, grupo de investigación, programa académico.
Técnico	Sistematización de información sobre microbiota intestinal y nutrición canina para apoyo en toma de decisiones clínicas.	Médicos veterinarios y estudiantes de veterinaria.

Revisión sistemática académica, matriz comparativa de estudios científicos, análisis crítico de evidencia sobre microbiota intestinal canina.

IMPACTO CLÍNICO DE LAS DIETAS BARF VS DIETAS COMERCIALES EN LA MICROBIOTA INTESTINAL CANINA: REVISIÓN SISTEMÁTICA

Juliana Gómez Gil¹, Cristian Fernando Rodríguez Neira²
(Juliana.gomez01@usc.edu.co)

¹Grupo de Investigación ECOBIO, Programa de medicina veterinaria. Facultad de Ciencias Básicas. Universidad Santiago de Cali. Campus Pampalinda Calle 5 # 62-00. Santiago de Cali. Colombia

RESUMEN

La microbiota intestinal en perros es crítica en procesos digestivos, metabólicos e inmunológicos y la dieta ha sido uno de los principales factores moduladores de su composición y función. En los últimos años, la mayor utilización de las dietas BARF (Biologically Appropriate Raw Food) vs concentrados comerciales ha generado controversia científica donde se encuentran posibles beneficios y riesgos de cada modalidad alimentaria. Esta revisión sistemática tiene como objetivo evaluar el impacto clínico en la microbiota intestinal de perros adultos sanos alimentados con dieta BARF en comparación con perros alimentados con concentrado comercial.

La investigación se llevó a cabo mediante revisión sistemática con base en el protocolo PRISMA, y en las bases científicas Scopus, PubMed, ScienceDirect, Web of Science y SciELO. Estudios originales publicados entre 2010 y 2025 relacionados con microbiota intestinal, alimentación en perros y dietas BARF fueron considerados para su inclusión. Después de aplicar criterios de inclusión y exclusión, finalmente 44 abstracts fueron elegidos para el análisis comparativo.

Los hallazgos mostraron que las dietas BARF promueven una mayor abundancia de bacterias proteolíticas (*Clostridium*, *Fusobacterium*), así como una mayor diversidad bacteriana intestinal. Las dietas comerciales estimulan en el intestino una abundancia de bacterias sacarolíticas (*Lactobacillus*, *Bifidobacterium*) conocidas por producir ácidos grasos de cadena corta benéficos para salud intestinal. También se reportaron posibles riesgos debido a microorganismos zoonóticos presentes en dietas crudas.

Se determinó que ambos tipos de alimento producen cambios significativos en la microbiota intestinal del perro con características beneficiosas y limitantes específicas, por lo que su aplicación debe contemplar criterios de tipo nutricional, microbiológico, y sanitario, sustentados en evidencia científica.

Palabras clave: *Microbiota intestinal; concentrado comercial; nutrición veterinaria; Dieta BARF.*

CLINICAL IMPACT OF BARF DIETS VS. COMMERCIAL DIETS ON CANINE GUT MICROBIOTA: A SYSTEMATIC REVIEW

ABSTRACT

The canine gut microbiota plays a fundamental role in digestive, metabolic, and immune processes, with diet being one of the main factors capable of altering its composition and function. In recent years, the increasing use of BARF (Biologically Appropriate Raw Food) diets has sparked scientific controversy compared to commercial concentrated diets, due to the potential benefits and risks associated with each dietary approach. The objective of this systematic review was to analyze clinical impact in the gut microbiota of healthy adult dogs fed a BARF diet compared to those fed commercial kibble.

The research was conducted as a systematic review based on the PRISMA guidelines, using scientific databases such as Scopus, PubMed, ScienceDirect, Web of Science, and SciELO. Original studies published between 2010 and 2025 related to gut microbiota, canine nutrition, and BARF diets were included. After applying inclusion and exclusion criteria, finally 44 scientific articles were selected for comparative analysis.

The results showed that BARF diets promoted a higher abundance of proteolytic bacteria such as *Clostridium* and *Fusobacterium*, as well as greater intestinal bacterial diversity. In contrast, commercial diets favored saccharolytic bacteria such as *Lactobacillus* and *Bifidobacterium*, which are associated with the production of short-chain fatty acids beneficial to intestinal health. Furthermore, potential risks related to zoonotic microorganisms present in raw diets were identified.

It was concluded that both types of diets cause significant changes in the canine gut microbiota, presenting specific benefits and limitations; therefore, their implementation must consider nutritional, microbiological, and health criteria supported by scientific evidence.

Keywords: *Intestinal microbiota; commercial concentrate; veterinary nutrition; BARF diet.*

HIGHLIGHTS

- Las dietas BARF propiciaron una mayor abundancia de bacterias proteolíticas, tales como *Clostridium* y *Fusobacterium*, en la microbiota intestinal de los perros.
- Los perros alimentados con alimento concentrado comercial mostraron mayor abundancia de bacterias sacarolíticas relacionadas con la producción de ácidos grasos de cadena corta beneficiosos para la salud del colon.
- La revisión mostró que las dietas BARF pueden aumentar la diversidad bacteriana intestinal, pero también estuvieron relacionadas con riesgos microbiológicos y zoonóticos.
- Se observó que existe una gran variabilidad metodológica entre los artículos revisados, sobre todo en cuanto a la composición de las dietas y a las técnicas de análisis microbiológicos.
- La actual evidencia científica no es suficiente para afirmar que un tipo de dieta es en general superior para la salud intestinal de los perros adultos sanos.

1. INTRODUCCIÓN

La microbiota intestinal del perro es un ecosistema complejo y dinámico formado por bacterias, arqueas, virus y hongos que participan en la homeostasis del huésped. Sus funciones incluyen la digestión de nutrientes, la generación de metabolitos como los ácidos grasos de cadena corta, la regulación del sistema inmunitario y la defensa contra microorganismos patógenos (Suchodolski, 2016; Handl et al., 2011). En perros adultos saludables existen diversos factores que influyen en la composición y función de esta microbiota, siendo la dieta uno de los principales determinantes que puede alterar la diversidad microbiana y la abundancia relativa de diferentes grupos bacterianos (Sandri et al., 2017; Bermingham et al., 2018).

En lo que respecta a la alimentación del perro, actualmente, los patrones que se pueden encontrar suelen englobarse en dos grandes grupos: las dietas comerciales procesadas (pienso) y las dietas crudas biológicamente adecuadas, también llamadas dieta BARF (Biologically Appropriate Raw Food). Las dietas convencionales son procesadas de forma como la extrusión a altas temperaturas, con la adición de ingredientes y conservantes, y se suele formular con un suficiente contenido alto de carbohidratos complejos. Estos factores pueden afectar la digestibilidad de los nutrientes o la disponibilidad de sustratos fermentables para la microbiota intestinal (Hussein et al., 2013; Panasevich et al., 2015). Por otra parte, la dieta BARF se fundamenta en la alimentación con alimentos en su estado natural, directamente crudo, la carne, huesos carnosos, vísceras, vegetales y frutas, derivando así en una mínima alteración de los nutrientes y una mayor tasa de proteínas y lípidos consideradas materia animal (Schmidt et al., 2018; Beloshapka et al., 2013).

Diversos estudios han reconocido que estos patrones dietéticos son responsables de cambios significativos en la composición de la microbiota intestinal. En perros alimentados con una dieta BARF, se ha asociado con un aumento en bacterias relacionadas con el metabolismo proteico, como *Clostridium* y *Fusobacterium*, mientras que en perros alimentados con concentrado se asocian con un aumento en bacterias que fermentan carbohidratos, como *Lactobacillus* y *Bifidobacterium* (Sandri et al., 2017; Bermingham et al., 2018). No es solo la diversidad microbiana diferente, sino también parámetros funcionales tales como la acidez intestinal, la generación de metabolitos y la interacción con el sistema inmune huésped (Handl et al., 2011; Panasevich et al., 2015). También, estudios recientes han indicado que la dieta afecta la estabilidad del ecosistema microbiano intestinal, una variable importante para la salud a largo plazo (Schmidt et al., 2018; Kim et al., 2017).

Sin embargo, a pesar del creciente interés por la alimentación natural, la controversia científica sobre los beneficios o daños de la dieta BARF para la salud intestinal canina continúa. Aunque para algunos autores se relacionan aspectos beneficiosos derivados de una mayor diversidad bacteriana y mejor digestibilidad de los nutrientes, otros alertan de posibles riesgos, como el desarrollo de microorganismos potencialmente patógenos o la inducción de estados de disbiosis (Kim et al., 2017; Schmidt et al., 2018). Además, estudios han demostrado la posible contaminación de dietas crudas con patógenos zoonóticos, lo que tiene repercusiones en la salud animal y la salud pública (Freeman et al., 2013; van Bree et al., 2018).

A esta problemática se añade la heterogeneidad metodológica de los estudios disponibles, que varían en el tamaño de la muestra, la duración de la intervención, la composición específica de las dietas, los análisis utilizados para evaluar la microbiota (como la secuenciación del gen 16SV3 rRNA (Bermingham et al., 2018; Sandri et al., 2017)). Esta heterogeneidad limita la comparación directa entre los resultados y para generalizar el tipo de dieta que podría fomentar una microbiota intestinal más saludable y estable en perros adultos sanos.

Por lo tanto, se considera imprescindible desarrollar una revisión sistemática que integre, organice y analice críticamente la evidencia científica sobre el efecto de las dietas BARF y las dietas comerciales en la microbiota intestinal de los perros. Esta aproximación metodológica es útil para detectar patrones microbiológicos constantes, contradicciones entre estudios y áreas en las que existe todavía falta de conocimiento, sobre todo en lo que respecta a las implicaciones fisiológicas y clínicas de las alteraciones en la composición bacteriana del intestino.

2. METODOLOGÍA

Este estudio se llevó a cabo mediante una revisión sistemática de la literatura científica para identificar, analizar y sintetizar la evidencia disponible sobre el efecto de las dietas BARF y comerciales sobre la microbiota intestinal de perros adultos alimentados, el protocolo se realizó conforme a las pautas de la declaración PRISMA 2020 (Preferred Reporting Items for Systematic Reviews and Meta-Analyses), recomendada para mejorar la calidad metodológica y transparencia en revisiones sistemáticas (Page et al., 2021). El procedimiento incluyó las fases de identificación, selección, idoneidad, evaluación metodológica e inclusión de estudios.

El diseño consistió en una revisión sistemática descriptiva-analítica. No se efectuaron intervenciones experimentales, sino que se hizo una revisión crítica de los estudios originales que investigaron la relación entre la alimentación y las alteraciones en la microbiota intestinal canina. Tal aproximación es particularmente aplicable en estudios de microbioma debido a la complejidad ecológica de las comunidades abundantes y a la interpretación de los cambios observados en contextos nutritivos, fisiológicos e inmunes (Barko et al., 2018; Deng & Swanson, 2015).

2.1 Búsqueda bibliográfica y criterios de inclusión y exclusión.

Se llevó a cabo la búsqueda bibliográfica de forma sistemática en las bases de datos Scopus, PubMed, Web of Science, ScienceDirect, SciELO y Google Scholar, debido a que se consideran representativas de los dominios de medicina veterinaria, microbiología, nutrición animal y ciencias biomédicas, además de contener publicaciones indexadas y revisadas por pares.

La construcción de la ecuación de búsqueda fue concebida con la combinación de términos controlados y libres en inglés y español utilizando operadores booleanos (AND, OR) para minimizar o maximizar la búsqueda de acuerdo a cada base de datos. Algunos de los términos utilizados fueron: “dog gut microbiota”, “canine intestinal microbiota”, “BARF diet dogs”, “raw diet dogs”, “commercial dog food microbiota”, “diet effect on microbiome dogs”, “canine gut microbiome”, “raw meat-based diet”, en español se utilizaron: “microbiota intestinal canina”, “dieta BARF perros”, “alimentación natural canina” y “alimento comercial perros microbiota”. Estos términos combinados permitieron encontrar los estudios relacionados con la cuestión de investigación.

Se documentó la información sobre las bases de datos consultadas, las cadenas de búsqueda aplicadas, los operadores booleanos usados, las fechas de consulta y el número de registros recuperados en cada fuente. La estructura general de la estrategia empleada se muestra en la Tabla 1.

Tabla 1*Estrategia de búsqueda bibliográfica empleada*

Base de datos	Cadena de búsqueda utilizada	Operadores booleanos	Fecha de búsqueda	Resultados obtenidos
Scopus	("dog gut microbiota" OR "canine intestinal microbiota") AND ("BARF diet" OR "raw diet") AND ("commercial diet")	AND, OR	Enero 2026	38
PubMed	("canine microbiome") AND ("raw feeding" OR "BARF") AND ("commercial dog food")	AND, OR	Enero 2026	29
Web of Science	("dog microbiota") AND ("diet") AND ("raw food")	AND	Enero 2026	21
ScienceDirect	("intestinal microbiota dogs") AND ("BARF diet")	AND	Enero 2026	24
SciELO	microbiota intestinal canina AND dieta BARF	AND	Febrero 2026	8
Google Scholar	"canine gut microbiota" "raw diet" "commercial diet"	Frase exacta	Febrero 2026	47

Fuente: Elaboración propia, 2026.

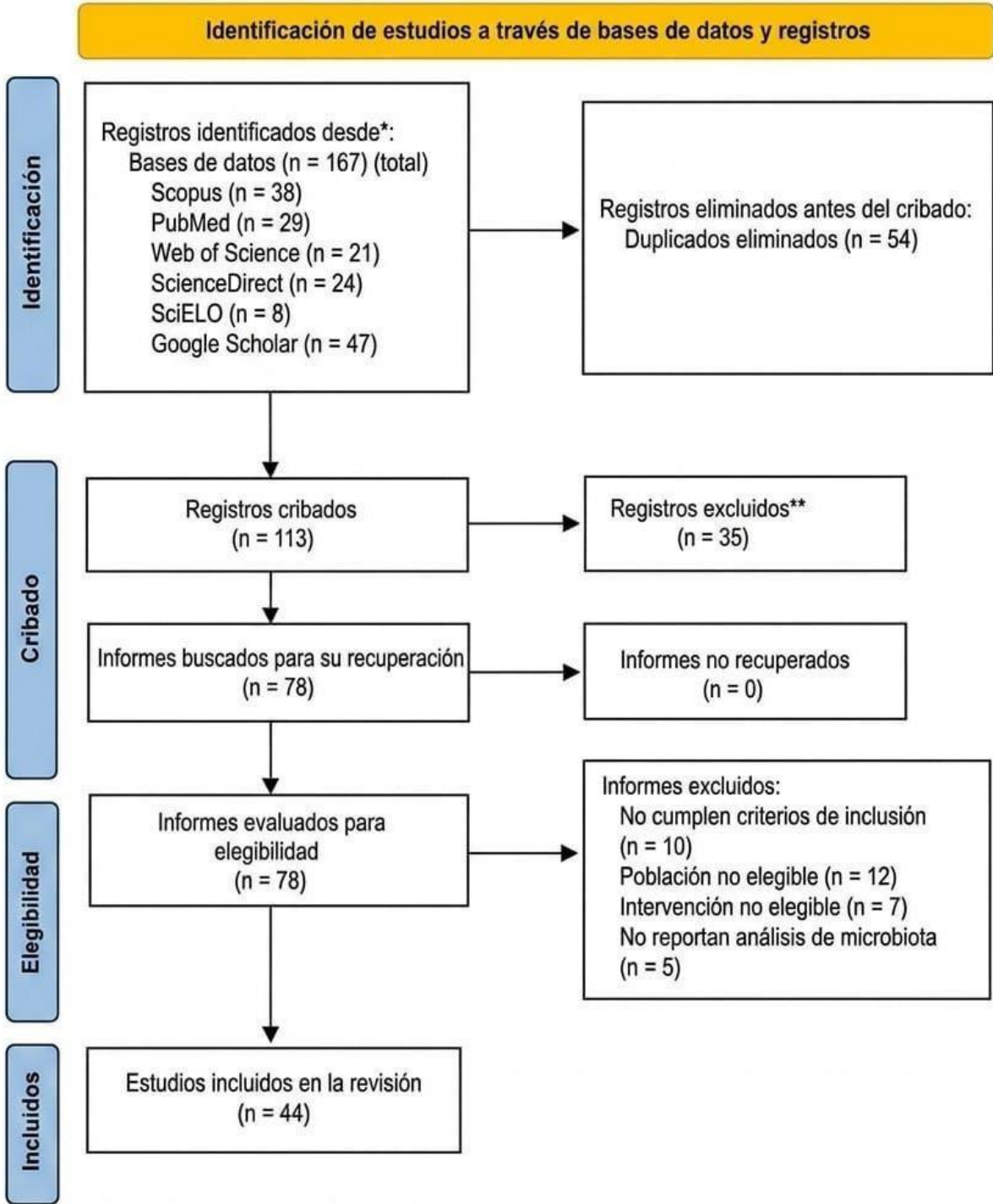
La selección de los estudios se realizó según criterios de inclusión y exclusión basados en las preguntas de investigación y que aseguraban que se incluían únicamente aquellos documentos con un grado adecuado de compromiso metodológico y temático. Los criterios de selección serán los siguientes: a) artículos originales de investigación con diseño experimental, cuasi experimental u observacional; b) investigaciones en perros adultos y clínicamente sanos; c) estudios que comparen dietas BARF, dietas crudas o dietas naturales con dietas comerciales; d) estudios que consideren análisis de microbiota intestinal mediante técnicas microbiológicas o moleculares; e) publicaciones entre 2010 y 2025; f) artículos en español o inglés; g) artículos para los que se pueda obtener texto completo y que están publicados en revistas científicas indexadas.

A su vez, se consideraron excluidos los revisiones sistemáticas, metaanálisis, artículos de opinión, editoriales y comunicaciones breves; estudios llevados a cabo en cachorros, animales geriátricos o caninos con patologías gastrointestinales, metabólicas o inmunológicas; investigaciones que no contemplaran análisis microbiológico directo; estudios en los que la relación dieta-microbiota intestinal no fuese clara; y artículos con información metodológica insuficiente para valorar la calidad de los resultados (Page et al., 2021; Higgins et al., 2022). La identificación, la selección, la elegibilidad y la inclusión de los estudios fueron registradas con ayuda de un diagrama de flujo PRISMA 2020 para poder identificar de forma clara y transparente la cantidad de registros recuperados, eliminados y finalmente introducidos en la revisión (Page et al., 2021).

La estrategia de búsqueda sistemática arrojó un total de 167 registros iniciales, distribuidos en las bases de datos Scopus (n=38), PubMed (n=29), Web of Science (n=21), ScienceDirect (n=24), SciELO (n=8) y Google Académico (n=47). Previo a la fase de cribado, se identificaron y eliminaron 54 documentos duplicados. Los 113 registros restantes fueron sometidos a una primera revisión metodológica mediante la lectura de títulos y resúmenes, lo que condujo a la exclusión de 35 documentos que carecían de pertinencia temática.

Posteriormente, se recuperaron los textos completos de los 78 artículos restantes para una evaluación de elegibilidad exhaustiva. En esta fase, se descartaron 34 informes tras aplicar de manera estricta los criterios de exclusión predefinidos: población no elegible (n=12), incumplimiento de los criterios de inclusión generales (n=10), intervenciones dietéticas no elegibles (n=7) y ausencia de análisis microbiológicos directos (n=5). Como resultado del proceso de tamizaje, 44 estudios originales cumplieron con la totalidad de los parámetros metodológicos y fueron finalmente incluidos en la síntesis cualitativa de la presente revisión (ver Figura 1).

DIAGRAMA PRISMA 2020 PARA LA SELECCIÓN DE ESTUDIOS.



* Considerar todas las fuentes (bases de datos, registros, otras fuentes).

** Excluidos por título, resumen o por no cumplir criterios de inclusión.

Referencia: Elaboración propia basada en la declaración PRISMA 2020 (Page MJ, et al. BMJ. 2021;372:n71).

Figura 1. Diagrama Prisma utilizado para la selección de artículos.

Fuente: Elaboración propia en 2026 con base en la declaración PRISMA 2020, Page Mj, et al. BMJ, 2021.

2.2 Evaluación del riesgo de sesgo

La calidad metodológica de los estudios primarios se evaluó mediante la adaptación de las herramientas de valoración crítica del Instituto Joanna Briggs (JBI). Se analizaron criterios como la selección de la muestra, la caracterización de la intervención dietaria, el control de variables de confusión y la validez de las técnicas microbiológicas. Los estudios se categorizaron con un riesgo de sesgo bajo, moderado o alto, lo cual permitió ponderar la evidencia en la fase de síntesis.

Según estos criterios, cada estudio fue evaluado como bajo, moderado o alto riesgo de sesgo metodológico basado en número de criterios cumplidos. Los estudios que tenían información metodológica insuficiente o limitaciones importantes en el diseño fueron considerados con mayor riesgo de sesgo y los resultados fueron interpretados con precaución en la síntesis de la evidencia. A continuación, se presenta en la Tabla 2 una muestra representativa de los estudios utilizados en la discusión.

Tabla 2. Evaluación del Riesgo General

Autor(es) y Año	Selección de la Muestra	Caracterización de la Intervención Dietaria	Evaluación del Riesgo General	Limitaciones reportadas
Beloshapka et al. (2013)	Adecuada	Moderada	Bajo	Diseño experimental claro, aunque con limitaciones inherentes a la estandarización de dietas crudas.
Sandri et al. (2017)	Adecuada	Moderada	Moderado	Se reportó variabilidad metodológica en las proporciones de carne, huesos y vegetales, dificultando la estandarización.
Bermingham et al. (2018)	Adecuada	Alta	Bajo	Diseño comparativo bien estructurado con control de formato de dieta.
Schmidt et al. (2018)	Adecuada	Moderada	Moderado	Inconsistencia en las formulaciones de dietas crudas que restringe el poder de generalización.
Kim et al. (2017)	Moderada	Moderada	Moderado	Diseño de corta duración; evalúa cambios inmediatos sin seguimiento longitudinal clínico a largo plazo.
Panasevich et al. (2015)	Adecuada	Alta (Comercial suplementada)	Bajo	Control riguroso del sustrato nutricional (fibra de papa) sobre la microbiota.
Hussein et al. (2013)	Adecuada	Alta	Bajo	Control de variaciones proteicas y técnicas de extrusión en la dieta.
Handl et al. (2011)	Adecuada	N/A (Descriptivo)	Bajo	Alta validez en el uso de herramientas moleculares para diversidad bacteriana y fúngica.
Freeman et al. (2013)	Adecuada	Alta	Bajo	Rigurosidad clínica en la evaluación de riesgos microbiológicos y zoonóticos.
van Bree et al. (2018)	Adecuada	Alta (Productos comercializados)	Bajo	Detección precisa de bacterias zoonóticas y parásitos en productos estandarizados.

Fuente: *Elaboración propia, 2026.*

En términos generales, el riesgo de sesgo en los estudios revisados fue mayormente bajo a moderado. Las principales limitaciones identificadas fueron los pequeños tamaños de muestra, las variaciones en la composición específica de las dietas BARF que se utilizaron, la duración de las intervenciones, y la heterogeneidad en las

metodologías de secuenciación y los análisis bioinformáticos de las muestras de microbiota intestinal. Esas características han sido señaladas como obstáculos para comparar y extrapolar resultados a través de estudios sobre el microbioma intestinal canino (Barko et al., 2018; Schmidt et al., 2018).

2.3. Extracción y síntesis de los datos

Para la extracción de datos se desarrolló una tabla de análisis, que fue un instrumento estructurado para facilitar el registro sistemático de las variables más relevantes de cada estudio. Se recabaron datos sobre autores, año de publicación, país, tamaño muestral, tipo de dieta, técnica microbiológica utilizada, grupos bacterianos predominantes, variaciones en la diversidad microbiana y principales conclusiones.

La información fue sintetizada a través de un análisis cualitativo-comparativo, que facilitó la identificación de patrones recurrentes, similitudes, discrepancias y vacíos de conocimiento entre los estudios incluidos. Este método permitió la síntesis crítica de la evidencia disponible y posibilitó dar respuesta fundamentada a la pregunta de investigación acerca del impacto clínico de las dietas BARF y comerciales en la microbiota intestinal de perros adultos sanos.

Después de que se identificaron los estudios elegibles, se extrajeron los datos de forma sistemática utilizando una matriz que se diseñó a tal fin para esta revisión. El uso de tablas de extracción representa una práctica altamente recomendada en las revisiones sistemáticas permitiendo la información homogénea, el cotejo entre estudios y fortaleciendo la trazabilidad del proceso de análisis. La matriz de extracción incluyó las siguientes variables:

- Autor(es) y año de publicación.
- País de realización del estudio.
- Diseño metodológico.
- Tamaño de muestra.
- Características de los animales evaluados.
- Tipo de dieta analizada.
- Duración de la intervención.
- Técnica microbiológica utilizada.
- Principales grupos bacterianos identificados.
- Hallazgos relacionados con diversidad microbiana.
- Metabolitos intestinales reportados.
- Principales conclusiones.
- Nivel de riesgo de sesgo.

Con esto, la estructura utilizada para la extracción de información se presenta en la Tabla 3.

Tabla

3

Ejemplo de la matriz de extracción de datos utilizada en la revisión sistemática

Autor/Año	País	Diseño	Muestra	Dieta evaluada	Técnica microbiológica	Hallazgos principales	Riesgo de sesgo
Ejemplo	Estados Unidos	Experimental	20 perros	BARF vs comercial	Secuencia ción 16S rRNA	Incremento de <i>Fusobacterium</i> en dieta BARF	Bajo

Fuente: Elaboración propia, 2026.

Después de eso, los datos extraídos se sometieron al análisis de síntesis comparativo cualitativa con la mira en torno a encontrar patrones replicados, de similitud, de divergencia o tendencias dentro de las publicaciones seleccionadas. La síntesis de la evidencia se estructuró por categorías temáticas, incluyendo a la comunidad bacteriana intestinal, la diversidad microbiana, los perfiles metabólicos, la producción de metabolitos de fermentación, riesgos microbiológicos por cada dieta y las consecuencias para la salud gastrointestinal canina

2. DESARROLLO Y DISCUSIÓN

La microbiota intestinal del perro pertenece a un ecosistema dinámico influenciado por la genética, medio ambiente, el estado fisiológico, y más principalmente la nutrición. La dieta es uno de los principales factores moduladores de la diversidad bacteriana intestinal y la estabilidad en perros sanos adultos y tiene un impacto directo en los procesos metabólicos, inmunológicos, y digestivos (Suchodolski, 2016). Se ha dado el interés científico en la comparación entre la dieta BARF y las dietas comerciales, ya que la alimentación natural está ganando cada vez más importancia en veterinaria, y debido a la controversia sobre sus supuestos beneficios y riesgos microbiológicos (Schmidt et al., 2018).

Estudios como el de Beloshapka et al. (2013), demuestran que la microbiota intestinal en perros alimentados con una dieta cruda difiere mucho de aquellos que se alimentan de comida comercial. Los perros que consumían dietas basadas en carne cruda mostraron cambios sustanciales en la composición de las bacterias presentes en la materia fecal, con una mayor presencia de microorganismos asociados al metabolismo proteico, se describieron diferencias significativas en la microbiota fecal de los perros después de un cambio de dieta, de una basada en pienso a una de carne cruda. Los autores observaron incrementos de géneros bacterianos del *Clostridiaceae* y *Fusobacteriaceae*, que se encuentran relacionados con la fermentación de proteínas animales. Estos resultados indican que el cambio del microbioma intestinal, que se caracteriza por una dieta alta en proteínas y grasas en BARF, favorece un entorno fecal que induce un incremento de las poblaciones bacterianas adaptadas a la fermentación de aminoácidos y compuestos nitrogenados.

Sandri et al. (2017), también investigaron el impacto de una dieta cruda en el microbioma fecal y en los productos fermentados finales en perros adultos saludables. Los investigadores observaron que los animales que recibieron dietas BARF presentaban una disminución en las bacterias sacarolíticas y un aumento en las bacterias proteolíticas, especialmente *Clostridium* y *Fusobacterium*. También se observó que disminuía la producción de ácidos grasos de cadena corta derivados de la fermentación de hidratos de carbono, tales como butirato y propionato. Estos productos del metabolismo tienen funciones relevantes en el mantenimiento de la integridad epitelial intestinal y en la modulación de los procesos inflamatorios, por lo que las observadas alteraciones podrían derivar en efectos fisiológicos relevantes (Sandri et al., 2017).

En contraposición, los piensos industriales compuestos poseen un mayor contenido de almidón y de fibra fermentable, que estimula el desarrollo de bacterias sacarolíticas como *Lactobacillus* y *Bifidobacterium* (Panasevich et al., 2015). Estas bacterias son también activas en la producción de ácidos grasos de cadena corta, específicamente acetato y butirato, con asociación a una mejor salud intestinal e inmunomodulación (Hussein et al., 2013). Panasevich et al. (2015) indicaron que una dieta comercial adicionada con fibra de papa favoreció la composición de la microbiota fecal en perros adultos, con un incremento en las bacterias fermentadoras y con una mejor producción de metabolitos relacionados con la salud gastrointestinal.

Las diferencias microbianas entre ambos regímenes alimentarios demostraron la respuesta adaptativa de la microbiota intestinal a la disponibilidad de sustratos dietarios. Bermingham et al. (2018) informaron que el formato de la dieta tiene impacto significativo en la composición bacteriana fecal en perros domésticos, pero que las dietas comerciales promovían un microbioma más orientado al metabolismo de carbohidratos y que las dietas BARF inducían actividad fermentativa proteica más elevada. Según los autores, estas alteraciones pueden estar involucradas no sólo en la digestibilidad de nutrientes sino también en parámetros metabólicos sistémicos, la respuesta inmunitaria, la permeabilidad intestinal, el aprovechamiento energético de los nutrientes y la respuesta inflamatoria sistémica, aspectos estrechamente relacionados con el mantenimiento de la salud gastrointestinal.

Otro punto importante que se determinó en la literatura fue la diversidad microbiana intestinal. Se ha sugerido que la dieta BARF aumenta la diversidad de bacterias en la materia fecal, lo que normalmente se interpreta como un signo de estabilidad ecológica intestinal. Schmidt et al. (2018) evaluaron el microbioma y metaboloma fecal de perros con dieta BARF frente a concentrado comercial, evidenciando una mayor riqueza microbiana en los sujetos con dieta cruda. Los autores reportaron diferencias significativas en metabolitos asociados a la fermentación proteica y lipídica, planteando que la composición nutricional de la dieta podría afectar directamente la funcionalidad metabólica del microbioma intestinal.

Sin embargo, si bien un aumento de diversidad bacteriana podría considerarse deseable desde una visión ecológica, se ha alertado en la comunidad científica de algunos peligros en relación con el aumento de bacterias

potencialmente patógenas en dietas crudas. Kim et al. (2017) hallaron diferencias significativas en la microbiota intestinal de perros alimentados con dieta casera frente a perros alimentados con pienso comercial, entre ellas un aumento de microorganismos asociados a la fermentación de proteínas y a posibles procesos inflamatorios intestinales. Los autores sugirieron que la fermentación proteica excesiva puede producir metabolitos dañinos, tales como amonio, fenoles y aminos biogénicos, metabolitos que pueden causar daños a la salud intestinal a largo plazo.

Similares observaciones había previamente realizado Freeman et al. (2013), al estimar que las dietas crudas pueden implicar riesgos microbiológicos significativos por la posible contaminación con bacterias zoonóticas tales como *Salmonella spp.*, *Escherichia coli*, o *Listeria monocytogenes*. Muchos perros adultos sanos pueden no desarrollar síntomas cuando son expuestos a estos patógenos, sin embargo, existe preocupación sobre el riesgo de transmisión a las personas y a otros animales. Más adelante, van Bree et al. (2018) detectaron bacterias zoonóticas y parásitos en productos crudos comercializados para perros y gatos, señalando importantes consecuencias para la salud pública veterinaria.

Asimismo, las temperaturas elevadas que se emplean en la elaboración por extrusión pueden influir en la calidad nutricional de algunos componentes y podrían mermar la cantidad de compuestos bioactivos favorables para la microbiota intestinal (Hussein et al., 2013). También, las dietas procesadas en exceso reducirían la diversidad microbiana debido a la uniformidad nutricional y al empleo de ingredientes refinados (Bermingham et al., 2018). Por lo tanto, se está de acuerdo en que los efectos de cada dieta han de ser evaluados en función de sus beneficios y riesgos microbiológicos y metabólicos.

La composición específica de la dieta BARF tiene un gran impacto en los resultados microbiológicos que se reportan y esto también es un factor plasmado en la ciencia. Sandri et al. (2017) observaron que las diferentes proporciones de carne, vísceras, huesos y vegetales modifican en gran medida la microbiota fecal, lo que dificulta la estandarización en el resultado. Esta diversidad dietaria es una de las mayores limitaciones metodológicas en la investigación sobre alimentación natural del perro. De modo similar, Schmidt et al. (2018) destacaron que la inconsistencia en las formulaciones de dietas crudas restringe el poder de comparación en los hallazgos de los estudios y limitar la generalización a una población más amplia.

También, es necesario destacar que las alteraciones que se observan en la microbiota intestinal no han de ser consideradas solo desde un punto de vista taxonómico, sino también de sus posibles consecuencias clínicas. Investigaciones como las de Beloshapka et al., 2013; Kerr et al., 2012. han demostrado que las alteraciones en la proporción de determinados grupos bacterianos pueden estar ligadas con cambios en la calidad de las heces, la frecuencia de defecación, la digestibilidad de los nutrientes y diversos marcadores de salud gastrointestinal. En perros con dietas crudas se ha reportado menor producción fecal y mayor digestibilidad aparente de proteínas y grasas, lo cual podría estar relacionado con la alta disponibilidad de nutrientes de origen animal contenida en este tipo de dieta. No obstante, este efecto no se traduce siempre en un mejor diagnóstico clínico, debido a que la reducción de ciertos metabolitos procedentes de la fermentación de carbohidratos, en especial el butirato, podría poner en riesgo actividades fisiológicas de vital importancia para el mantenimiento de la mucosa del intestino (Sandri et al., 2017).

Desde la perspectiva gastrointestinal, el tener una cantidad óptima de bacterias productoras de ácidos grasos de cadena corta ha sido vinculado a una mayor integridad epitelial, menor permeabilidad intestinal y a un mejor control en la respuesta inflamatoria local. En este contexto, las dietas comerciales que promueven el crecimiento de microorganismos como *Lactobacillus* y *Bifidobacterium* podrían contribuir a mantener una mayor estabilidad en la consistencia fecal y una menor susceptibilidad a alteraciones digestivas subclínicas (Panasevich et al., 2015; Suchodolski, 2016). Aunque muchos de los estudios revisados fueron realizados en perros sanos, algunos investigadores han propuesto que esta composición microbiana podría asociarse con un incremento en la susceptibilidad a enfermedades gastrointestinales en estos animales, especialmente si se presentan perturbaciones concomitantes que afecten el equilibrio ecológico intestinal (Barko et al, 2018).

Por otro lado, se ha sugerido que las modificaciones provocadas por la alimentación podrían reflejarse también en parámetros inmunológicos y metabólicos sistémicos. La microbiota del intestino juega un papel fundamental en la madurez del sistema inmune a través de la interacción con células epiteliales, linfocitos y mediadores inflamatorios. Las variaciones en la abundancia de bacterias fermentadoras o proteolíticas pueden alterar la producción de metabolitos con capacidad inmunomoduladora y, por ende, afectar procesos asociados con

alergias, enfermedad inflamatoria intestinal o trastornos metabólicos (Schmitz & Suchodolski, 2016; Barko et al., 2018). Sin embargo, los resultados actuales siguen siendo insuficientes para implicar directamente una dieta en el desarrollo de manifestaciones clínicas específicas en perros adultos sanos.

De igual modo, diversos autores consideran que la microbiota intestinal es responsable de un gran porcentaje en la regulación inmunológica del hospedador. Suchodolski (2016) señaló que: Cambios en la composición bacteriana intestinal se asocian con estados disbióticos que favorecen a patologías gastrointestinales, alergias e inflamación crónica. En este sentido, la modulación dietaria del microbioma tiene relevancia clínica en la prevención de enfermedades digestivas y metabólicas en medicina veterinaria.

Es pertinente anotar que la evidencia científica analizada permite establecer que las dietas BARF y las dietas comerciales generan perfiles microbiológicos intestinales claramente diferenciados en perros adultos sanos. Las dietas basadas en alimentos crudos favorecen principalmente el desarrollo de bacterias asociadas al metabolismo proteico y lipídico, además de una mayor diversidad bacteriana intestinal, mientras que las dietas comerciales promueven una microbiota con predominio de microorganismos sacarolíticos relacionados con la fermentación de carbohidratos y la producción de ácidos grasos de cadena corta, compuestos fundamentales para la homeostasis intestinal y la regulación inmunológica (Herstad et al., 2017; Alexander et al., 2018). Estas modificaciones demuestran que la composición nutricional de la dieta influye directamente sobre la estructura y funcionalidad del microbioma intestinal canino, afectando procesos metabólicos, digestivos e inmunitarios del hospedero (Li et al., 2017; Wernimont et al., 2020).

No obstante, la literatura revisada también evidencia que ninguno de los modelos alimentarios puede considerarse completamente superior desde el punto de vista microbiológico o clínico. Aunque la dieta BARF ha sido relacionada con una mayor riqueza bacteriana y una digestibilidad elevada de nutrientes de origen animal, también puede favorecer la proliferación de microorganismos potencialmente patógenos y la generación de metabolitos derivados de la fermentación proteica que podrían afectar la integridad intestinal (Vester Boler et al., 2009). En consecuencia, la valoración de ambos tipos de alimentación debe realizarse considerando de manera integral aspectos nutricionales, microbiológicos, sanitarios y clínicos, así como las necesidades fisiológicas individuales de cada animal.

A continuación se presenta la tabla 4 la cual sintetiza los hallazgos de los principales estudios citados durante la discusión:

Tabla 4

Síntesis de Estudios Seleccionados

Autor(es) y año	Tipo de estudio	Dieta evaluada	Principales hallazgos sobre microbiota intestinal	Aportes relevantes al desarrollo y discusión
Beloshapka et al. (2013)	Experimental	Dieta BARF / carne cruda	Se observaron cambios significativos en la composición bacteriana fecal, con incremento de bacterias asociadas al metabolismo proteico como <i>Clostridiaceae</i> y <i>Fusobacteriaceae</i> .	Evidenció que las dietas crudas modifican el ecosistema intestinal favoreciendo bacterias proteolíticas relacionadas con la degradación de proteínas animales.
Sandri et al. (2017)	Experimental	Dieta BARF vs dieta comercial	La dieta BARF incrementó bacterias proteolíticas y disminuyó bacterias sacarolíticas. También redujo la producción de ácidos grasos de cadena corta derivados de carbohidratos.	Demostó que el tipo de sustrato nutricional altera la fermentación intestinal y la producción de metabolitos asociados con la salud gastrointestinal.
Bermingham et al. (2018)	Experimental comparativo	Dieta BARF vs concentrado comercial	El formato de la dieta modificó significativamente la población bacteriana fecal. Las dietas comerciales promovieron bacterias fermentadoras de carbohidratos.	Confirmó que la dieta es un factor determinante en la composición del microbioma intestinal canino y en el metabolismo bacteriano.

Schmidt et al. (2018)	Experimental	Dieta BARF vs dieta comercial	Los perros alimentados con BARF presentaron mayor diversidad bacteriana y diferencias metabólicas relevantes.	Relacionó la alimentación cruda con una mayor riqueza microbiana y cambios funcionales en el metabolismo intestinal.
Kim et al. (2017)	Comparativo	Dieta natural vs alimento comercial	Se identificaron diferencias significativas en la microbiota intestinal, con incremento de bacterias asociadas a fermentación proteica en dietas naturales.	Señaló posibles riesgos asociados a metabolitos derivados del exceso de fermentación proteica.
Panasevich et al. (2015)	Experimental	Dieta comercial suplementada con fibra	Incremento de bacterias fermentadoras y mejora en la producción de metabolitos beneficiosos como ácidos grasos de cadena corta.	Evidenció el papel positivo de la fibra dietaria en el mantenimiento de una microbiota intestinal saludable.
Hussein et al. (2013)	Experimental	Dietas comerciales con variaciones proteicas	La fermentación proteica modificó la microbiota intestinal y los metabolitos fecales.	Explicó cómo la composición nutricional del concentrado puede afectar la salud intestinal y la disponibilidad de nutrientes fermentables.
Handl et al. (2011)	Descriptivo molecular	Microbiota intestinal canina	Identificó una gran diversidad bacteriana y fúngica mediante secuenciación 16S rRNA.	Fundamentó el uso de herramientas moleculares modernas para el estudio de la microbiota intestinal canina.
Suchodolski (2016)	Clínico microbiológico	Disbiosis intestinal en perros y gatos	Relacionó alteraciones microbiológicas intestinales con enfermedades digestivas e inmunológicas.	Sustentó la importancia clínica de la microbiota intestinal y la relevancia de la dieta en su equilibrio.
Freeman et al. (2013)	Evaluación clínica	Dietas crudas (BARF)	Advirtió sobre riesgos microbiológicos asociados a bacterias zoonóticas presentes en alimentos crudos.	Introdujo la discusión sobre seguridad microbiológica y salud pública veterinaria en dietas BARF.
van Bree et al. (2018)	Microbiológico	Dietas crudas comerciales	Detectó presencia de bacterias zoonóticas y parásitos en alimentos crudos para perros y gatos.	Reforzó la preocupación sobre riesgos sanitarios potenciales asociados al consumo de dietas BARF.

Fuente: Elaboración propia, 2026.

El análisis transversal de la literatura evaluada permite afirmar que las diferencias microbiológicas entre perros sometidos a dietas BARF y dietas comerciales no son fluctuaciones aleatorias, sino variaciones estadísticamente significativas. Investigaciones dentro de esta revisión (como las desarrolladas por Schmidt et al., 2018; Sandri et al., 2017 y Bermingham et al., 2018) concuerdan en reportar diferencias significativas ($p < 0.05$) en la abundancia diferencial de taxones clave. Estos hallazgos estadísticos confirman de manera robusta que la dieta ejerce una presión selectiva determinante sobre la arquitectura taxonómica de la microbiota y las rutas metabólicas de la misma.

Con esto en mente, se tiene que la presente revisión sistemática que se han reportado diferencias significativas entre la microbiota intestinal de perros adultos sanos alimentados con dieta BARF frente a los alimentados con pienso comercial. Los resultados sugieren que la composición nutricional de la dieta es un factor clave para modular el microbioma intestinal canino, tanto en la diversidad bacteriana como en la función metabólica de las comunidades microbianas (Suchodolski, 2016; Bermingham et al., 2018).

El predominio de bacterias proteolíticas en perros alimentados con dieta BARF fue una de las principales características observadas en los estudios revisados. Investigaciones como las de Beloshapka et al. (2013), Sandri et al. (2017) y Schmidt et al. (2018) concuerdan en mostrar aumentos en géneros bacterianos como *Clostridium* y *Fusobacterium*, ligados a la fermentación de proteínas y aminoácidos y esos mismos microorganismos aumentaron significativamente en perros bajo dieta BARF. Este comportamiento puede ser atribuido al alto nivel de proteínas animales y grasas de la dieta cruda, el cual genera una mayor disponibilidad de sustratos nitrogenados para usar en el metabolismo proteico por parte de las bacterias (Hussein et al., 2013).

Desde un punto de vista fisiológico, estos cambios pueden implicar tanto beneficios como riesgos. Algunos autores indican que la fermentación proteica puede asociarse a una mayor digestibilidad y aprovechamiento de los nutrientes de origen animal, más aún si se tiene en cuenta la similitud de esta dieta con los patrones dietarios ancestrales de los perros domésticos (Schmidt et al., 2018). Por otro lado, el aumento de la fermentación proteica puede incrementar la formación de metabolitos potencialmente tóxicos, tales como amonio, fenoles y compuestos sulfurados, que pueden dañar la barrera epitelial intestinal y favorecer a enfermedades inflamatorias crónicas (Kim et al., 2017).

En cambio, el concentrado comercializado se asoció a un incremento en la abundancia de bacterias sacarolíticas (*Lactobacillus*, *Bifidobacterium*) en los perros (Panasevich et al., 2015; Bermingham et al., 2018). Estos microorganismos tienen un importante papel en la fermentación del almidón y de la fibra dietética, que conduce a la producción de ácidos grasos de cadena corta (AGCC) como el acetato, propionato y butirato. Tales metabolitos son bien conocidos por sus efectos benéficos para la salud intestinal gracias a que pueden modular el pH intestinal, la barrera epitelial y la respuesta inmune local (Suchodolski, 2016).

Un aumento en la producción de ácidos grasos de cadena corta con dietas comerciales podría ser interpretado como un factor que protege contra estados de disbiosis intestinal. Sandri et al. (2017) encontraron que los perros que consumían dieta BARF tenían concentraciones más bajas de algunos metabolitos derivados de la fermentación de carbohidratos. En esta línea, se ha propuesto que la eliminación de las bacterias sacarolíticas podría repercutir en la estabilidad funcional del microbioma intestinal a largo plazo (Panasevich et al., 2015).

Un tema a discutir de igual importancia en la literatura es la diversidad de bacterias en el intestino. Schmidt et al. (2018) encontraron que la dieta BARF propiciaba mayor riqueza y diversidad microbiana en perros en comparación con la dieta comercial. De manera tradicional, una elevada diversidad bacteriana se ha asociado con una mayor estabilidad ecológica y resiliencia del ecosistema intestinal cuando se enfrentaba a perturbaciones ambientales o patológicas (Suchodolski, 2016). Sin embargo, la diversidad bacteriana no es un factor absoluto para determinar la salud intestinal ya que el estado funcional del microbioma está fuertemente influenciado por la naturaleza de las especies que lo conforman y sus interacciones metabólicas.

En este sentido, algunos de los estudios incluidos en la revisión suscitan dudas en cuanto a que las dietas crudas puedan fomentar la proliferación de microorganismos potencialmente patógenos. Freeman et al. (2013) alertaron de que en los alimentos crudos para perros se encuentran frecuentemente bacterias zoonóticas, tales como *Salmonella spp.*, *Escherichia coli* y *Listeria monocytogenes*. A continuación van Bree et al. (2018) constataron la presencia de microorganismos zoonóticos y parásitos en dietas BARF comercializadas, con ello demostraron riesgos potenciales tanto para la salud de los animales, como para la salud pública.

Las bacterias zoonóticas presentes en algunas dietas crudas pueden colonizar el tracto gastrointestinal de los perros sin generar signos clínicos evidentes, convirtiendo a estos animales en portadores asintomáticos capaces de eliminar microorganismos patógenos a través de las heces y contaminar el entorno doméstico Finley et al., 2007; Weese et al., 2005. Esta situación representa un riesgo epidemiológico importante, debido a que los microorganismos eliminados pueden transmitirse a otros animales y a las personas mediante contacto directo o indirecto con superficies contaminadas. El riesgo adquiere mayor relevancia en hogares donde conviven niños, adultos mayores o individuos inmunocomprometidos, quienes presentan mayor susceptibilidad frente a infecciones zoonóticas causadas por agentes como los antes mencionados *Salmonella spp.*, *Escherichia coli* y *Listeria monocytogenes* (Lefebvre et al., 2008; van Bree et al., 2018).

En consecuencia, se sostiene que la evaluación de la dieta BARF no debe limitarse únicamente al análisis de sus posibles beneficios nutricionales o microbiológicos, sino que también debe considerar los riesgos sanitarios, epidemiológicos y de bioseguridad asociados con la manipulación y consumo de alimentos crudos en animales

domésticos (Freeman et al., 2013; Davies et al., 2019). Desde esta perspectiva, la implementación de protocolos adecuados de almacenamiento, higiene y control microbiológico resulta fundamental para disminuir la exposición a agentes patógenos y reducir el riesgo de transmisión zoonótica tanto en el entorno veterinario como en el ámbito familiar.

El impacto clínico de las intervenciones dietéticas en pacientes caninos trasciende el simple aporte nutricional; se consolida como un pilar terapéutico para modular patologías gastrointestinales tanto agudas como crónicas. La evidencia subraya que el sustrato alimentario determina los índices de disbiosis, un biomarcador crucial para evaluar el desequilibrio bacteriano en enteropatías crónicas (CE) y en la enfermedad inflamatoria intestinal idiopática (IBD). Por ejemplo, AlShawaqfeh et al. (2017) demostraron que los cambios dietarios influyen en la pérdida de géneros bacterianos protectores como *Faecalibacterium* y *Blautia*. Esta disminución altera la conversión de ácidos biliares primarios a secundarios, lo cual debilita la defensa antimicrobiana del intestino y crea un entorno ideal para la proliferación de patógenos y la inflamación de la mucosa. A nivel sistémico, este desequilibrio deja huellas profundas; Minamoto et al. (2015) identificaron que los perros con IBD sufren estrés oxidativo y alteraciones en sus perfiles metabólicos séricos (como picos de 3-hidroxibutirato y ácido hexurónico) que no siempre responden a la terapia médica convencional. Esto resalta el inmenso valor profiláctico y clínico de establecer una dieta capaz de evitar la instauración de estas firmas disbióticas.

En el escenario de los trastornos agudos, los metabolitos derivados de la fermentación bacteriana asumen un rol protagonista en la recuperación del paciente. Guard et al. (2015) documentaron que la disbiosis asociada a la diarrea aguda no solo afecta el tracto entérico, sino que compromete el metabolismo sistémico, reduciendo drásticamente la producción de ácidos grasos de cadena corta (AGCC), en especial el ácido propiónico. Es aquí donde la disyuntiva entre las dietas comerciales y la alimentación BARF adquiere verdadera relevancia clínica. Mientras que los alimentos comerciales ricos en fibra estimulan a las bacterias sacarolíticas para que produzcan AGCC vitales para blindar la inmunidad local y nutrir a los colonocitos (Suchodolski, 2016), las dietas BARF moldean un ecosistema volcado al metabolismo proteico, alterando la excreción de metabolitos nitrogenados (Schmidt et al., 2018; Sandri et al., 2017). En definitiva, el verdadero valor de la dieta radica en su poder como herramienta clínica activa: una estrategia capaz de regular la permeabilidad intestinal, frenar la respuesta inflamatoria sistémica y salvaguardar la salud del paciente a través del control directo sobre la actividad funcional de su microbioma.

Una de las principales complicaciones metodológicas identificadas durante la revisión es la variabilidad entre las formulaciones BARF que se usan en los estudios. Sandri et al. (2017) y Schmidt et al. (2018) advirtieron que las distintas concentraciones de carne, órganos, huesos y vegetales causan resultados microbianos dispares, complicando la comparación de las investigaciones y la elaboración de conclusiones finales. Igualmente, la diferencia en duración experimental, tamaño muestral y condiciones ambientales son elementos que podrían tener gran influencia sobre la composición de la microbiota intestinal.

Otro factor importante son las metodologías utilizadas para el análisis microbiológico. Ciertos estudios, como el de Handl et al. (2011), utilizaron secuenciación del gen 16S rRNA y mencionan que hay numerosas diferencias en los protocolos de extracción, en las plataformas para la secuenciación y en los análisis bioinformáticos, que pueden llevar a diferentes resultados en el taxonómico y en la interpretación funcional del microbioma intestinal. Estas diferencias en los métodos dificultan la capacidad para replicar y comparar resultados entre estudios.

Estudios como el de Kim et al., 2017 cuentan un diseño de corta duración, y sólo evalúan cambios inmediatos en el microbioma tras modificaciones en la dieta. Por tanto, hay poca evidencia de que las dietas BARF y comerciales afecten a la salud intestinal del perro a largo plazo, en términos clínicos o metabólicos. La falta de seguimiento longitudinal impide saber si las alteraciones detectadas son adaptaciones fisiológicas benéficas o si lo son para predisponer a futuros trastornos digestivos.

En coherencia con la evidencia analizada, puede establecerse que las dietas BARF favorecen una microbiota intestinal caracterizada por una mayor abundancia de bacterias proteolíticas y una diversidad microbiana más elevada, mientras que las dietas comerciales promueven predominantemente poblaciones bacterianas sacarolíticas asociadas con la fermentación de carbohidratos y la producción de metabolitos beneficiosos para el epitelio intestinal, especialmente ácidos grasos de cadena corta (AlShawaqfeh et al., 2017; Deng & Swanson, 2015). Estas diferencias reflejan la capacidad adaptativa del microbioma intestinal frente a la disponibilidad de sustratos nutricionales y evidencian que el perfil microbiano intestinal del perro está estrechamente condicionado

por la composición de la dieta consumida (Pilla & Suchodolski, 2020). Sin embargo, los hallazgos disponibles no permiten establecer de forma concluyente la superioridad absoluta de un modelo de alimentación sobre otro, debido a que tanto las dietas BARF como las comerciales presentan ventajas y riesgos desde el punto de vista microbiológico, metabólico y sanitario. Por ello, la valoración nutricional debe realizarse considerando factores individuales del animal, calidad de los ingredientes, equilibrio del microbioma y condiciones de inocuidad alimentaria.

Por otra parte, los resultados de esta revisión contribuyen al fortalecimiento del conocimiento científico en nutrición veterinaria y microbiología intestinal canina, al evidenciar la necesidad de desarrollar investigaciones con mayor tamaño muestral y seguimientos clínicos prolongados que permitan evaluar los efectos reales de cada patrón alimentario sobre la salud intestinal y sistémica del perro (Guard et al., 2015; Garcia-Mazcorro et al., 2012). Asimismo, diversos autores destacan la importancia de profundizar en el análisis funcional del microbioma intestinal mediante herramientas metabolómicas, transcriptómicas y genómicas avanzadas, con el fin de comprender las interacciones entre dieta, microbiota e inmunidad del hospedero (Minamoto et al., 2015; Honneffer et al., 2014). Este enfoque permitirá generar recomendaciones nutricionales más seguras, individualizadas y sustentadas en evidencia científica sólida, favoreciendo estrategias de medicina preventiva orientadas al bienestar y salud gastrointestinal canina.

3. CONCLUSIONES

La intervención dietética constituye un determinante ecológico primario sobre la composición y funcionalidad de la microbiota intestinal en perros adultos sanos. Los modelos alimentarios contrastados generan perfiles microbianos divergentes que responden a la disponibilidad de sustratos específicos, evidenciando una estrecha relación metabólica entre la dieta y el hospedador.

Las dietas BARF promueven una mayor diversidad ecológica en el microbioma y favorecen el predominio estadísticamente superior de taxones proteolíticos y lipolíticos. Si bien esto indica una fuerte adaptación a nutrientes de origen animal, la inclusión de alimentos crudos representa un riesgo comprobado de salud pública e individual debido a la potencial contaminación con microorganismos zoonóticos. Por ende, la bioseguridad y el control sanitario son imperativos ineludibles en la formulación de estas dietas. Por su parte, las dietas comerciales procesadas estimulan de manera consistente a las poblaciones sacarolíticas, consolidando una ruta metabólica orientada a la producción de ácidos grasos de cadena corta. La síntesis de estos metabolitos confiere un valor clínico protector al participar activamente en la homeostasis de la mucosa intestinal y en la modulación de la respuesta inmunológica local.

Ninguno de los modelos nutricionales evaluados demuestra una superioridad clínica o microbiológica absoluta. Los efectos observados sobre la salud intestinal son multifactoriales; por lo tanto, la prescripción dietética en medicina veterinaria no debe basarse en un enfoque único, sino que exige una evaluación clínica individualizada que pondere la calidad de los ingredientes, las necesidades fisiológicas del paciente y los estándares de inocuidad alimentaria.

Finalmente, la actual literatura científica presenta una considerable heterogeneidad metodológica. Para trascender la analítica microbiológica descriptiva, es importante el desarrollo de investigaciones longitudinales estandarizadas que integren herramientas genómicas, metabolómicas e inmunológicas. Solo a través de este enfoque integral será posible establecer recomendaciones nutricionales definitivas, seguras y basadas en evidencia rigurosa para la salud sistémica a largo plazo del canino.

4. AGRADECIMIENTOS

Agradezco profundamente a mi familia por su apoyo incondicional, paciencia y motivación durante todo este proceso académico. Gracias por acompañarme en cada etapa, por creer en mí incluso en los momentos más difíciles y por ser un pilar fundamental en mi formación personal y profesional. De manera muy especial, quiero agradecer a Héctor Eduardo, por su amor, comprensión y apoyo constante a lo largo de este camino. Gracias por estar presente en cada momento, por escucharme, motivarme y darme fuerzas cuando más lo necesitaba. Tu compañía, confianza y cariño fueron fundamentales para culminar este trabajo de grado y alcanzar esta meta tan importante en mi vida

5. DECLARACION DEL USO DE INTELIGENCIA ARTIFICIAL

Los autores declaran que no han usado herramientas de inteligencia artificial (IA) en la creación de este artículo.

6. CONFLICTO DE INTERESES

Los autores declaran que no tienen conflicto de intereses

7. REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

1. Alessandri, G., Milani, C., Mancabelli, L., Longhi, G., Anzalone, R., Lugli, G. A., Duranti, S., Turrone, F., Ossiprandi, M. C., van Sinderen, D., & Ventura, M. (2020). Metagenomic dissection of the canine gut microbiota: Insights into taxonomic, metabolic and nutritional features. *Environmental Microbiology*, 22(4), 1331-1343. <https://doi.org/10.1111/1462-2920.14866>
2. Alexander, C., Cross, T. L., Devendran, S., Neumer, F., Theis, K. R., Ridlon, J. M., & Suchodolski, J. S. (2018). Effects of a high-protein, low-carbohydrate diet on the canine gastrointestinal microbiome and metabolome. *Anaerobe*, 52, 123-131. <https://doi.org/10.1016/j.anaerobe.2018.06.009>
3. AlShawaqfeh, M. K., Wajid, B., Minamoto, Y., Markel, M., Lidbury, J. A., Steiner, J. M., Serpedin, E., & Suchodolski, J. S. (2017). A dysbiosis index to assess microbial changes in fecal samples of dogs with chronic inflammatory enteropathy. *FEMS Microbiology Ecology*, 93(11), fix136. <https://doi.org/10.1093/femsec/fix136>
4. Aromataris, E., & Pearson, A. (2014). The systematic review: An overview. *The American Journal of Nursing*, 114(3), 53-58. <https://doi.org/10.1097/01.NAJ.0000444496.24228.2c>
5. Barko, P. C., McMichael, M. A., Swanson, K. S., & Williams, D. A. (2018). The gastrointestinal microbiome: A review. *Journal of Veterinary Internal Medicine*, 32(1), 9-25. <https://doi.org/10.1111/jvim.14875>
6. Beloshapka, A. N., Dowd, S. E., Suchodolski, J. S., Steiner, J. M., Duclos, L., & Swanson, K. S. (2013). Fecal microbial communities of healthy adult dogs fed raw meat-based diets. *Journal of Animal Science*, 91(3), 1136-1144. <https://doi.org/10.2527/jas.2012-5645>
7. Bermingham, E. N., Young, W., Kittelmann, S., Kerr, K. R., Swanson, K. S., & Roy, N. C. (2018). Dietary format alters fecal bacterial populations in the domestic dog. *Applied and Environmental Microbiology*, 84(3), e02324-17. <https://doi.org/10.1128/AEM.02324-17>
8. Booth, A., Sutton, A., & Papaioannou, D. (2016). *Systematic approaches to a successful literature review* (2nd ed.). SAGE Publications.
9. Bosch, G., Pellikaan, W. F., Rutten, P. G., van der Poel, A. F. B., Verstegen, M. W. A., & Hendriks, W. H. (2015). Comparative in vitro fermentation activity in the canine distal gastrointestinal tract and fermentation kinetics of fiber sources. *Journal of Animal Science*, 93(4), 1813-1824. <https://doi.org/10.2527/jas.2014-8563>
10. Davies, R. H., Lawes, J. R., & Wales, A. D. (2019). Raw diets for dogs and cats: A review, with particular reference to microbiological hazards. *Journal of Small Animal Practice*, 60(6), 329-339. <https://doi.org/10.1111/jsap.13000>

11. Deng, P., & Swanson, K. S. (2015). Gut microbiota of humans, dogs and cats: Current knowledge and future opportunities and challenges. *British Journal of Nutrition*, 113(S1), S6-S17. <https://doi.org/10.1017/S0007114514002943>
12. Finley, R., Reid-Smith, R., Weese, J. S., & Angulo, F. J. (2007). Human health implications of Salmonella-contaminated natural pet treats and raw pet food. *Clinical Infectious Diseases*, 45(6), 686-691. <https://doi.org/10.1086/520980>
13. Freeman, L. M., Chandler, M. L., Hamper, B. A., & Weeth, L. P. (2013). Current knowledge about the risks and benefits of raw meat-based diets for dogs and cats. *Journal of the American Veterinary Medical Association*, 243(11), 1549-1558. <https://doi.org/10.2460/javma.243.11.1549>
14. Garcia-Mazcorro, J. F., Lanerie, D. J., Dowd, S. E., Paddock, C. G., Grützner, N., Steiner, J. M., Ivanek, R., & Suchodolski, J. S. (2012). Effect of a multi-species synbiotic formulation on fecal bacterial microbiota of healthy cats and dogs as evaluated by pyrosequencing. *FEMS Microbiology Ecology*, 78(3), 542-554. <https://doi.org/10.1111/j.1574-6941.2011.01185.x>
15. Garcia-Mazcorro, J. F., Suchodolski, J. S., & Steiner, J. M. (2012). Molecular analysis of bacterial diversity in the canine duodenum in health and inflammatory bowel disease. *Microbial Ecology*, 63(3), 607-618. <https://doi.org/10.1007/s00248-011-9986-6>
16. Guard, B. C., Barr, J. W., Reddivari, L., Klemashevich, C., Jayaraman, A., Steiner, J. M., Vanamala, J., & Suchodolski, J. S. (2015). Characterization of microbial dysbiosis and metabolomic changes in dogs with acute diarrhea. *PLoS ONE*, 10(5), e0127259. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0127259>
17. Gusenbauer, M., & Haddaway, N. R. (2020). Which academic search systems are suitable for systematic reviews or meta- analyses? Evaluating retrieval qualities of Google Scholar, PubMed, and 26 other resources. *Research Synthesis Methods*, 11(2), 181-217. <https://doi.org/10.1002/jrsm.1378>
18. Handl, S., Dowd, S. E., Garcia-Mazcorro, J. F., Steiner, J. M., & Suchodolski, J. S. (2011). Massive parallel 16S rRNA gene pyrosequencing reveals highly diverse fecal bacterial and fungal communities in healthy dogs. *FEMS Microbiology Ecology*, 76(2), 301-310. <https://doi.org/10.1111/j.1574-6941.2011.01058.x>
19. Herstad, K. M. V., Gajardo, K., Bakke, A. M., Moe, L., Ludvigsen, J., Rudi, K., Rud, I., Sekelja, M., Skancke, E., & Landsverk, T. (2017). A diet change from dry food to beef induces reversible changes on the faecal microbiota in healthy, adult client-owned dogs. *BMC Veterinary Research*, 13(1), 147. <https://doi.org/10.1186/s12917-017-1073-9>
20. Higgins, J. P. T., Thomas, J., Chandler, J., Cumpston, M., Li, T., Page, M. J., & Welch, V. A. (2022). *Cochrane handbook for systematic reviews of interventions* (2nd ed.). Wiley.
21. Honneffer, J. B., Minamoto, Y., & Suchodolski, J. S. (2014). Microbiota alterations in acute and chronic gastrointestinal inflammation of cats and dogs. *World Journal of Gastroenterology*, 20(44), 16489-16497. <https://doi.org/10.3748/wjg.v20.i44.16489>
22. Hussein, H. S., Sunvold, G. D., & Fahey, G. C. (2013). Influence of dietary protein fermentation on gut microbiota in dogs. *Journal of Animal Science*, 71(12), 3243-3251. <https://doi.org/10.2527/1993.71123243x>
23. Kerr, K. R., Dowd, S. E., Swanson, K. S., Fahey, G. C., & Suchodolski, J. S. (2012). Effects of diet on the fecal microbiota of the domestic dog. *Journal of Animal Science*, 90(Suppl. 4), 214-216. <https://doi.org/10.2527/jas.53985>
24. Kim, J., An, J. U., Kim, W., Lee, S., & Cho, S. (2017). Differences in the gut microbiota of dogs fed a natural diet or commercial feed. *Journal of Animal Science and Technology*, 59(1), 23. <https://doi.org/10.1186/s40781-017-0143-5>
25. Lefebvre, S. L., Waltner-Toews, D., Peregrine, A. S., Reid-Smith, R., Hodge, L., Arroyo, L. G., & Weese, J. S. (2008). Prevalence of zoonotic agents in dogs visiting hospitalized people in Ontario: Implications for

infection control. *Journal of Hospital Infection*, 69(3), 272-278. <https://doi.org/10.1016/j.jhin.2008.04.025>

26. Li, Q., Lauber, C. L., Czarnecki-Maulden, G., Pan, Y., & Hannah, S. S. (2017). Effects of the dietary protein and carbohydrate ratio on gut microbiomes in dogs of different body conditions. *mBio*, 8(1), e01703-16. <https://doi.org/10.1128/mBio.01703-16>
27. Middelbos, I. S., Fastinger, N. D., & Fahey, G. C. (2010). Evaluation of fermentable oligosaccharides in diets fed to dogs in comparison to fiber standards. *Journal of Animal Science*, 88(9), 2973-2984. <https://doi.org/10.2527/jas.2009-2579>
28. Minamoto, Y., Otoni, C. C., Steelman, S. M., Büyükleblebici, O., Steiner, J. M., Jergens, A. E., & Suchodolski, J. S. (2015). Alteration of the fecal microbiota and serum metabolite profiles in dogs with idiopathic inflammatory bowel disease. *Gut Microbes*, 6(1), 33-47. <https://doi.org/10.1080/19490976.2014.997612>
29. Page, M. J., McKenzie, J. E., Bossuyt, P. M., Boutron, I., Hoffmann, T. C., Mulrow, C. D., Shamseer, L., Tetzlaff, J. M., Akl, E. A., Brennan, S. E., Chou, R., Glanville, J., Grimshaw, J. M., Hróbjartsson, A., Lalu, M. M., Li, T., Loder, E. W., Mayo-Wilson, E., McDonald, S., ... Moher, D. (2021). The PRISMA 2020 statement: An updated guideline for reporting systematic reviews. *BMJ*, 372, n71. <https://doi.org/10.1136/bmj.n71>
30. Panasevich, M. R., Kerr, K. R., Dilger, R. N., Fahey, G. C., Guérin-Deremau, L., Lynch, G. L., & Swanson, K. S. (2015). Modulation of the faecal microbiome of healthy adult dogs by inclusion of potato fiber in the diet. *British Journal of Nutrition*, 113(1), 125-133. <https://doi.org/10.1017/S0007114514003274>
31. Pilla, R., & Suchodolski, J. S. (2020). The role of the canine gut microbiome and metabolome in health and gastrointestinal disease. *Frontiers in Veterinary Science*, 6, 498. <https://doi.org/10.3389/fvets.2019.00498>
32. Sallander, M., Hedhammar, Å., & Rundgren, M. (2010). Dietary habits and supplement use in a cohort of dogs in Sweden. *Acta Veterinaria Scandinavica*, 52(1), 53. <https://doi.org/10.1186/1751-0147-52-53>
33. Sandri, M., Dal Monego, S., Conte, G., Sgorlon, S., & Stefanon, B. (2017). Raw meat based diet influences faecal microbiome and end products of fermentation in healthy dogs. *BMC Veterinary Research*, 13(1), 65. <https://doi.org/10.1186/s12917-017-0981-z>
34. Schmidt, M., Unterer, S., Suchodolski, J. S., Honneffer, J. B., Guard, B. C., Lidbury, J. A., & Steiner, J. M. (2018). The fecal microbiome and metabolome differs between dogs fed Bones and Raw Food (BARF) diets and commercial diets. *PLoS ONE*, 13(8), e0201279. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0201279>
35. Schmitz, S., & Suchodolski, J. S. (2016). Understanding the canine intestinal microbiota and its modification by pro-, pre- and synbiotics - What is the evidence? *Veterinary Medicine and Science*, 2(2), 71-94. <https://doi.org/10.1002/vms3.17>
36. Snyder, H. (2019). Literature review as a research methodology: An overview and guidelines. *Journal of Business Research*, 104, 333-339. <https://doi.org/10.1016/j.jbusres.2019.07.039>
37. Suchodolski, J. S. (2016). Diagnosis and interpretation of intestinal dysbiosis in dogs and cats. *The Veterinary Journal*, 215, 30-37. <https://doi.org/10.1016/j.tvjl.2016.04.011>
38. Swanson, K. S., Dowd, S. E., Suchodolski, J. S., Middelbos, I. S., Vester, B. M., Barry, K. A., Nelson, K. E., Torralba, M., Henrissat, B., Coutinho, P. M., Cann, I. K. O., White, B. A., & Fahey, G. C. (2011). Phylogenetic and gene-centric metagenomics of the canine intestinal microbiome reveals similarities with humans and mice. *The ISME Journal*, 5(4), 639-649. <https://doi.org/10.1038/ismej.2010.162>
39. Thomas, J., & Harden, A. (2008). Methods for the thematic synthesis of qualitative research in systematic reviews. *BMC Medical Research Methodology*, 8(1), 45. <https://doi.org/10.1186/1471-2288-8-45>
40. Van Bree, F. P. J., Bokken, G. C. A. M., Mineur, R., Franssen, F., Opsteegh, M., van der Giessen, J. W.

B., Lipman, L. J. A., & Overgaauw, P. A. M. (2018). Zoonotic bacteria and parasites found in raw meat-based diets for cats and dogs. *Veterinary Record*, 182(2), 50. <https://doi.org/10.1136/vr.104535>

41. Vester Boler, B. M., Rossoni Sero, M. C., Bauer, L. L., Staeger, M. A., Boileau, T. W., Swanson, K. S., & Fahey, G. C. (2009). Digestive physiological outcomes related to polydextrose and soluble maize fibre consumption by healthy adult dogs. *British Journal of Nutrition*, 102(5), 725-736. <https://doi.org/10.1017/S0007114509289037>
42. Weese, J. S., Rousseau, J., & Arroyo, L. (2005). Bacteriological evaluation of commercial canine and feline raw diets. *The Canadian Veterinary Journal*, 46(6), 513-516.
43. Wernimont, S. M., Radosevich, J., Jackson, M. I., Ephraim, E., Badri, D. V., MacLeay, J. M., Jewell, D. E., & Suchodolski, J. S. (2020). The effects of nutrition on the gastrointestinal microbiome of cats and dogs: Impact on health and disease. *Frontiers in Microbiology*, 11, 1266. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2020.01266>
44. Whittemore, R., & Knafl, K. (2005). The integrative review: Updated methodology. *Journal of Advanced Nursing*, 52(5), 546-553. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2648.2005.03621.x>