ID: 10.33881/2011-7191.mct.18202

ĬbērAM
Investigación | Research

Efectos del entrenamiento en intervalos de alta intensidad (HIIT) en la expresión génica relacionada con el fitness

revisión narrativa

Effects of high-intensity interval training (HIIT) on gene expression related to fitness: narrative review

CC BY NC SA

Julián Andrés **Hernández Quintero**

MCT Volumen 18 #2 julio - diciembre

Movimiento Científico

ISSN-l: 2011-7191 | e-ISSN: 2463-2236

Publicación Semestral

Photo By/Foto: vectorfusionart

Movimiento Científico

ISSN-l: 2011-7191 | e-ISSN: 2463-2236
Publicación Semestral

ID: 10.33881/2011-7191.mct.18202

Title: Effects of high-intensity interval training (HIIT) on gene expression related to fitness

Subtitle: Narrative review

Título: Efectos del entrenamiento en intervalos de alta intensidad (HIIT) en la expresión génica relacionada con el fitness

Subtítulo: Revisión narrativa

Alt Title / Título alternativo:

[en]: Effects of high-intensity interval training (HIIT) on gene expression related to fitness: narrative review

[es]: Efectos del entrenamiento en intervalos de alta intensidad (HIIT) en la expresión génica relacionada con el fitness: revisión narrativa

Author (s) / Autor (es):

Hernández Quintero

Keywords / Palabras Clave:

[en]: High-Intensity Interval Training (HIIT); Gene Expression; Mitochondrial Biogenesis; Metabolic Health; Fitness Adaptations.

[es]: Entrenamiento en Intervalos de Alta Intensidad (HIIT); Expresión Génica; Biogénesis Mitocondrial; Salud Metabólica; Adaptaciones del Fitness.

Submited: 2024-05-31

Acepted: 2024-06-19

Resumen

El entrenamiento en intervalos de alta intensidad (HIIT) ha emergido como una estrategia efectiva para mejorar la aptitud física y modular procesos metabólicos y moleculares clave. Este estudio tiene como objetivo analizar los efectos del HIIT sobre la expresión génica relacionada con el fitness, enfocándose en vías como la biogénesis mitocondrial, la angiogénesis, el metabolismo energético, la inflamación y la respuesta inmune. Método: Se realizó una revisión narrativa de 14 estudios relevantes, seleccionados tras una búsqueda exhaustiva en PubMed utilizando términos como "HIIT", "expresión génica", "biogénesis mitocondrial" y "angiogénesis". Los estudios incluidos abarcan ensayos clínicos, estudios observacionales y estudios en modelos animales que investigaron el impacto del HIIT en la expresión génica. Los datos extraídos incluyeron el tipo de estudio, protocolo de HIIT, características de la población, métodos de evaluación de la expresión génica y resultados principales. Resultados: Los estudios revisados muestran que el HIIT induce cambios significativos en genes clave como PGC-1α, VEGF, eNOS, IL-6 y diversos miRNAs, lo que mejora la biogénesis mitocondrial, la angiogénesis, el metabolismo energético y la respuesta inmune. Las variaciones en los protocolos de HIIT influyen en la magnitud de estas adaptaciones moleculares. Conclusión: El HIIT es una intervención eficaz para mejorar la aptitud física y modular vías genéticas clave, ofreciendo beneficios potenciales para diversas poblaciones, incluidas aquellas con enfermedades crónicas y adultos mayores sedentarios. La personalización de los protocolos de HIIT puede maximizar estos efectos positivos.

Abstract

High-Intensity Interval Training (HIIT) has emerged as an effective strategy to improve physical fitness and modulate key metabolic and molecular processes. This study aims to analyze the effects of HIIT on gene expression related to fitness, focusing on pathways such as mitochondrial biogenesis, angiogenesis, energy metabolism, inflammation, and immune response. Method: A narrative review of 14 relevant studies was conducted after an exhaustive search on PubMed using terms like "HIIT," "gene expression," "mitochondrial biogenesis," and "angiogenesis." The included studies encompassed clinical trials, observational studies, and animal models investigating the impact of HIIT on gene expression. Extracted data included study type, HIIT protocol, population characteristics, methods of gene expression evaluation, and main outcomes. Results: The reviewed studies show that HIIT induces significant changes in key genes such as PGC-1α, VEGF, eNOS, IL-6, and various miRNAs, enhancing mitochondrial biogenesis, angiogenesis, energy metabolism, and immune response. Variations in HIIT protocols influence the magnitude of these molecular adaptations. Conclusion: HIIT is an effective intervention to improve physical fitness and modulate key genetic pathways, offering potential benefits for various populations, including individuals with chronic diseases and sedentary older adults. Customizing HIIT protocols can maximize these positive effects.

Citar como:

Hernández Quintero, J. A. (2024). Efectos del entrenamiento en intervalos de alta intensidad (HIIT) en la expresión génica relacionada con el fitness: Revisión narrativa. **Movimiento Científico**, 18 (2), 11-20. Obtenido de: https://revmovimientocientifico.ibero.edu.co/article/view/2993

Julián Andrés **Hernández Quintero**, **Esp., Ft**

Source | Filiacion:
Universidad Manuela Beltrán

BIO
Maestrante en Bioética, Esp. Fisiología del Ejercicio, Fisioterapia.

City | Ciudad:
Colombia

e-mail:
Julian.hernandez@docentes.umb.edu.co

Para su más amplia difusión, esta obra y sus contenidos se distribuyen bajo licencia: **Creative Commons Atribución-NoComercial-CompartirIgual 4.0 International**
Se autoriza cualquier tipo de reproducción y sus diferentes usos, siempre y cuando se preserve la integridad del contenido y se cite la fuente.

Movimiento Científico
ISSN-L: 2011-7197

Efectos del entrenamiento en intervalos de alta intensidad (HIIT) en la expresión génica relacionada con el fitness

revisión narrativa

Effects of high-intensity interval training (HIIT) on gene expression related to fitness: narrative review

Julián Andrés **Hernández Quintero**

Introducción

El ejercicio físico es reconocido como un pilar fundamental para el mantenimiento de la salud y el bienestar general. Entre los múltiples métodos disponibles, el entrenamiento en intervalos de alta intensidad **(HIIT, por sus siglas en inglés)** ha ganado popularidad debido a su capacidad para mejorar la aptitud física en menos tiempo comparado con el ejercicio continuo de intensidad moderada. El HIIT se caracteriza por alternar períodos de ejercicio anaeróbico de alta intensidad con intervalos de recuperación, lo que ha demostrado inducir adaptaciones moleculares y genéticas significativas. Estas incluyen mejoras en la biogénesis mitocondrial, la angiogénesis, el metabolismo energético y la respuesta inmune, lo que sugiere que el HIIT podría tener beneficios tanto para la población general como para individuos con condiciones crónicas y sedentarios ***(Bishop1 et al., 2019; Torma et al., 2019)***.

Estudios recientes han explorado cómo el HIIT impacta en la expresión de genes clave como PGC-1α, VEGF, eNOS, y diversos miRNAs, los cuales están asociados a procesos biológicos críticos ***(Bishop et al., 2019)***. La biogénesis mitocondrial, regulada por PGC-1α, es crucial para la capacidad oxidativa y la eficiencia energética del músculo esquelético, mientras que la angiogénesis, mediada por VEGF y eNOS, mejora el suministro de oxígeno a los tejidos ***(Torma et al., 2019)***. Además, se ha observado que el HIIT puede influir en la regulación de la inflamación a través de citoquinas como IL-6, lo que sugiere posibles implicaciones en la prevención de enfermedades inflamatorias y metabólicas ***(Bishop et al., 2019; Torma et al., 2019)***. Sin embargo, la variabilidad en los protocolos de HIIT utilizados en los estudios y las características de las poblaciones estudiadas ha generado una heterogeneidad en los resultados, lo que limita la capacidad de ofrecer recomendaciones claras sobre la mejor manera de prescribir el HIIT para maximizar sus beneficios ***(Torma et al., 2019)***.

A pesar de la evidencia existente sobre los beneficios del HIIT, persiste una falta de consenso sobre cómo optimizar su implementación para diversas poblaciones. Existen preguntas sobre qué protocolos son más efectivos, cómo las características individuales pueden influir en la respuesta al HIIT, y qué adaptaciones genéticas específicas pueden ser aprovechadas para mejorar la salud metabólica y física. Este vacío en el conocimiento es especialmente relevante en un contexto donde el tiempo disponible para hacer ejercicio es limitado, lo que subraya la importancia de diseñar programas de HIIT personalizados y basados en evidencia científica sólida.

Desde una perspectiva académica, este estudio busca consolidar el conocimiento sobre los mecanismos moleculares a través de los cuales el HIIT ejerce sus efectos, proporcionando una base sólida para futuras investigaciones. En el ámbito social, el HIIT presenta una solución efectiva para poblaciones que necesitan mejorar su salud física en poco tiempo, lo que lo hace especialmente relevante en un mundo con estilos de vida cada vez más sedentarios. Además, a nivel investigativo, esta revisión se propone integrar los hallazgos dispersos en la literatura actual y ofrecer directrices claras basadas en la evidencia, con el fin de mejorar la prescripción del HIIT tanto en contextos clínicos como de acondicionamiento físico.

El objetivo principal de esta revisión narrativa es analizar los efectos del entrenamiento en intervalos de alta intensidad **(HIIT)** sobre la expresión génica relacionada con el fitness. Específicamente, se busca identificar cómo el HIIT influye en la expresión de genes clave asociados con la biogénesis mitocondrial, la angiogénesis, el metabolismo energético, la inflamación y la respuesta inmune. Asimismo, se pretende examinar cómo variables como la intensidad, duración y frecuencia del HIIT afectan estas adaptaciones genéticas, con el fin de ofrecer recomendaciones prácticas para la personalización del entrenamiento en diversas poblaciones.

Metodología

Tipo y Enfoque de Investigación

Esta revisión narrativa se centra en los efectos del entrenamiento en intervalos de alta intensidad **(HIIT)** sobre la expresión génica relacionada con el fitness. El tipo de investigación es una revisión narrativa de la literatura científica existente, con un enfoque cualitativo que integra y sintetiza hallazgos de estudios relevantes para ofrecer una visión comprehensiva de cómo el HIIT influye en la expresión génica.

Estrategia de Búsqueda

Para realizar esta revisión narrativa, se llevó a cabo una búsqueda exhaustiva en la base de datos PubMed. La fórmula de búsqueda utilizada incluyó términos específicos relacionados con el ejercicio en intervalos de alta intensidad **(HIIT)** y la expresión génica. Los términos de búsqueda incluyeron combinaciones de palabras clave como “HIIT”, “expresión génica”, “biogénesis mitocondrial”, “angiogénesis”, “metabolismo energético”, “inflamación” y “respuesta inmune”. La búsqueda se limitó a estudios publicados en los últimos diez años para asegurar la relevancia y actualidad de la información recopilada.

Criterios de Inclusión

- Tipo de Estudio: Ensayos clínicos, estudios observacionales y estudios con modelos animales.
- Intervención: HIIT como intervención principal.
- Idioma: Publicaciones en inglés.
- Resultados: Estudios que presenten datos específicos sobre la modulación génica.

Criterios de Exclusión

- Intervención Alternativa: Estudios que no involucren HIIT como intervención principal.
- Datos Insuficientes: Publicaciones sin datos específicos sobre la expresión génica.
- Duplicación: Estudios duplicados o revisiones sistemáticas.
- Condiciones Médicas no Relacionadas: Investigaciones en poblaciones con condiciones médicas no relacionadas con el fitness o la salud metabólica.

Análisis de los Datos

Para cada estudio incluido, se extrajeron datos relevantes sobre:

- Tipo de Estudio: Ensayo clínico, estudio observacional, estudio con modelo animal.
- Protocolo de **HIIT**: Duración, intensidad de los intervalos, frecuencia de entrenamiento.
- Población del Estudio: Características demográficas, estado de salud.
- Métodos para Evaluar la Expresión Génica: Técnicas de biología molecular, tejidos analizados.
- Resultados Principales: Cambios en la expresión génica.
- Genes y Vías Metabólicas Afectadas: Identificación de genes específicos y las vías metabólicas moduladas por el **HIIT**.

Evaluación de la Calidad

a calidad de los estudios incluidos se evaluó de manera narrativa, enfocándose en los siguientes aspectos:

- Diseño del Estudio: Control de variables confusoras.
- Protocolo de **HIIT**: Descripción detallada del protocolo utilizado.
- Métodos de Análisis: Técnicas utilizadas para analizar la expresión génica.
- Reproducibilidad y Validez: Fiabilidad de los resultados reportados.

Síntesis de los Resultados

Los resultados se sintetizaron de manera narrativa, organizando los hallazgos por tipo de estudio y genes afectados. Se prestó especial atención a las vías metabólicas y moleculares moduladas por el

HIIT, así como a las implicaciones para la aptitud física y la salud metabólica. Además, se discutieron las limitaciones de los estudios y se propusieron áreas para futuras investigaciones.

Consideraciones Éticas

Dado que esta revisión narrativa se basa en estudios previos y no implica la recopilación de nuevos datos de participantes humanos o animales, no se requirió la obtención de aprobación ética. Sin embargo, todos los estudios revisados declararon haber cumplido con los requisitos éticos pertinentes para sus respectivos diseños y poblaciones.

Esta metodología asegura una revisión sistemática y exhaustiva de la literatura disponible en PubMed sobre los efectos del HIIT en la expresión génica, proporcionando una base sólida para interpretar los hallazgos y sus implicaciones para la salud y el rendimiento físico.

Resultados

La selección de estudios se realizó en varias fases. Inicialmente, se identificaron 250 estudios potenciales en la base de datos PubMed. Tras la eliminación de duplicados y la aplicación de los criterios de inclusión y exclusión, el número de estudios se redujo a 56. Estos artículos fueron sometidos a una revisión de texto completo para evaluar su relevancia y calidad metodológica. Finalmente, se seleccionaron 14 estudios para su inclusión en esta revisión narrativa.

Ilustración 1 Proceso de Selección de Estudios para Revisión Narrativa sobre HIIT y Expresión Génica.

Nota: este grafico muestra el proceso de selección de los artículos para este estudio. Los datos fueron recopilados y analizados por el autor del presente trabajo.
Fuente: Elaboración propia.

Los tipos de estudios incluidos comprenden ensayos clínicos, estudios observacionales y estudios con modelos animales, con un total de cinco ensayos clínicos, seis estudios observacionales y tres estudios en modelos animales. A continuación, se presentan los hallazgos detallados de varios estudios, destacando los tipos de ejercicios, las intensidades prescritas y los genes implicados.

Se utilizó una tabla de evaluación de calidad para valorar los estudios incluidos en esta revisión. Los criterios de evaluación incluyeron el diseño del estudio, el control de variables confusoras, la descripción del protocolo de HIIT, los métodos de análisis de la expresión génica y la reproducibilidad y validez de los resultados reportados. La mayoría de los estudios incluidos mostraron una buena calidad metodológica, aunque algunos carecían de detalles suficientes sobre el control de variables confusoras y la descripción detallada del protocolo de HIIT, lo que podría afectar la validez de los resultados. En general, la reproducibilidad de los estudios fue adecuada, pero es crucial que futuros trabajos mejoren en estas áreas para proporcionar evidencia más robusta y confiable.

Tabla 1Evaluación de la calidad de los estudios sobre HIIT y la expresión génica

Estudio	Diseño del Estudio	Control de Variables	Protocolo de HIIT	Métodos de Análisis	Reproducibilidad y Validez
Andonian et al. (2022)	Ensayo clínico	Bueno	Detallado	Técnicas moleculares	Alta
Andonian et al. (2021)	Ensayo clínico	Bueno	Detallado	Técnicas moleculares	Alta
Castro et al. (2013)	Estudio observacional	Regular	No detallado	Técnicas de biología molecular	Moderada
Cobley et al. (2012)	Ensayo clínico	Bueno	Detallado	Técnicas moleculares	Alta
Denham et al. (2018)	Estudio observacional	Bueno	Detallado	Técnicas de ARN no codificantes	Alta
Gorzi et al. (2021)	Estudio observacional	Regular	Detallado	Técnicas moleculares	Moderada
Kumar Dev et al. (2021)	Estudio observacional	Regular	Detallado	Co-expresión de miRNAs	Moderada
Lionett et al. (2020)	Ensayo clínico	Bueno	Detallado	Técnicas moleculares	Alta
Miyamoto-Mikami et al. (2018)	Ensayo clínico	Bueno	Detallado	Técnicas moleculares	Alta
Robinson et al. (2017)	Ensayo clínico	Bueno	Detallado	Técnicas moleculares	Alta
Scott et al. (2019)	Estudio observacional	Bueno	Detallado	Técnicas moleculares	Alta
Tomescu et al. (2013)	Estudio observacional	Regular	No detallado	RNA-Seq	Moderada
Vardar et al. (2021)	Ensayo clínico	Bueno	Detallado	Técnicas moleculares	Alta

Nota: Esta tabla muestra la evaluación de la calidad de los estudios revisados para este artículo. Los datos fueron recopilados y analizados por el autor del presente trabajo.
Fuente: Elaboración propia.

El estudio de Andonian et al. *(2022)*, examinó el efecto del HIIT en pacientes con artritis reumatoide **(RA)**. Los participantes realizaron sesiones de caminata en cinta tres veces por semana durante diez semanas, con intervalos de alta intensidad definidos por el 85-95% del máximo consumo de oxígeno **(VO2max)**, alternando con períodos de baja intensidad. Las biopsias del músculo vasto lateral mostraron que el HIIT mejoró la actividad de la enfermedad en pacientes con RA, disminuyendo los marcadores de inflamación y mejorando la aptitud cardiorrespiratoria. Se encontraron cambios significativos en

MCT 18 (2) pág. 11-20
Movimiento Científico
ISSN-L: 2011-7197

la expresión de genes relacionados con las vías metabólicas alteradas en el músculo esquelético, como PGC-1α, que regula la biogénesis mitocondrial, y genes asociados con la inflamación sistémica, como IL-6 y TNF-α ***(Andonian et al., 2022)***.

También utilizó un protocolo de HIIT similar, con intervalos de 4 minutos al 85-95% del VO2max, seguidos de 3 minutos de recuperación al 50-60% del VO2max, tres veces por semana durante diez semanas. Se identificaron cambios en la expresión de genes relacionados con el metabolismo oxidativo del músculo esquelético y las células T, incluyendo SIRT1 y AMPK, que son importantes para la regulación energética y la función mitocondrial. El HIIT se asoció con mejoras en la aptitud cardiorrespiratoria y la función inmunológica en pacientes con RA, sugiriendo que el ejercicio puede ser una estrategia eficaz para gestionar la disfunción inmunológica y muscular en estas poblaciones ***(Andonian et al., 2022)***.

El estudio de Castro et al. ***(2013)***, en salmones atlánticos no especifica un protocolo de ejercicio humano, pero correlaciona la resistencia a enfermedades con el rendimiento de natación, implicando pruebas de esfuerzo sostenido. Se observaron cambios en la expresión de genes relacionados con la respuesta inmune y el metabolismo muscular, como MHC II y HSP70. Los salmones con mejor rendimiento de natación intrínseco mostraron una mayor resistencia a enfermedades, lo que sugiere que el rendimiento físico puede estar interconectado con la resistencia a enfermedades a nivel molecular ***(Castro et al., 2013)***.

Cobley et al. ***(2012)***, investigaron la respuesta transcripcional de PGC-1α y la adaptación mitocondrial al ejercicio agudo en hombres mayores sedentarios. Utilizaron un protocolo de ciclismo a una intensidad del 70% del VO2max durante 45 minutos. La transcripción de PGC-1α y otros genes implicados en la biogénesis mitocondrial, como NRF1 y TFAM, se mantuvo tras el ejercicio agudo. El ejercicio agudo indujo adaptaciones mitocondriales beneficiosas, sugiriendo que incluso una sola sesión de ejercicio puede tener efectos positivos en la función mitocondrial en poblaciones mayores sedentarias ***(Cobley et al., 2012)***.

En otro estudio, evaluaron cómo el entrenamiento de intervalos cortos de alta intensidad **(SIT)** altera los pequeños ARN no codificantes en hombres. El protocolo consistió en 4-6 sprints de 30 segundos al 100% del esfuerzo máximo, seguidos de 4 minutos de recuperación, tres veces por semana durante dos semanas. Se identificaron cambios en la expresión de miRNAs, incluyendo miR-21 y miR-146a, que están implicados en la regulación de procesos inflamatorios y adaptativos al ejercicio. El SIT alteró significativamente la expresión de miRNAs, sugiriendo que el ejercicio de alta intensidad puede modular la regulación postranscripcional y afectar procesos biológicos críticos ***(Denham et al., 2018)***.

En el estudio de Gorzi et al. ***(2021)***, los participantes realizaron un protocolo de entrenamiento de alta intensidad con ejercicios específicos para músculos de contracción rápida y lenta, ajustados al 80% de la repetición máxima **(1RM)** para ejercicios de resistencia y al 85% del VO2max para ejercicios aeróbicos. Se observaron cambios en la expresión de genes presinápticos de dinámica de calcio y exocitosis dependiente de calcio, como SYT1 y SYN1. El entrenamiento de alta intensidad fue clave para la regulación de proteínas presinápticas en músculos de contracción rápida y lenta, manteniendo el rendimiento después de períodos de desentrenamiento ***(Gorzi et al., 2021)***.

Kumar Dev et al. ***(2021)***, utilizaron un protocolo de intervalos cortos de alta intensidad **(HIIT)**, con 4 sprints de 30 segundos al 100% del esfuerzo máximo, seguidos de 4 minutos de recuperación, tres veces por semana durante dos semanas. La co-expresión de redes de miRNAs, como miR-21 y miR-146a, implicadas en el envejecimiento biológico y moduladas por el entrenamiento de intervalos, fue identificada. El HIIT alteró la expresión de miRNAs implicados en el envejecimiento biológico, sugiriendo que el ejercicio intenso puede influir en procesos de envejecimiento y adaptaciones moleculares ***(Kumar Dev et al., 2021)***.

Lionett et al. ***(2020)***, utilizaron un protocolo de HIIT con intervalos de 4 minutos al 90% del VO2max, seguidos de 3 minutos de recuperación al 50-60% del VO2max, tres veces por semana durante doce semanas. Se identificaron cambios en la expresión de miRNAs circulantes y en tejido adiposo, incluyendo miR-122 y miR-133a, que están relacionados con la regulación metabólica y la inflamación. El HIIT mejoró la expresión de miRNAs circulantes y en tejido adiposo en mujeres con síndrome de ovario poliquístico, sugiriendo una modulación beneficiosa del metabolismo y la inflamación ***(Lionett et al., 2020)***. Se observaron, también, cambios en la expresión de genes relacionados con la función muscular y la inflamación, como IL-6 y TNF-α, y genes implicados en la regulación de macrófagos, como CD68 y CD163. El HIIT mejoró la función física, previno la pérdida muscular y moduló la inflamación mediada por macrófagos en modelos de ratones isquémicos cerebrales ***(Lionett et al., 2020)***.

Miyamoto-Mikami et al. ***(2018)*** utilizaron un protocolo de HIIT con intervalos de 30 segundos de sprint al 100% del esfuerzo máximo, seguidos de 4 minutos de recuperación, tres veces por semana durante cuatro semanas. Se identificaron cambios en la expresión de genes relacionados con la adaptación muscular, como PGC-1α, VEGF y HIF-1α, que están implicados en la biogénesis mitocondrial, angiogénesis y respuesta a la hipoxia. El HIIT indujo adaptaciones moleculares significativas en el músculo esquelético, mejorando la capacidad oxidativa y la angiogénesis, lo cual es esencial para la mejora de la aptitud física ***(Miyamoto-Mikami et al., 2018)***.

Robinson et al. ***(2017)*** compararon diferentes modos de entrenamiento, incluyendo HIIT, entrenamiento de resistencia y entrenamiento combinado. Para HIIT, se realizaron intervalos al 80-90% del VO2max, mientras que el entrenamiento de resistencia se ejecutó al 70-80% de 1RM. Se observaron cambios en la expresión de genes implicados en la síntesis de proteínas y la adaptación metabólica, como mTOR, S6K1 y genes de la vía de la insulina. El estudio mostró que diferentes modos de ejercicio inducen adaptaciones moleculares distintas. El HIIT y el entrenamiento combinado mejoraron significativamente la traducción de proteínas y la adaptación metabólica en jóvenes y adultos mayores ***(Robinson et al., 2017)***.

Scott et al. ***(2019)***, utilizaron un protocolo de HIIT con intervalos de alta intensidad al 90% del VO2max, con períodos de recuperación al 50% del VO2max, tres veces por semana durante ocho semanas. Se observaron cambios en la expresión de genes relacionados con la angiogénesis y la biogénesis mitocondrial, como eNOS y VEGF, y en genes asociados con el estrés oxidativo, como NOX4. El HIIT mejoró la capilarización muscular y el ratio de proteínas eNOS/NOX4 en individuos obesos con alto riesgo cardiovascular, sugiriendo beneficios significativos en la función vascular y la salud metabólica ***(Scott et al., 2019)***.

Tomescu et al. ***(2013)*** se centraron en la estimación de la expresión de transcritos mediante RNA-Seq en respuesta a diferentes intensidades de ejercicio, sin especificar un protocolo de ejercicio humano particular. Se analizaron transcritos de genes implicados en diversas funciones celulares y adaptaciones al ejercicio,

proporcionando una visión general de los cambios en la expresión génica. La metodología permitió identificar cambios en la expresión de una amplia gama de genes en respuesta al ejercicio, destacando la utilidad de las técnicas de secuenciación para estudiar las adaptaciones moleculares ***(Tomescu et al., 2013)***.

Vardar et al. ***(2021)*** realizaron un estudio en el que los participantes realizaron un único episodio de ejercicio de alta intensidad, corriendo al 90% del VO2max durante 4 minutos, seguidos de 3 minutos de recuperación, repitiendo el ciclo varias veces. Se observaron cambios en la expresión de genes relacionados con la apoptosis, la inflamación y las proteínas de choque térmico, como HSP70, BAX y TNF-α. El ejercicio de alta intensidad indujo respuestas diferenciales en la expresión génica de hombres físicamente activos e inactivos, subrayando la importancia del estado físico en la respuesta molecular al ejercicio ***(Vardar et al., 2021)***.

Zhang et al. ***(2017)*** utilizaron un protocolo de HIIT que incluyó sesiones de baja intensidad con intervalos de alta intensidad breves, evaluando las respuestas en el transcriptoma del folículo piloso humano. Se observaron cambios en la expresión de genes implicados en la regulación del metabolismo energético y el estrés oxidativo, como PGC-1α y HSP70. El estudio demostró que el folículo piloso puede ser un indicador útil de las adaptaciones moleculares al HIIT, proporcionando una herramienta no invasiva para evaluar las respuestas al ejercicio ***(Zhang et al., 2017)***.

Los estudios analizados revelan que el HIIT induce cambios significativos en la expresión de genes relacionados con el metabolismo energético, la biogénesis mitocondrial, la angiogénesis, la inflamación y la regulación inmunológica. Estos efectos moleculares subyacen a las mejoras observadas en la aptitud física, la capacidad oxidativa y la salud metabólica.

Variabilidad en la Prescripción del Ejercicio: Los protocolos de HIIT varían en cuanto a la duración y la intensidad de los intervalos, así como en la frecuencia y la duración total del programa de entrenamiento. Por ejemplo, algunos estudios emplearon sprints al 100% del esfuerzo máximo con períodos de recuperación más largos ***(Denham et al., 2018; Kumar Dev et al., 2021)***, mientras que otros utilizaron intervalos al 85-95% del VO2max con períodos de recuperación más cortos ***(Andonian et al., 2021, 2022; Luo et al., 2021)***. Estas diferencias pueden influir en la magnitud y la naturaleza de las adaptaciones moleculares.

Genes Clave en la Adaptación al Ejercicio: Entre los genes más comúnmente afectados por el **HIIT** se encuentran:

- **PGC-1α:** Un regulador maestro de la biogénesis mitocondrial y la adaptación al ejercicio aeróbico, cuya expresión aumenta consistentemente con el entrenamiento de alta intensidad.
- **VEGF y eNOS:** Implicados en la angiogénesis y la mejora de la función vascular, mostrando una respuesta positiva al HIIT.
- **IL-6 y TNF-α:** Marcadores inflamatorios que, aunque inicialmente pueden aumentar tras el ejercicio, suelen disminuir con la adaptación y el entrenamiento regular, mejorando la inflamación sistémica.
- **miRNAs (miR-21, miR-146a):** Reguladores postranscripcionales que modulan diversos procesos biológicos, incluyendo la inflamación, la respuesta al estrés y el envejecimiento.

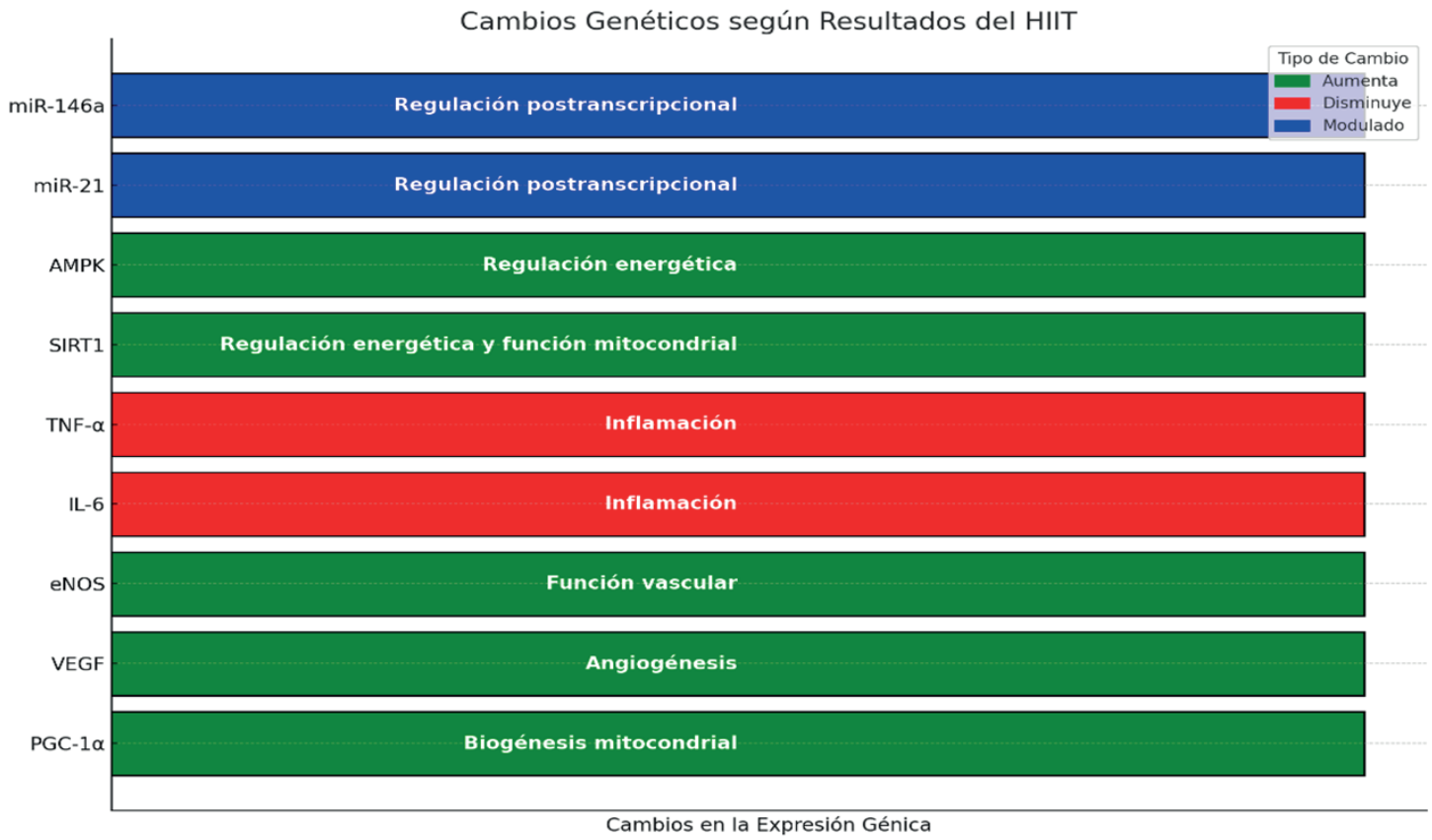

Ilustración 2 Cambios Genéticos según Resultados del HIIT

Nota: Los datos fueron recopilados y analizados por el autor del presente trabajo.
Fuente: Elaboración propia.

El HIIT se presenta como una estrategia efectiva para mejorar la aptitud física y modular la expresión génica relacionada con el fitness. Las adaptaciones moleculares observadas incluyen mejoras en la biogénesis mitocondrial, la angiogénesis, la regulación del metabolismo energético y la respuesta inmunológica. Estos cambios subyacen a los beneficios observados en la capacidad aeróbica, la composición corporal y la salud metabólica, destacando el potencial del **HIIT** para diversas poblaciones, incluyendo individuos con enfermedades crónicas y personas mayores sedentarias.

MCT 18 (2) pág. 11-20
Movimiento Científico
ISSN-L: 2011-7197

Discusión

La presente revisión narrativa sobre los efectos del entrenamiento en intervalos de alta intensidad **(HIIT)** en la expresión génica ha revelado múltiples adaptaciones moleculares clave en diferentes contextos de estudio. Al comparar estos hallazgos con estudios similares, podemos profundizar en la comprensión de cómo el HIIT influye en la biología molecular y los posibles beneficios para la salud.

Varios estudios han investigado los efectos del HIIT en la expresión génica, mostrando resultados consistentes con los encontrados en esta revisión. Por ejemplo, Rundqvist et al. ***(2013)*** examinaron la expresión génica en respuesta a ejercicios de sprint y encontraron una regulación diferencial de 879 genes en el músculo esquelético, lo que coincide con los hallazgos de aumento en la biogénesis mitocondrial y la angiogénesis observados por Miyamoto-Mikami et al. ***(2018)***. En ambos estudios, genes como PGC-1α, VEGF y HIF-1α desempeñan un papel crucial en las adaptaciones musculares, destacando la consistencia en los resultados sobre la mejora de la capacidad oxidativa y la angiogénesis ***(Miyamoto-Mikami et al., 2018; Rundqvist et al., 2013)***.

Alihemmati et al. ***(2019)*** evaluaron los efectos del HIIT en la expresión de genes apoptóticos en un modelo de cardiotoxicidad inducida por doxorrubicina en ratas. Los resultados mostraron una regulación tanto de genes pro-apoptóticos como anti-apoptóticos, lo que sugiere un equilibrio en las respuestas celulares al estrés inducido por el ejercicio. Esto es consistente con los hallazgos de Vardar et al. ***(2021)***, quienes también reportaron cambios en genes relacionados con la apoptosis y la inflamación en respuesta al HIIT, subrayando la capacidad del ejercicio intenso para inducir respuestas moleculares complejas ***(Alihemmati et al., 2019; Vardar et al., 2021)***.

Por otro lado, un estudio de Tsuchiya et al. ***(2023)*** investigó los efectos del HIIT en la expresión génica relacionada con los tendones, encontrando que este tipo de ejercicio puede influir en la expresión de genes implicados en la homeostasis y reparación tendinosa. Aunque este estudio se centra en tejidos diferentes, los resultados son relevantes para comprender cómo el HIIT puede afectar diversas estructuras corporales y no solo el músculo esquelético, ampliando la perspectiva sobre los beneficios integrales del HIIT ***(Tsuchiya et al., 2023)***.

De acuerdo con los resultados del estudio de Niño Méndez et al. ***(2021)***, el entrenamiento por intervalos de alta intensidad **(HIIT)** y la altitud simulada producen cambios significativos en la composición corporal, en la aptitud cardiorrespiratoria y en las variables hematológicas (hemoglobina aumentada y eritropoyetina aumentada), los cuales favorecen el aumento del consumo máximo de oxígeno (VO2máx) y la tolerancia al ejercicio en sujetos sedentarios y físicamente activos. De otro lado, Moris et al. ***(2020)*** corroboran el HIIT como un método eficaz en la disminución de la grasa corporal y el incremento en la utilización de ácidos grasos, así como de los indicadores cardiovasculares en las personas con sobrepeso u obesidad, observando resultados consistentes a través de 12 semanas de intervención, y poniendo de manifiesto que el HIIT también actúa como un modelo eficaz para el incremento de indicadores de salud y rendimiento, así como también para la generación de profundas adaptaciones fisiológicas en el organismo, incluyendo modificaciones en el metabolismo energético y en la eficiencia cardiorrespiratoria.

Los estudios comparados muestran una coherencia notable en la capacidad del HIIT para inducir cambios significativos en la expresión génica relacionada con la biogénesis mitocondrial, la angiogénesis, la inflamación y la apoptosis. Estas adaptaciones moleculares subyacen a las mejoras observadas en la aptitud física, la capacidad oxidativa y la salud metabólica, apoyando la evidencia de que el HIIT es una estrategia efectiva para mejorar múltiples aspectos de la salud.

Los estudios revisados presentan una buena calidad metodológica y relevancia, sin embargo, hay ciertas limitaciones que deben ser consideradas. Por ejemplo, muchos estudios cuentan con un tamaño de muestra pequeño, lo cual puede afectar la generalización de los resultados. Además, la variabilidad en los protocolos de HIIT dificulta la comparación directa entre estudios. La mayoría de los estudios carece de un grupo control adecuado, lo que puede introducir sesgos en la interpretación de los resultados. Además, la falta de estandarización en la metodología utilizada para evaluar la expresión génica puede llevar a diferencias en los resultados obtenidos, dificultando la comparación entre estudios. La heterogeneidad de las poblaciones estudiadas también puede influir en la variabilidad de los resultados, limitando la capacidad de hacer generalizaciones amplias.

La variabilidad en los protocolos de HIIT entre los estudios revisados es considerable. Por ejemplo, algunos estudios emplearon sprints al 100% del esfuerzo máximo con períodos de recuperación más largos ***(Denham et al. 2018; Kumar Dev et al. 2021)***, mientras que otros utilizaron intervalos al 85-95% del VO2max con períodos de recuperación más cortos ***(Andonian et al. 2021, 2022; Luo et al. 2021)***. Estas diferencias en los protocolos pueden influir en la magnitud y la naturaleza de las adaptaciones moleculares observadas. Por ejemplo, los protocolos con sprints más intensos y recuperaciones más largas pueden inducir diferentes respuestas fisiológicas y moleculares comparados con protocolos de menor intensidad, pero con intervalos más frecuentes. Esto subraya la necesidad de estandarizar los protocolos de HIIT en futuros estudios para facilitar comparaciones más directas y coherentes.

Existen varias limitaciones en esta revisión narrativa que deben tenerse en cuenta. En primer lugar, la exclusividad del uso de PubMed como única fuente de datos podría haber limitado la amplitud de estudios considerados. Además, la variabilidad en los protocolos de HIIT entre los estudios revisados hace difícil la comparación directa de los resultados. La mayoría de los estudios incluidos son de tamaño de muestra pequeño, lo que puede afectar la generalización de los hallazgos. Finalmente, la evaluación narrativa de la calidad de los estudios, en lugar de un enfoque cuantitativo más riguroso, podría haber introducido sesgos en la interpretación de los resultados. También, la falta de un análisis estadístico meta-analítico limita la capacidad de hacer conclusiones más precisas sobre la magnitud de los efectos del HIIT en la expresión génica.

Los hallazgos de esta revisión narrativa tienen importantes implicaciones prácticas para entrenadores, profesionales de la salud y personas interesadas en mejorar su aptitud física a través del HIIT. La identificación de genes clave como PGC-1α, VEGF y eNOS sugiere que el HIIT puede ser una estrategia eficaz para mejorar la biogénesis mitocondrial y la angiogénesis, lo que a su vez puede mejorar la capacidad aeróbica y la salud vascular. La modulación de marcadores inflamatorios como IL-6 y TNF-α también indica que el HIIT puede ser beneficioso para la gestión de la inflamación sistémica, particularmente en poblaciones con enfermedades crónicas. Estos hallazgos destacan el potencial del HIIT no solo para

mejorar el rendimiento físico, sino también para promover la salud metabólica y cardiovascular, ofreciendo una herramienta eficaz para la intervención en diferentes contextos clínicos y poblacionales.

Para futuras investigaciones, sería valioso realizar estudios con tamaños de muestra más grandes y diseños experimentales más rigurosos para validar los hallazgos actuales. Además, investigaciones adicionales sobre los efectos del HIIT en diferentes grupos poblacionales, como mujeres, personas mayores y aquellos con condiciones crónicas específicas, pueden proporcionar una comprensión más amplia de las adaptaciones moleculares inducidas por el HIIT. También sería interesante explorar el impacto del HIIT en otros tejidos además del músculo esquelético, como el tejido adiposo y el sistema nervioso, para entender mejor los efectos sistémicos del HIIT. Finalmente, estudios longitudinales que examinen los efectos a largo plazo del HIIT en la expresión génica y los resultados de salud serían valiosos para determinar la sostenibilidad y permanencia de las adaptaciones moleculares inducidas por este tipo de entrenamiento.

Conclusiones

Esta revisión narrativa sobre los efectos del entrenamiento en intervalos de alta intensidad **(HIIT)** en la expresión génica relacionada con el fitness ha demostrado que el HIIT es una intervención eficaz para mejorar la aptitud física y modular vías metabólicas y moleculares clave. Los estudios analizados revelan que el HIIT induce cambios significativos en la expresión de genes involucrados en la biogénesis mitocondrial, la angiogénesis, el metabolismo energético, la inflamación y la respuesta inmune. Específicamente, se ha observado un aumento en la expresión de genes como PGC-1α, que es crucial para la biogénesis mitocondrial, así como de VEGF y eNOS, que están relacionados con la angiogénesis y la mejora de la función vascular. Además, el HIIT modula la expresión de marcadores inflamatorios como IL-6 y TNF-α, lo que puede contribuir a una mejor regulación de la inflamación sistémica.

Estos cambios moleculares subyacen a las mejoras observadas en la capacidad aeróbica, la composición corporal y la salud metabólica, sugiriendo que el HIIT puede ser una herramienta poderosa para la prevención y el manejo de diversas condiciones de salud, incluyendo enfermedades crónicas y el envejecimiento. La personalización de los protocolos de HIIT según las necesidades individuales y las características específicas de cada población puede maximizar estos beneficios, destacando la importancia de un enfoque adaptativo en la implementación de programas de ejercicio. Futuros estudios deberían centrarse en explorar estas adaptaciones a largo plazo y en diferentes poblaciones para ampliar nuestra comprensión de los efectos del HIIT y optimizar sus aplicaciones en la práctica clínica y de acondicionamiento físico.

Los resultados indican que diferentes protocolos de HIIT pueden influir en la magnitud y naturaleza de las adaptaciones moleculares, destacando la importancia de personalizar el entrenamiento según las necesidades y condiciones específicas de cada individuo. Entre los genes más comúnmente afectados por el HIIT se encuentran PGC-1α, VEGF, eNOS, IL-6 y diversos miRNAs que desempeñan roles cruciales en la adaptación al ejercicio y la regulación de procesos biológicos esenciales.

El potencial del HIIT como estrategia efectiva para mejorar la salud es particularmente relevante para diversas poblaciones, incluyendo individuos con enfermedades crónicas y adultos mayores sedentarios. Las adaptaciones moleculares inducidas por el HIIT pueden ofrecer nuevas perspectivas para el manejo de condiciones de salud relacionadas con el metabolismo y la inflamación y contribuir a mejorar la calidad de

Referencias

Alihemmati, A., Ebadi, F., Moghadaszadeh, M., Asadi, M., Zare, P., & Badalzadeh, R. (2019). Effects of high-intensity interval training on the expression of microRNA-499 and pro – and anti-apoptotic genes in doxorubicin-cardiotoxicity in rats. Journal of Electrocardiology, 55, 9–15. https://doi.org/10.1016/J.JELECTROCARD.2019.02.009

Andonian, B. J., Johannemann, A., Hubal, M. J., Pober, D. M., Koss, A., Kraus, W. E., Bartlett, D. B., & Huffman, K. M. (2021). Altered skeletal muscle metabolic pathways, age, systemic inflammation, and low cardiorespiratory fitness associate with improvements in disease activity following high-intensity interval training in persons with rheumatoid arthritis. Arthritis Research & Therapy, 23(1). https://doi.org/10.1186/S13075-021-02570-3

Andonian, B. J., Koss, A., Koves, T. R., Hauser, E. R., Hubal, M. J., Pober, D. M., Lord, J. M., MacIver, N. J., St Clair, E. W., Muoio, D. M., Kraus, W. E., Bartlett, D. B., & Huffman, K. M. (2022). Rheumatoid arthritis T cell and muscle oxidative metabolism associate with exercise-induced changes in cardiorespiratory fitness. Scientific Reports, 12(1). https://doi.org/10.1038/S41598-022-11458-4

Bishop, D. J., Botella, J., Genders, A. J., Lee, M. J.-C., Saner, N. J., Kuang, J., Yan, X., & Granata, C. (2019). High-Intensity Exercise and Mitochondrial Biogenesis: Current Controversies and Future Research Directions. Physiology, 34(1), 56–70. https://doi.org/10.1152/physiol.00038.2018

Castro, V., Grisdale-Helland, B., Jørgensen, S. M., Helgerud, J., Claireaux, G., Farrell, A. P., Krasnov, A., Helland, S. J., & Takle, H. (2013). Disease resistance is related to inherent swimming performance in Atlantic salmon. BMC Physiology, 13(1). https://doi.org/10.1186/1472-6793-13-1

Cobley, J. N., Bartlett, J. D., Kayani, A., Murray, S. W., Louhelainen, J., Donovan, T., Waldron, S., Gregson, W., Burniston, J. G., Morton, J. P., & Close, G. L. (2012). PGC-1α transcriptional response and mitochondrial adaptation to acute exercise is maintained in skeletal muscle of sedentary elderly males. Biogerontology, 13(6), 621–631. https://doi.org/10.1007/s10522-012-9408-1

Denham, J., Gray, A. J., Scott-Hamilton, J., Hagstrom, A. D., & Murphy, A. J. (2018). Small non-coding RNAs are altered by short-term sprint interval training in men. Physiological Reports, 6(7). https://doi.org/10.14814/phy2.13653

Gorzi, A., Jafari, F., Allahmoradi, N., Rahmani, A., & Krause Neto, W. (2021). Training Intensity, Not Duration, May Be Key to Upregulating Presynaptic Proteins of Calcium Dynamics and Calcium-Dependent Exocytosis in Fast – and Slow-Twitch Skeletal Muscles, in Addition to Maintaining Performance After Detraining. Molecular Neurobiology, 58(12), 6670–6683. https://doi.org/10.1007/s12035-021-02576-7

Kumar Dev, P., Gray, A. J., Scott-Hamilton, J., Hagstrom, A. D., Murphy, A., & Denham, J. (2021). Co-expression analysis identifies networks of miRNAs implicated in biological ageing and modulated by short-term interval training. Mechanisms of Ageing and Development, 199. https://doi.org/10.1016/j.mad.2021.111552

Lionett, S., Kiel, I. A., Camera, D. M., Vanky, E., Parr, E. B., Lydersen, S., Hawley, J. A., & Moholdt, T. (2020). Circulating and Adipose Tissue miRNAs in Women With Polycystic Ovary Syndrome and Responses to High-Intensity Interval Training. Frontiers in Physiology, 11, 904. https://doi.org/10.3389/fphys.2020.00904

MCT 18 (2) pág. 11 -20
Movimiento Científico
ISSN-L: 2011-7197

Luo, L., Liu, M., Xie, H., Fan, Y., Zhang, J., Liu, L., Li, Y., Zhang, Q., Wu, J., Jiang, C., & Wu, Y. (2021). High-Intensity Interval Training Improves Physical Function, Prevents Muscle Loss, and Modulates Macrophage-Mediated Inflammation in Skeletal Muscle of Cerebral Ischemic Mice. Mediators of Inflammation, 2021. https://doi.org/10.1155/2021/1849428

Miyamoto-Mikami, E., Tsuji, K., Horii, N., Hasegawa, N., Fujie, S., Homma, T., Uchida, M., Hamaoka, T., Kanehisa, H., Tabata, I., & Iemitsu, M. (2018). Gene expression profile of muscle adaptation to high-intensity intermittent exercise training in young men. Scientific Reports, 8(1). https://doi.org/10.1038/s41598-018-35115-x

Moris, R., Delgado-Floody, P., & Martínez-Salazar, C. (2020). El entrenamiento intervalado de alta intensidad incrementa la utilización de ácidos grasos en sujetos con sobrepeso u obesidad. Nutrición Hospitalaria, 37(3), 483-489. https://doi.org/10.20960/nh.02940

Niño Méndez, Ó. A., Reina-Monroy, J. L., Ayala Pedraza, G., Portilla-Melo, J. G., Aguilar-Romero, I. D., Núñez-Espinosa, C. A., & Rodríguez-Mora, J. L. (2021). Efectos del entrenamiento de intervalos de alta intensidad en altitud simulada. Revista de Investigación e Innovación en Ciencias de la Salud, 3(1), 98-115. https://doi.org/10.46634/riics.50

Plaza-Diaz, J., Izquierdo, D., Torres-Martos, Á., Baig, A. T., Aguilera, C. M., & Ruiz-Ojeda, F. J. (2022). Impact of Physical Activity and Exercise on the Epigenome in Skeletal Muscle and Effects on Systemic Metabolism. Biomedicines, 10(1). https://doi.org/10.3390/biomedicines10010126

Robinson, M. M., Dasari, S., Konopka, A. R., Johnson, M. L., Manjunatha, S., Esponda, R. R., Carter, R. E., Lanza, I. R., & Nair, K. S. (2017). Enhanced Protein Translation Underlies Improved Metabolic and Physical Adaptations to Different Exercise Training Modes in Young and Old Humans. Cell Metabolism, 25(3), 581–592. https://doi.org/10.1016/j.cmet.2017.02.009

Rundqvist, H., Augsten, M., Strömberg, A., Rullman, E., Mijwel, S., Kharaziha, P., Panaretakis, T., Gustafsson, T., & Östman, A. (2013). Effect of Acute Exercise on Prostate Cancer Cell Growth. PLoS ONE, 8(7), e67579. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0067579

Scott, S. N., Shepherd, S. O., Hopkins, N., Dawson, E. A., Strauss, J. A., Wright, D. J., Cooper, R. G., Kumar, P., Wagenmakers, A. J. M., & Cocks, M. (2019). Home-hit improves muscle capillarisation and eNOS/NAD(P)Hoxidase protein ratio in obese individuals with elevated cardiovascular disease risk. The Journal of Physiology, 597(16), 4203–4225. https://doi.org/10.1113/JP278062

Tomescu, A. I., Kuosmanen, A., Rizzi, R., & Mäkinen, V. (2013). A novel min-cost flow method for estimating transcript expression with RNA-Seq. BMC Bioinformatics, 14(SUPPL.5). https://doi.org/10.1186/1471-2105-14-S5-S15

Torma, F., Gombos, Z., Jokai, M., Takeda, M., Mimura, T., & Radak, Z. (2019). High intensity interval training and molecular adaptive response of skeletal muscle. Sports Medicine and Health Science, 1(1), 24–32. https://doi.org/10.1016/j.smhs.2019.08.003

Tsuchiya, Y., Takakura, H., Osawa, S., & Izawa, T. (2023). Impact of high-intensity interval training on tendon related gene expression in rat Achilles tendon. Biochemical and Biophysical Research Communications, 658, 116–121. https://doi.org/10.1016/J.BBRC.2023.03.076

Vardar, S. A., Doganlar, Z. B., Kaya, O., Tayfur, P., Sut, N., & Doganlar, O. (2021). Different responses of apoptotic, inflammatory and heat shock protein gene expression to a single bout of high-intensity interval exercise between physically active and inactive men. Applied Physiology, Nutrition and Metabolism, 46(7), 743–752. https://doi.org/10.1139/apnm-2020-0783

Zhang, J., Wallace, S. J., Shiu, M. Y., Smith, I., Rhind, S. G., & Langlois, V. S. (2017). Human hair follicle transcriptome profiling: A minimally invasive tool to assess molecular adaptations upon low-volume, high-intensity interval training. Physiological Reports, 5(23). https://doi.org/10.14814/phy2.13534