

Influência do padrão alimentar ocidental e da obesidade na modulação da microbiota intestinal: uma revisão integrativa

Influence of western dietary pattern and obesity on the modulation of gut microbiota: an integrative review

Ana Letícia Peixoto BARROSO¹  Maria Rosimar Teixeira MATOS¹ 

¹Universidade Estadual do Ceará (UECE), Fortaleza-CE, Brasil

*Autor Correspondente:leticia.barroso@aluno.uece.br

RESUMO

O ambiente obesogênico, marcado pelo padrão alimentar ocidental e, consequentemente, pelo excedente calórico provenientes de alimentos com baixa qualidade nutricional, está associado ao acúmulo de gordura e ao desenvolvimento da obesidade, repercutindo na oferta de nutrientes essenciais para a microbiota intestinal, resultando em alterações na composição microbiana e na exacerbção do processo inflamatório. O presente estudo teve como objetivo revisar a influência da dieta ocidental e da obesidade na modulação da microbiota intestinal em humanos. Foi realizada uma revisão integrativa da literatura, contemplando artigos publicados entre 2019 e 2023 nas bases National Center for Biotechnology Information (PubMed), Literatura Latino-Americana e do Caribe em Ciências da Saúde (LILACS) e Scientific Electronic Library Online (SciELO). O recorte temporal buscou reunir evidências atualizadas e alinhadas aos avanços recentes da área. A busca utilizou descritores indexados no Descritores em Ciências da Saúde (DeCS) e no Medical Subject Headings (MeSH), abrangendo termos relacionados à exposição (dieta ocidental; padrão alimentar ocidental; obesidade; obesidade visceral; excesso de peso; adiposidade; gordura saturada) e ao desfecho (microbiota intestinal; disbiose; microbiota humana; microbioma; modulação intestinal; barreira intestinal). Foram incluídos nove estudos em humanos, publicados integralmente em português, inglês ou espanhol. Os principais resultados mostraram um aumento nos gêneros *Escherichia coli*, *Bilophila*, *Blautia* (após dieta ocidental) e de *Blautia* e *Dorea* (nos indivíduos obesos). Concluiu-se que a dieta ocidental pode promover o aumento nas concentrações de bactérias e de metabólitos prejudiciais à integridade intestinal e que os indivíduos obesos tendem a apresentar uma menor diversidade microbiana. Diante disso, estratégias capazes de modular positivamente a microbiota intestinal podem atuar como coadjuvantes relevantes no tratamento dessa doença.

Palavras-chave: dieta ocidental; obesidade; microbiota intestinal.

ABSTRACT

The obesogenic environment, characterized by the Western dietary pattern and, consequently, by caloric excess from foods with low nutritional quality, is associated with fat accumulation and the development of obesity. These changes affect the availability of essential nutrients for the gut microbiota, resulting in alterations in microbial composition and exacerbation of the inflammatory process. This study aimed to review the influence of the Western diet and obesity on the modulation of the gut microbiota in humans. An integrative literature review was conducted, including articles published between 2019 and 2023 in the National Center for Biotechnology Information (PubMed), Latin American and Caribbean Health Sciences Literature (LILACS), and Scientific Electronic Library Online (SciELO) databases. The time frame was chosen to gather updated evidence in line with recent advances in the field. The search strategy used indexed descriptors from the Health Sciences Descriptors (DeCS) and Medical Subject Headings (MeSH), covering terms related to exposure (Western diet; Western dietary pattern; obesity; visceral obesity; overweight; adiposity; saturated fat) and outcome (gut microbiota; dysbiosis; human microbiota; microbiome; intestinal modulation; intestinal barrier). Nine studies in humans, fully published in Portuguese, English, or Spanish, were included. The main findings showed an increase in the genera *Escherichia coli*, *Bilophila*, and *Blautia* (after Western diet intake), as well as *Blautia* and *Dorea* in obese individuals. It was concluded that the Western diet may promote an increase in bacteria and metabolites harmful to intestinal integrity and that obese individuals tend to present lower microbial diversity. Therefore, nutritional strategies capable of positively modulating the gut microbiota may act as relevant adjuvants in the treatment of obesity.

Keywords: western diet; obesity; gut microbiota

Citar este artigo como:

BARROSO, A. L. P.; MATOS, M. R. T. Influência do padrão alimentar ocidental e da obesidade na modulação da microbiota intestinal: uma revisão integrativa. Nutrivisa Revista de Nutrição e Vigilância em Saúde, Fortaleza, v. 12, n. 1, p. e15826, 2025. DOI: 10.52521/nutrivisa.v12i1.15826. Disponível em: <https://revistas.uece.br/index.php/nutrivisa/article/view/15826>.

INTRODUÇÃO

Segundo a Organização Mundial da Saúde (OMS, 2024), a obesidade é definida como o acúmulo excessivo ou anormal de gordura, sendo o diagnóstico determinado por meio do cálculo do Índice de Massa Corporal (IMC), considerando-se obesidade em adultos os valores iguais ou superiores a 30 kg/m^2 . Essa doença crônica e multifatorial, vem se tornando uma epidemia global, resultando em consequências sérias tanto para a saúde quanto para a economia (Busebee et al., 2023). Segundo dados da OMS (2024), uma em cada oito pessoas no mundo eram classificadas como obesas em 2022 e no Brasil, de acordo com a Pesquisa Nacional de Saúde (PNS), realizada em 2019, a prevalência de obesidade na população adulta de 20 anos ou mais de idade era de 22,8% para homens e 30,2% para mulheres. Esses valores se tornam mais significativos quando comparados com dados da PNS de 2013, na qual 17,9% dos homens e 25,7% das mulheres eram obesos.

Diversos contextos ambientais podem ser considerados fatores de risco para o desenvolvimento da obesidade. O termo “ambiente obesogênico” é caracterizado por um ambiente que propicia o ganho de peso e dificulta a perda de peso, sendo esse um dos fatores para a crescente epidemia de obesidade. A falta de tempo de lazer, um estilo de vida sedentário e o aumento do estresse são considerados tendências obesogênicas. Além disso, um padrão alimentar ocidental, reconhecido pelo alto consumo de gorduras, açúcares refinados, alimentos processados e hiperpalatáveis com uma baixa ingestão de fibras dietéticas e grãos integrais também contribui para o aumento na prevalência da obesidade (Gill et al., 2022; Welsh et al., 2024).

Esse padrão alimentar favorece um balanço energético positivo, em que a ingestão calórica excede o gasto energético, levando à expansão da massa adiposa. A hipertrofia do tecido adiposo promove a liberação de citocinas pró-inflamatórias, desencadeando um estado de inflamação crônica de baixo grau que, ao longo do tempo,

contribui para a resistência à insulina. Esse processo intensifica a lipólise, aumenta a concentração de ácidos graxos circulantes e favorece sua deposição ectópica em diferentes tecidos, o que está associado ao desenvolvimento da obesidade e de outros distúrbios metabólicos (Gill et al., 2022; Kang et al., 2022; Morigny et al., 2016).

Além de influenciar o desenvolvimento da obesidade, os padrões e hábitos alimentares desempenham um importante papel na composição e na diversidade da microbiota intestinal (MI), que é caracterizada por trilhões de micro-organismos que colonizam o trato gastrointestinal, proporcionando uma relação entre hospedeiro e microbiota de forma mutualista, resultando em uma interação conjunta com os processos metabólicos humanos e um microbioma bastante diversificado (Lou et al., 2024; Hardin; Keyes, 2022).

As bactérias intestinais são muito importantes para a manutenção da saúde humana, participando de diversas funções, como: proteção contra patógenos, regulação da resposta imunológica, fermentação de alimentos e produção de vitaminas. Os principais filos bacterianos da MI, incluem: Firmicutes, Bacteroidetes, Actinobacteria, Proteobacteria, Verrucomicrobia e Fusobacteria (Hou et al., 2022; Zhang et al., 2015).

Uma MI saudável apresenta alta diversidade taxonômica, estabilidade microbiana e é composta por microrganismos portadores de inúmeros genes, o que possibilita ampla capacidade metabólica. Essa configuração favorece uma interação simbiótica com o hospedeiro, mediada principalmente pelos ácidos graxos de cadeia curta (AGCC), metabólitos microbianos essenciais à manutenção da saúde (Hou et al., 2022; Fusco et al., 2023).

Os AGCC são produtos oriundos da degradação de nutrientes pela MI, principalmente pela fermentação de carboidratos não digeríveis, como as fibras. Esses compostos se ligam a receptores, ativando cascatas de sinalização que regulam múltiplas vias metabólicas, promovendo a manutenção da estabilidade funcional do metabolismo e do equilíbrio fisiológico do

organismo (Portincasa *et al.*, 2022). A produção de AGCC reflete um ambiente intestinal saudável, uma vez que as bactérias produtoras desses compostos, são comensais e benéficas, apresentando efeitos importantes sobre a barreira intestinal e na saúde do hospedeiro (Fusco *et al.*, 2023).

Os principais AGCC incluem o acetato, o propionato e o butirato, sendo o acetato responsável por aproximadamente 60% do total produzido. Esses pós bióticos são absorvidos pelos colonócitos por difusão passiva ou por transporte ativo, por intermédio do transportador de monocarboxilato dependente de H⁺ (MCT). Esses AGCC podem atingir a circulação sistêmica, resultando em efeitos anti-inflamatórios e imunomoduladores, que contribuirão com diversos processos metabólicos e fisiológicos, incluindo melhora da sensibilidade à insulina, oxidação de lipídios e a manutenção da integridade da barreira intestinal, (Fusco *et al.*, 2023; Portincasa *et al.*, 2022). Além disso, os AGCC exercem um papel fundamental na regulação do apetite, estimulando a secreção de hormônios da saciedade, incluindo o peptídeo 1 semelhante ao glucagon (GLP1) e o peptídeo YY (PYY), e no controle do metabolismo da glicose e dos lipídeos, evitando o desenvolvimento de doenças metabólicas, como a obesidade (Fusco *et al.*, 2023).

A MI, além de influenciar a absorção intestinal de nutrientes, também contribui com metabólitos e energia para o organismo, apresentando uma grande influência para a captação de energia do hospedeiro (Amabebe *et al.*, 2020; Xiao; Kang, 2020). Assim, as alterações na relação entre os subtipos de bactérias intestinais é um fator associado a uma predisposição para o aumento da gordura corporal, sendo a proporção de Firmicutes/Bacteroidetes mais elevada na MI de indivíduos obesos em comparação aos indivíduos saudáveis (Amabebe *et al.*, 2020). Isso ocorre, pois a proporção bacteriana pode impactar na permeabilidade intestinal, contribuindo para a inflamação crônica de baixo grau, característica da obesidade e de outras doenças associadas (Sarmiento-Andrade *et al.*, 2022).

A MI pode sofrer alterações devido à idade e fatores ambientais, incluindo estilo de vida e uso de medicamentos. Essa alteração bacteriana, conhecida como disbiose, é marcada pelo aumento do número de bactérias, pelo desequilíbrio de bactérias benéficas e patogênicas, além de uma translocação microbiana e de metabólitos microbianos para a corrente sanguínea. (Hou *et al.*, 2022; Singh *et al.*, 2021).

As dietas ocidentais são um dos fatores que afetam de forma negativa a MI. Esse padrão alimentar resulta em uma menor diversidade microbiana e uma menor produção de AGCC. Por isso, essa dieta afeta não apenas a composição, mas também a funcionalidade da microbiota intestinal, prejudicando a produção de muco e promovendo o aumento de bactérias associadas à disfunção da barreira intestinal. Essa barreira desempenha um papel crucial na absorção de nutrientes e na proteção contra substâncias nocivas, sendo essencial para a manutenção da saúde intestinal e sistêmica (Severino *et al.*, 2024; Suriano *et al.*, 2022; Yan *et al.*, 2022).

O rompimento da integridade da barreira intestinal promove a inflamação crônica de baixo grau, característica da obesidade, devido ao aumento da permeabilidade intestinal aos lipopolissacarídeos - LPS (Suriano *et al.*, 2022). Esses compostos são metabólitos bacterianos tóxicos que induzem efeitos pró-inflamatórios, tanto a nível local quanto sistêmico, sendo a resposta mediada principalmente pelos receptores Toll-like 4 (TLR4) (Severino *et al.*, 2024).

Essa inflamação sistêmica de baixo grau está relacionada a uma neuroinflamação que atinge o hipotálamo e outras regiões responsáveis pela regulação da saciedade, assim, alterações nos fatores imunológicos e inflamatórios oriundos na MI podem representar ligações essenciais entre a MI, a ingestão de energia e a regulação da saciedade, principalmente relacionada à fisiopatologia da obesidade (Bastings *et al.*, 2023).

Dessa forma, observa-se um ciclo vicioso, no qual a obesidade, resultante do excesso alimentar com caráter ocidental, pode propiciar um aumento da permeabilidade intestinal, assim,

bactérias patogênicas, o LPS e outros metabólitos prejudiciais podem alcançar a circulação sanguínea, resultando em uma inflamação sistêmica que atinge o hipotálamo e compromete o controle da fome/saciedade. Essa desregulação aumenta a ingestão alimentar do indivíduo, principalmente, por meio de alimentos hiperpalatáveis e ricos em calorias, influenciando ainda mais no desenvolvimento da obesidade (Bastings et al., 2023; Severino et al., 2024; Suriano et al., 2022). Assim, o objetivo do presente estudo revisar a influência do padrão alimentar ocidental e da obesidade na modulação da MI.

MATERIAL E MÉTODOS

A pesquisa teve uma abordagem metodológica baseada em uma revisão de literatura retrospectiva e integrativa, realizada por meio de passos operacionais de formulação da pergunta norteadora, pesquisa, coleta, análise e interpretação dos dados e a exposição de seus resultados (Sousa; Silva; Carvalho, 2010). Para definir a estrutura metodológica foi utilizada a abordagem PICO (População, Intervenção, Comparação, Outcomes) que permitiu uma melhor organização dos critérios de inclusão e exclusão.

Foi realizada uma compilação de estudos que abordassem a influência do padrão alimentar ocidental e da obesidade na modulação da MI, identificando, de maneira abrangente, os principais achados para, em seguida, selecionar as partes mais relevantes e aprofundar o conhecimento sobre o tema.

Para iniciar a seleção dos artigos, foram determinadas as plataformas de busca para a revisão, bem como os critérios de inclusão e exclusão dos artigos. Assim, foram definidos como critérios de inclusão os artigos científicos originais, consistindo de ensaios clínicos randomizados, estudos transversais e de caso-controle, envolvendo mulheres e homens na faixa etária de 18 a 65 anos, publicados na íntegra nos idiomas português, inglês ou espanhol no período de 2019 a 2023, disponibilizados de forma gratuita,

indexados nas bases de dados National Center for Biotechnology Information (Pubmed), Literatura Latino-Americana e do Caribe em Ciências da Saúde (LILACS) e Scientific Electronic Library (Scielo). O recorte temporal de 2019 a 2023 foi estabelecido para contemplar estudos recentes, garantindo a inclusão de artigos completos e revisados, com metodologias consolidadas, disponíveis nas bases de dados selecionadas até o momento da coleta dos dados.

Os critérios de exclusão foram: estudos que não atendessem aos objetivos da pesquisa, capítulos de livros, monografia, dissertações, teses, artigos no prelo, artigos de revisão e ensaios experimentais em animais.

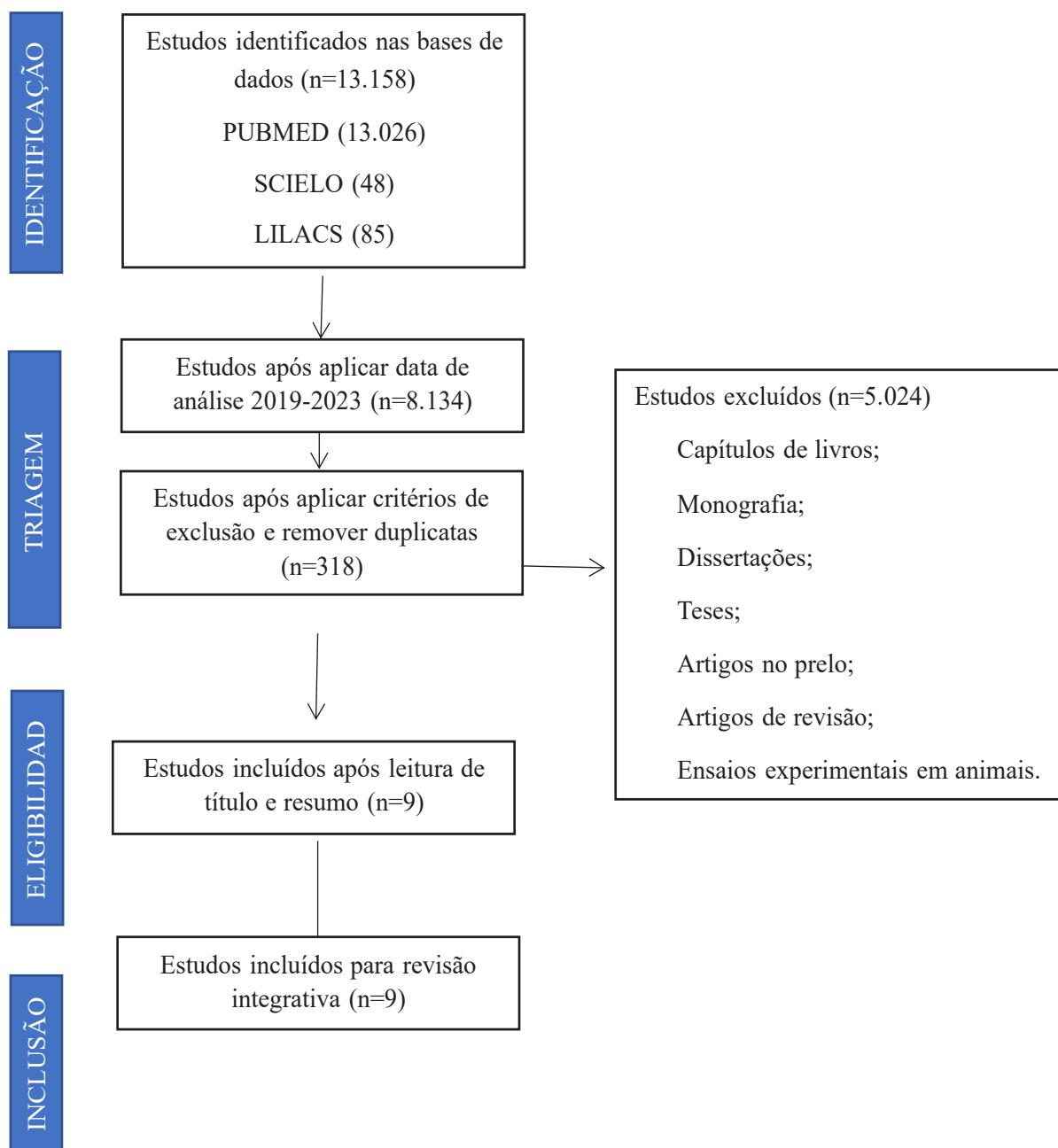
Para realizar a coleta dos dados foram utilizados os descritores no DeCS (Descritores em Ciências da Saúde) e MeSH (Medical Subject Headings), buscando os termos que identificassem a exposição (dieta ocidental; padrão alimentar ocidental; obesidade; obesidade visceral; excesso de peso; adiposidade; gordura saturada) e o desfecho (microbiota intestinal; disbiose; microbiota humana; microbioma; modulação intestinal; barreira intestinal) e seus análogos em inglês e espanhol.

No melhor aprofundamento na busca, o operador booleano “OR” foi usado para combinar os termos similares da exposição e do desfecho, já o operador “AND” foi utilizado para combinar os termos da exposição com os do desfecho, resultando em 13.158 artigos.

Com base nos critérios de inclusão e exclusão, o autor realizou a seleção inicial de 318 artigos. Em seguida, por meio da leitura crítica de títulos e resumos, procedeu-se a um refinamento mais detalhado, resultando na amostra final de nove artigos, os quais foram incluídos nesta revisão integrativa (Figura 1).

Os artigos incluídos foram agrupados e posteriormente analisados nos seguintes tópicos: (1) caracterização geral dos estudos; (2) influência de intervenções dietéticas na microbiota intestinal; (3) influência da obesidade na modulação da microbiota intestinal e (4) influência do padrão alimentar ocidental associado a obesidade na

Figura 1 - Fluxograma das etapas de identificação, triagem, elegibilidade e seleção dos artigos científicos



Fonte: Elaborada pela autora.

modulação da microbiota intestinal. No sentido de trazer objetividade a esta revisão, foram registrados apenas os resultados de cada estudo que apresentaram diferenças estatisticamente significativas ($p < 0,05$), incluindo o percentual de mudança observado nas intervenções.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os resultados e a discussão serão apresentados de acordo com os grupos de análise previamente mencionados no tópico anterior.

Caracterização geral dos estudos

As pesquisas dos artigos selecionados foram desenvolvidas em diferentes países, com predomínio (33,33%) da Espanha. Embora a Espanha seja historicamente associada à dieta mediterrânea, dados epidemiológicos indicam um aumento substancial da obesidade nas últimas décadas, evidenciando a relevância de investigar os efeitos da transição da dieta mediterrânea para a dieta ocidental na modulação da microbiota intestinal nesse contexto, o que também reforça a concentração de estudos realizados no país (Feijoo *et al.*, 2024)

A revisão consistiu, em sua maioria (88,88%), de ensaios clínicos randomizados, com duração bastante variável (12 dias a 09 meses), envolvendo um total de 2.183 indivíduos saudáveis e/ou com excesso de peso, apresentando idade entre 18 e 65 anos. Os dados obtidos dos estudos avaliados, como: autor, ano e local de publicação, tipo de estudo, duração, amostra, idade e intervenção, estão sintetizados nos Quadros 1 e 2.

Quadro 1- Distribuição dos artigos analisados segundo o autor, ano, local, tipo de estudo e duração.

Autor/Ano	Local	Tipo de estudo	Duração
Zeng <i>et al.</i> , 2019	China	Estudo Controlado Randomizado	09 meses
Shin <i>et al.</i> , 2019	Coreia do Sul	Ensaio Clínico Cruzado Randomizado	04 meses
Zhu <i>et al.</i> , 2020	EUA	Ensaio Controlado Randomizado	12 dias
Gomes; Hoffmann; Mota, 2020	Brasil	Duplo Cego Randomizado e Controlado por Placebo	03 meses
Jian <i>et al.</i> , 2021	Finlândia	Ensaio Controlado Randomizado	03 semanas
Nogacka <i>et al.</i> , 2021	Espanha	Ensaio Clínico Controlado Randomizado	08 meses
Barber <i>et al.</i> , 2021	Espanha	Ensaio Clínico Randomizado e Cruzado	08 semanas
Alvares <i>et al.</i> , 2023	Espanha	Estudo Transversal	02 meses
Corbin <i>et al.</i> , 2023	EUA	Ensaio Clínico Randomizado e Cruzado	02 meses

Fonte: Elaborado pela autora.

A maioria dos estudos (55,50%) realizou comparações entre diferentes intervenções dietéticas, focando principalmente na análise de uma dieta rica em gorduras e açúcares, em comparação a dietas com características mediterrâneas, rica em fibras, gorduras insaturadas e que promove a saúde do microbioma humano. As demais intervenções concentraram-se na observação das características da MI de indivíduos obesos e saudáveis. Vale destacar que, um desses estudos apresentou resultados sobre as bactérias intestinais associadas à obesidade e seus fatores de risco, analisando também o uso de probióticos como estratégia para modular a MI indivíduos obesos.

Influência do padrão alimentar ocidental na microbiota intestinal

Em relação à influência da dieta ocidental na MI, observou-se que quase metade (44,44%) dos estudos realizou esta análise (Quadro 3). Esses estudos avaliaram a associação entre a alimentação com maior teor de gorduras saturadas e

Quadro 2 - Distribuição dos artigos analisados segundo o autor, ano, amostra, idade e intervenção.

Autor/Ano	Amostra (n)	Idade (anos)	Desing experimental
Zeng <i>et al.</i> , 2019	1.914 saudáveis e obesos	41 (idade média)	Grupos: saudável e obesos com ou sem anormalidade metabólica; Análise: DNA das amostras fecais.
Shin <i>et al.</i> , 2019	54 indivíduos saudáveis com sobrepeso	25-65	Dietas: Típica coreana (TKD); Típica americana/ocidental (TAD); Americana recomendada (RAD). Período: 04 semanas, separados por washout de 02 semanas; Análises (início e final de cada intervenção): fezes, urina e sangue (em jejum).
Zhu <i>et al.</i> , 2020	10 indivíduos saudáveis	18-25	Dietas: Mediterrânea <i>Fast food</i> Ordem randomizada por 04 dias Período: intervalo de 04 dias entre as intervenções.
Gomes; Hoffmann; Mota, 2019	32 mulheres com sobrepeso e obesidade	-	Grupos: CONTROL - placebo. PROB - suplementação com mistura de probióticos. * Receberam recomendações específicas de dieta saudável e normocalórica. Análises: Primeira consulta: coleta do sangue (em jejum) e o recordatório alimentar de 24h; Segunda consulta: amostra de fezes e avaliação da composição corporal.
Jian <i>et al.</i> , 2021	38 indivíduos com sobrepeso e obesidade	48 anos (idade média)	03 grupos: excesso de 1.000 kcal/dia de dietas ricas em gordura saturada, gordura insaturada ou açúcares simples. Análise: amostras fecais (no início, após a intervenção e aproximadamente 02 meses após a intervenção).
Nogacka <i>et al.</i> , 2021	18 Indivíduos (09 eutróficos e 09 obesos)	44 anos (idade média)	Amostras fecais de indivíduos saudáveis (NW), indivíduos obesos (OB1) e de obesos antes e depois da perda de peso moderada (OB2) induzida por dieta (20 kcal/kg de peso corporal)

Quadro 2 - Distribuição dos artigos analisados segundo o autor, ano, amostra, idade e intervenção. (continuação)

Autor/Ano	Amostra (n)	Idade (anos)	Desing experimental
Barber <i>et al.</i> , 2021	18 homens saudáveis	18-38	Dietas: Dieta do tipo ocidental (WD); Dieta mediterrânea enriquecida com fibras (FMD). Administração: 02 semanas consecutivas em ordem randomizada, e cada período foi precedido por 02 semanas de uma dieta balanceada.
			Análises: função intestinal e amostras fecais após o consumo das dietas.
Alvares <i>et al.</i> , 2023	82 jovens adultos	18-25	Análises: DNA das amostras fecais; Composição da microbiota (sequenciamento 16S rRNA); Tecido adiposo marrom (PET/CT).
Corbin <i>et al.</i> , 2023	17 indivíduos saudáveis	18-45	Dietas: Ocidental (WD) Dieta de Melhoria do Microbioma (MBD). *Cada participante serviu como seu próprio controle. * Após um período de avaliação (Dias 1-9), todos os alimentos foram fornecidos aos participantes. *Os indivíduos consumiram as refeições ambulatorialmente por 11 dias (Dias 10-20 e 39-49) e internados por 12 dias (Dias 21-32 e 50-61). Foi incluído um período mínimo de 14 dias de washout entre as dietas.

Legenda: TKD: Típica coreana; TAD: Típica americana/ocidental; RAD: Americana recomendada; PET/CT: tomografia computadorizada; rRNA: NA ribossomal; WD: Dieta ocidental; MBD: Dieta de melhoria de microbioma; FMD: Dieta mediterrânea enriquecida com fibras; amostras fecais de NW: Indivíduos saudáveis; OB1: indivíduos obesos; OB2: indivíduos obesos antes e depois da perda de peso moderada; washout: intervalo livre de intervenção para eliminar efeito prévio.

Fonte: Elaborado pela autora.

Quadro 3 - Influência de intervenções dietéticas na microbiota intestinal.

Autor/Ano	Objetivos do Estudo	Desfecho
Zhu et al., 2020	Observar se as intervenções dietéticas FF ou Med alteram a composição do microbioma intestinal. Observar se essas mudanças estão correlacionadas com alterações nas concentrações plasmáticas de metabólitos produzidos por bactérias.	Após a intervenção: sem alterações na diversidade da MI <ul style="list-style-type: none"> - Dieta Med: efeito mais positivo em <i>Firmicutes</i>, - Dieta FF: efeito mais positivo em <i>Coriobacteriia</i>, <i>Deltaproteobacteria</i>, <i>Porphyromonadaceae</i> e <i>Rikenellaceae</i>. Diversos gêneros microbianos foram alterados de forma diferente pela dieta: <ul style="list-style-type: none"> - <i>Butyricicoccuse Lachnospiraceae_UCG-004</i> - < FF e > Med; - <i>Collinsella</i>, <i>Parabacteroides</i>, <i>Escherichia/Shigella</i> e <i>Bilophila</i>: > FF e < Med; - Derivados de indol (ILA, IPA e IAA): < FF e > Med; - Triptofano, indol-6-carboxaldeído e 4-(1-piperazinil)-1H-indol: > FF e < Med; - Acilcarnitina: > Med; - Betaína e ácidos hipúricos: > Med. Proporção: Quinurenina/Triptofano: < FF e > Med.
Barber et al., 2021.	Determinar o efeito da dieta WD versus FMD na MI, função digestiva e sensações, a partir de uma abordagem clínica, metagenômica e metabolômica integrada.	FMD: > sensação de flatulência e borborigmo; > maior produção de fezes e fezes mais macias; > volume total do conteúdo colônico. MI: perfis taxonômicos semelhantes. Os valores de diversidade beta > FMD. A abundância de produtores de butirato (<i>A. butyriciproducens</i> e <i>A. Hadrus</i>) > FMD. Metabólitos: <ul style="list-style-type: none"> - FMD: > desoxicólico glicuronídeo, 5-hidroxiindol, L-aspartil-L-fenilalanina e TMAO. - WD: > propionil-L-carnitina, cortolona 3-glicuronídeo, <i>p</i>-tiramina 3-sulfato e 18-acetoxi-PGF_{2α}-11-acetato metil éster (metabólitos de carnitina, tiramina, cortisol e prostaglandina).
Shin et al., 2019.	Avaliar os efeitos da dieta coreana padrão e da dieta ocidental nos perfis metabólicos e da MI em adultos coreanos saudáveis com sobrepeso.	Dietas: Típica coreana (TKD); Típica americana/ocidental (TAD); Americana recomendada (RAD). TKD: > diversidade bacteriana; > <i>Firmicutes</i> ; < <i>Bacteroidetes</i> . TAD: > <i>Anaerostipes</i> , <i>Oscillospira</i> , <i>Gemella</i> (gram positivas), <i>Synergistes</i> , <i>Lautropia</i> , <i>Citrobacter</i> e <i>Treponema</i> (gram negativas)

**Quadro 3 - Influência de intervenções dietéticas na microbiota intestinal.
(continuação)**

Autor/Ano	Objetivos do Estudo	Desfecho
		< <i>Carboxydocella</i> , <i>Pyramidobacter</i> , <i>Allistipes</i> , <i>Fusobacterium</i> , <i>Lachnospira</i> , <i>Porphyromonas</i> e <i>Bacillus</i> . Metabólitos séricos: TKD: > metabolismo de valina, leucina e isoleucina; RAD e TAD: > síntese e degradação de Corpos cetônicos.
Corbin et al., 2023.	Quantificar as contribuições microbianas e do hospedeiro para o equilíbrio energético humano, por meio de uma Dieta Intensificadora do Microbioma (MBD) ou controle (dieta ocidental)	Dietas: MBD e WD. MBD: < produção de energia metabolizável do hospedeiro. (A uma perda adicional de 116 ± 56 kcal ($P < 0,0001$) nas fezes diariamente, apresentando uma maior energia fecal e, portanto, menor energia metabolizável do hospedeiro). Diversidade: alfa não diferiu entre as dietas; beta mostrou separação significativa e nítida pela dieta. MDB: 06 espécies tiveram maior abundância relativa, incluindo os degradadores de fibra alimentar (<i>Prevotella copri</i> , <i>Prevotella</i> não caracterizada e <i>Lachnospira pectinoschiza</i>) e /ou produtores de butirato (<i>Lachnospira pectinoschiza</i> , <i>Eubacterium eligans</i> , e provavelmente o <i>Oscillibacter</i> não caracterizado). WD: 04 espécies com maior abundância relativa, incluindo <i>Blautia hydrogenotrófica</i> , <i>Bifidobacterium pseudocatenulatum</i> , <i>Blautia CAG:257</i> não caracterizada e <i>Actinomyces ICM7</i> não caracterizada.

Legenda: FF: Fast food; MED: mediterrânea; WD: Dieta ocidental; FMD: dieta mediterrânea enriquecida com fibras; TKA: Típica coreana; TAD: Típica americana/ocidental RAD: Americana recomendada; MBD: Dieta Melhoradora de Microbioma; MI: Microbiota intestinal; ILA: Ácido Indol-3-Lático; IAP: Ácido Indol-3-Pirúvico; IAA: Ácido Indol-3-Acético; TMAO: N-óxido de trimetilamina

Fonte: Elaborada pela autora.

açúcares refinados e as mudanças na composição da MI, com destaque para as alterações nos metabólitos intestinais após as intervenções realizadas.

Vale destacar que os estudos analisados compararam o padrão alimentar ocidental ao mediterrâneo, no intuito de observar como essas bases alimentares, com características antagônicas, modulam o MI. Além disso, Barber e colaboradores (2021) também analisaram os sintomas clínicos da função digestiva, após a intervenção dietética.

Barber et al. (2021) e Corbin et al. (2023) relataram que a dieta mediterrânea elevou significativamente a abundância de espécies produtoras de butirato, incluindo *Anaerostipes butyriciproducens*, *Anaerostipes hadrus*, *Lachnospira pectinoschiza*, *Eubacterium eligens* e *Oscillibacter*. Em contraste, Zhu et al. (2020) observaram que a intervenção com uma dieta do tipo fast food, rica em gordura saturada e açúcares simples, aumentou a abundância dos gêneros *Collinsella*, *Parabacteroides*, *Escherichia/Shigella* e *Bilophila*, sem promover aumento nos níveis de butirato.

Esses resultados estão de acordo com os achados de Zhang *et al.* (2020), os quais mostraram que uma dieta mais rica em carne vermelha e ultraprocessados estava relacionada a uma maior concentração de Escherichia / Shigella, enquanto a ingestão de fibras, vegetais e frutas estava inversamente correlacionada com Escherichia / Shigella em indivíduos com doença de Crohn; e que o butirato inibiu o crescimento de *E. coli*. Determinadas cepas de *E. coli*, bactérias do tipo gram-negativas, possuem uma translocação através da mucosa intestinal mais eficiente do que outras, quando expostas ao estresse metabólico e inflamatório (Wiest; Lawson; Geuking, 2014).

Além disso, o aumento de *Bilophila* observado após o consumo de uma dieta do tipo fast food, pode ser explicado pelo aumento de ácidos biliares conjugados no intestino, resultante da maior secreção biliar pelo fígado em resposta ao excesso de gordura. Esses ácidos estimulam o crescimento de bactérias sensíveis aos AB e promovem o crescimento de bactérias que metabolizam os AB, como a *Bilophila wadsworthia*, a qual promove danos nas células intestinais pela inibição da oxidação do butirato, principal fonte de energia dos enterócitos, comprometendo a função e a integridade do epitélio intestinal (Severino *et al.*, 2024).

Vale ressaltar que já está bem elucidado o aumento na proporção Firmicutes/Bacteroidetes diante do consumo de uma dieta rica em gorduras e açúcares, sendo marcado pelo aumento de Proteobacteria e uma redução em Bacteroidetes, em especial a Rikenellaceae (Severino *et al.*, 2024). Entretanto, na presente revisão, apenas o estudo de Zhu *et al.* (2020) fez essa análise, observando aumento de Rikenellaceae (Bacteroidetes) após intervenção com dieta rica em gordura. Vale destacar que a abundância desses filos é altamente variável entre os indivíduos e influenciada por diversos fatores relacionados ao estilo de vida, o que pode explicar as diferenças encontradas na literatura (Suarez *et al.*, 2023).

Ainda, observando as mudanças proporcionadas após a intervenção de uma dieta ocidental na MI, nota-se que o estudo de Corbin *et al.* (2023)

encontrou níveis mais altos de Blautia. Esses resultados estão de acordo com o estudo de Elin *et al.* (2017), no qual a abundância desse gênero esteve positivamente associada aos ácidos graxos saturados, presente em excesso no padrão alimentar ocidental. Quando presente em excesso na microbiota humana, a Blautia, possui uma importante relação com diversas disfunções fisiológicas do hospedeiro, incluindo uma relação com algumas doenças inflamatórias tanto a nível intestinal quanto a nível sistêmico, como obesidade e diabetes mellitus II (Liu *et al.*, 2021).

A avaliação de metabólitos é imprescindível para uma compreensão mais detalhada acerca da composição e da modulação da MI. Assim, analisando os principais dados obtidos a partir do quadro 3, observou-se no estudo de Zhu *et al.* (2020) uma redução dos derivados de indol após intervenção com uma dieta do tipo fast food. Os derivados de indol são essenciais para a homeostase de células intestinais e podem até reduzir o processo inflamatório, resultando em redução da permeabilidade intestinal, menor translocação de LPS e, consequentemente, uma diminuição da inflamação local e sistêmica (Beam; Clinger; Hao, 2021); assim, a redução desses metabólitos após uma dieta rica em gordura e açúcares pode justificar, em parte, os prejuízos desse padrão alimentar na saúde intestinal.

Em relação ao N-óxido de trimetilamina (TMAO), um metabólito formado pela MI e que pode aumentar o risco de doença cardiovascular (Singh *et al.*, 2017), verificou-se alteração em seus níveis no estudo de Barber *et al.* (2021) após a intervenção com uma dieta do tipo mediterrânea, sem mudanças significativas desse metabólito com uma dieta ocidental. Embora não tenha sido notado aumento nos níveis de TMAO após a dieta ocidental, é importante salientar que nesse tipo de dieta há uma elevada ingestão de carne vermelha e processada, resultando em altos níveis de carnitina e colina, que são precursores para as bactérias intestinais produzirem trimetilamina (TMA), a qual é convertida a TMAO no fígado (Beam; Clinger; Hao, 2021). Inclusive, o estudo realizado por Wang *et al.* (2019), mostrou que o

consumo a longo prazo de carne vermelha elevar os níveis de TMAO plasmático, o que não foi verificado após o consumo de carne branca ou não cárnea. Em contrapartida, Sabine *et al.* (2016) não observaram nenhuma relação entre o consumo de peixes, carne processada, vermelha ou branca ou ovos e os níveis séricos de TMAO, porém o alto consumo de leite resultou em maiores concentrações deste metabólito.

Embora já existam evidências científicas da associação entre os níveis de TMAO e as doenças cardiometabólicas, as concentrações deste metabólito são variáveis, tanto que no estudo de Barber *et al.* (2021), como mencionado, seus maiores níveis foram encontrados após o consumo de uma dieta do tipo mediterrânea e não após o consumo de alimentos ricos em gorduras e açúcares, característicos do padrão alimentar ocidental. Costabile *et al.* (2021) também observaram que uma dieta saudável, rica em ômega 3 e grãos integrais, aumentou de forma significativa os níveis de TMAO, confrontando a ideia de que esse metabólito seja um biomarcador de risco cardiometabólico universalmente válido, independente da dieta de base.

De forma geral, a dieta ocidental afetou de forma negativa a microbiota, semelhante a revisão sistemática conduzida por Wolters *et al.* (2019), na qual as dietas ocidentais, ricas em gorduras saturadas, estavam relacionadas a uma menor riqueza e diversidade de bactérias intestinais tanto em humanos quanto em animais. Além disso, é possível notar que um padrão alimentar ocidental promove mudanças dos metabólitos e um aumento de bactérias gram-negativas, as quais produzem uma molécula inflamatória, o LPS.

O LPS apresenta vários efeitos adversos na função intestinal, e quando associado a baixa diversidade microbiana, resultante de uma dieta ocidental, promove um ambiente inflamatório que prejudica a organização das junções das células intestinais, aumentando a permeabilidade intestinal e propiciando a liberação de metabólitos bacterianos tóxicos na corrente sanguínea (Severino *et al.*, 2024; Suárez *et al.*,

2023; Malesza *et al.*, 2021). Os efeitos do LPS são mediados, principalmente pela sua ligação ao TLR4-CD14. A ativação desse receptor, expresso em células imunes e outras células, como células endoteliais, adipócitos e hepatócitos, resulta em uma ativação de outras vias, como o fator nuclear kappa B (NF- κ B), que estimula a produção de citocinas pró-inflamatórias, como interleucina IL-1, IL-6, IL-8 e TNF- α , contribuindo para propagar ainda mais a inflamação (Severino *et al.*, 2024; Sankararaman *et al.*, 2023).

Influência da obesidade na modulação da microbiota intestinal

No que concerne ao papel da obesidade na MI (Quadro 4), também quase metade (44,44%) dos estudos realizou essa análise, buscando observar, de forma geral, se a obesidade resulta em mudanças na composição da MI. Esses estudos observaram que a obesidade está associada a uma menor diversidade da MI, além de apresentar alguns filos predominantes. Vale ainda destacar a relação entre essas bactérias e os desfechos metabólicos e clínicos característico do excesso de tecido adiposo.

O estudo de Nogacka *et al.* (2021) observou uma menor diversidade microbiana em indivíduos obesos, enquanto Zeng *et al.* (2019) encontrou uma menor variedade de gêneros em obesos com anormalidades metabólicas. Esses dados estão de acordo com a meta-análise de Gong *et al.* (2022), a qual observou uma maior riqueza microbiana no grupo controle quando comparado ao grupo obesidade. Além disso, os autores dessa meta-análise também identificaram diferenças significativas na comunidade bacteriana entre os dois grupos, apresentando uma menor abundância de Firmicutes, maior de Bacteroidetes e um aumento na razão Bacteroidetes/Firmicutes, no grupo obesidade.

Estes resultados entram em consonância com os estudos de Nogacka *et al.* (2021) e Gomes; Hoffmann e Mota (2020), incluídos nesta revisão, nos quais a MI de indivíduos obesos incluía quatro filos predominantes, sendo eles, Firmicutes, Bacteroidetes, Actinobactéria e Proteobacteria,

Quadro 4 - Influência da obesidade na modulação microbiota intestinal.

Autor/Ano	Objetivos do Estudo	Desfecho
Zeng et al., 2019.	Avaliar os biomarcadores da MI que são universais para pacientes obesos, específicos para discriminar pacientes obesos de anormalidades metabólicas e observar a associação desses marcadores com indicadores do metabolismo.	Maior número de gênero bacteriano nos indivíduos saudáveis (H) e obesos (O), quando comparado aos obesos que apresentavam anormalidades metabólicas (OA). <ul style="list-style-type: none"> - 13 marcadores de gênero microbiano: diferiram entre os indivíduos do Grupo O e Grupo H. - 47 biomarcadores: diferiram entre os do Grupo OA e dos saudáveis. - 24 biomarcadores: entre os do Grupo OA e do Grupo O. <i>Bacteroides, Parabacteroides, Blautia, Alistipes, Romboutsia e Roseburia</i> : comuns entre OA e O. <i>Gemmiger, Dorea, Faecalibacterium, Blautia e Coprococcus</i> : biomarcadores compartilhados em pacientes OA. 20 gêneros microbianos estavam associados a indicadores clínicos (peso corporal e lipídios séricos): <ul style="list-style-type: none"> - <i>Blautia, Romboutsia, Ruminococcus 2, Clostridium sensu stricto e Dorea</i>: positivamente associados; - <i>Bacteroides, Roseburia, Butyricicoccus, Alistipes, Parasutterella, Parabacteroides e Clostridium IV</i>: negativamente associados.
Gomes; Hoffmann; Mota, 2020.	Observar quais bactérias intestinais estão associadas à obesidade e aos fatores de risco cardiométrabólicos. Avaliar também se a suplementação de probióticos modula a MI.	Composição da MI predominante: <i>Firmicutes, Bacteroidetes, Actinobactéria e Proteobacteria</i> . <ul style="list-style-type: none"> - <i>Holdemani</i>, o gênero <i>Odoribacter</i> e a família <i>Rikenellaceae</i>: positivamente correlacionada com a ingestão de proteínas. - <i>Turici-bacter</i>: positivamente associado à ingestão percentual de gorduras monoinsaturadas. - <i>TM7</i>: associada aos marcadores de adiposidade. - Gênero <i>Streptococcus</i>: positivamente associado ao índice de conicidade e a família <i>Ruminococcaceae</i> associou-se negativamente a esse parâmetro. - Gênero <i>Phascolarctobacterium</i>: negativamente associado a gordura ginóide e a família <i>Clostridiaceae</i> esteve positivamente associada. - Família <i>Lachnospiraceae</i>: positivamente associado à massa magra. Marcadores cardiométrabólicos:

Quadro 4 - Influência da obesidade na modulação microbiota intestinal (Continuação).

Autor/Ano	Objetivos do Estudo	Desfecho
		<ul style="list-style-type: none"> - <i>Staphylococcus</i>: negativamente associado à relação CT/HDL; - <i>Paraprevotellaceae</i> e <i>Clostridiaceae</i> e os gêneros <i>Prevotella</i>: negativamente associados ao TNF-γ; - <i>Clostridiaceae</i>: negativamente associada à relação IL-6/IL-10; - <i>Peptococcus</i>: negativamente associado com GPx - Coprococcus e Firmicutes: positivamente associados com SOD; - <i>Bacteroidetes</i>: negativamente associado a este parâmetro com a SOD. <p>Participantes com pior composição corporal: maior proporção do filo <i>TM7</i>, <i>Lachnospiraceae</i> e <i>Roseburia</i>.</p>
		<p>Participantes com melhor perfil lipídico: maior proporção de <i>Prevotella</i>, <i>Collinsella</i>, <i>Paraprevotella</i>, <i>Enterococcus</i>, <i>Clostridiaceae</i> e <i>Veillonella</i>.</p> <p>O uso de probióticos teve influência sobre os gêneros.</p>
Nogacka et al., 2021.	<p>Avaliar os efeitos da obesidade extrema (IMC > 40 kg/m²) e da perda de peso moderada induzida por uma dieta de 20 kcal/kg de peso corporal a MI e no perfil metabolômico.</p>	<p>Menor diversidade microbiana no grupo OB em relação ao grupo NW;</p> <p>Não observaram diferenças significativas entre OB e OB2.</p> <p>Redução acentuada da família <i>Christensenellaceae</i> e do gênero <i>Blautia</i> e um aumento da família <i>Alcaligenaceae</i> (<i>Proteobacteria</i>): em OB em relação aos indivíduos NW.</p> <p>Níveis significativamente mais baixos de bactérias totais e níveis mais elevados do gênero <i>Staphylococcus</i> (<i>Firmicutes</i>): em OB comparado ao grupo NW.</p> <p>Maior abundância da família <i>Christensellaceae</i>: em NW.</p> <p>MI de indivíduos com OB: o filo <i>Bacteroidetes</i> (família <i>Porphyromonadaceae</i> e do gênero <i>Parabacteroides</i>) e o grupo <i>Bacteroides</i> diminuiu.</p> <p>Gênero <i>Clostridium sensu stricto</i> (<i>Firmicutes</i>) aumentou significativamente após perda de peso (OB2).</p> <p>Os níveis do grupo <i>Bacteroides</i>: reduzidos após a perda de peso (OB2).</p> <p>Maiores concentrações de AGCC no grupo OB comparado ao grupo NW (sem diferenças significativas entre os grupos OB e OB2).</p>

Quadro 4 - Influência da obesidade na modulação microbiota intestinal (Continuação).

Autor/Ano	Objetivos do Estudo	Desfecho
Alvares et al., 2023.	Investigar a associação da composição da microbiota fecal com o volume e atividade do TAM e a radiodensidade média em adultos jovens.	Filo <i>Verrucomicrobia</i> : negativamente correlacionado com o volume do TAM. Abundância relativa do filo <i>Actinobacteria</i> e em níveis taxonômicos mais baixos: positivamente correlacionada com a atividade do TAM. Abundância relativa de <i>Akkermansia</i> , <i>Lachnospiraceae</i> sp. e os gêneros <i>Ruminococcus</i> : correlacionados negativamente com o volume e atividade da TAM. Gênero <i>Bifidobacterium</i> : positivamente associado com a atividade da TAM.

Legenda: MI: microbiota intestinal; OB: obesidade extrema; NW: saudável; OBz: extremamente obesos após a perda de peso; TM7: saccaribactérias; TAM: Tecido adiposo Marrom; SOD: Superóxido dismutase; GPx: Glutathione peroxidase; TNF- β : Fator de Necrose Tumoral; IL-6: Interleucina 6; IL-10: Interleucina 10; CT: Colesterol total; HDL: Lipoproteína de Alta Densidade; AGCC: Ácidos graxos de cadeia curta.

Fonte: Elaborado pela autora.

sendo a perda de peso responsável pelo aumento significativo de Firmicutes e redução de Bacteroidetes. Entretanto, vale salientar que também no estudo de Nogacka et al. (2021) verificou-se níveis elevados do gênero *Staphylococcus* (Firmicutes) em indivíduos obesos, corroborando com uma quantidade considerável de estudos, presentes em uma meta-análise, ao concluir que a MI de indivíduos obesos apresenta níveis significativamente maiores de Firmicutes e menores de Bacteroidetes, em comparação com pessoas não obesas (Pinart et al., 2022).

Essa heterogeneidade nos resultados pode ser devido ao número insuficiente de indivíduos incluídos nesses estudos e as diferenças no processamento e na análise das amostras; além disso, muitos desses estudos fazem uma caracterização inadequada das populações, não levando em consideração diversos fatores relacionados ao estilo de vida, como ingestão alimentar, uso de medicamentos e prática de exercícios físicos que podem afetar diretamente a MI, impactando nos seus resultados. Ademais, como já mencionado, a obesidade contribuiu com menor diversidade bacteriana, por isso as várias alterações observadas ao nível de família, gênero ou espécie

podem ser mais relevantes do que apenas a razão Firmicutes/Bacteroidetes (Magne et al., 2020).

Observando outros filos bacterianos, um estudo desta revisão (Alvares et al. 2023), observou que o filo Actinobacteria e o gênero *Bifidobacterium*, estiveram positivamente associados à atividade do TAM. Esse tecido é considerado termogênico, apresentando diversas mitocôndrias e uma alta expressão da proteína desacopladora-1 (UCP-1), influenciando a produção de calor (Hachemi; U-Din, 2023); assim, a atividade do TAM é benéfica para o controle do peso e para o metabolismo. Esses resultados se tornam expressivos quando comparados a outros dois estudos de revisão sistemática e de meta-análise, nos quais o gênero *Bifidobacterium* foi um dos mais relacionados à desnutrição, sendo significativamente menos abundante em pessoas obesas (Pinart et al., 2021; Xu et al., 2022), além de ser encontrado em um menor nível em indivíduos com obesidade visceral (Hualan et al., 2022). Além disso, *Bifidobacterium* é um gênero essencial para manter a integridade da barreira epitelial intestinal, evitando processos inflamatórios sistêmicos e contribuindo com a redução

do desenvolvimento de doenças inflamatórias (Abdulqadir; Engers; Al-sadi, 2023).

A divisão candidata TM7 também esteve associada a todos os marcadores de adiposidade. Bactérias do filo Saccharibacteria, que anteriormente eram conhecidas como TM7, contém bactérias do tipo gram-positivas não cultiváveis. Esse filo tem sido relacionado principalmente a condições inflamatórias orais, mas já se sabe de sua influência em processos inflamatórios a nível intestinal (Gomes; Hoffmann; Mota, 2020; Bor *et al.*, 2019). Essa composição bacteriana, que contribui para o início da inflamação de baixo grau, está associada a diversos distúrbios metabólicos, devido, principalmente, aos prejuízos da permeabilidade da barreira intestinal, sendo uma contribuição importante para a inflamação sistêmica associada à obesidade (Acciarino *et al.*, 2023).

Além dessas alterações na MI de obesos, o estudo de Zheng *et al.*, (2019) observaram que *Bacteroides*, *Parabacteroides*, *Blautia*, *Alistipes*, *Romboutsia* e *Roseburia* também eram gêneros bacterianos comuns em pacientes obesos e em obesos com anormalidades metabólicas; além disso, o gênero *Dorea* foi detectado entre os indivíduos obesos que apresentavam prejuízos metabólicos, estando associado ao peso corporal e ao perfil lipídico. Paralelo a esses resultados, Elin *et al.* (2017), após sequenciar o gene 16S rRNA de 531 homens, também observaram uma quantidade significativamente maior do gênero *Blautia* em indivíduos com IMC elevado ($>30 \text{ kg/m}^2$). Além disso, níveis séricos de glicerol, ácidos graxos monoinsaturados e ácidos graxos saturados, em jejum, estavam relacionados a um aumento de *Blautia* e *Dorea*.

Os gêneros *Blautia* e *Dorea* são membros da família Lachnospiraceae, responsável pela produção de AGCC (Chanda; Jiang; Liu, 2024; Takeuchi *et al.*, 2023). Alvares *et al.* (2023) observaram que Lachnospiraceae foi associada negativamente com o volume e atividade do TAM; enquanto Gomes, Hoffmann e Mota (2020) verificaram que essa família estava presente em maior número

naqueles indivíduos com piores parâmetros de composição corporal.

Isto ocorre porque os AGCC produzidos pela família Lachnospiraceae atuam principalmente no trato gastrointestinal, estimulando células enteroendócrinas a secretarem hormônios relacionados à saciedade, como GLP-1 e PYY, os quais contribuem para a regulação do apetite e do metabolismo energético, além de apresentarem efeitos anti-inflamatórios, antiobesidade, antidiabetes e neuroprotetores. Porém, o supercrescimento da família Lachnospiraceae e, principalmente, de alguns táxons específicos, pode resultar em uma produção de AGCC, como acetato e propionato, que podem estar envolvidos nos distúrbios associados à obesidade (Xiong *et al.*; 2022; Palmas *et al.*, 2021; Ejtahed *et al.*, 2020).

Além disso, como será abordado no próximo tópico, o metabolismo do hospedeiro e os metabólitos microbianos podem ser influenciados diretamente pelos componentes dietéticos. Com isso, os micro-organismos, quando expostos às gorduras dietéticas, podem produzir ácidos graxos prejudiciais, podendo explicar, em parte, por que certos indivíduos são mais propensos ao desenvolvimento de determinadas doenças (Takeuchi *et al.*, 2023).

Influência do padrão alimentar ocidental associado a obesidade na modulação da microbiota intestinal

No intuito de verificar os efeitos da dieta ocidental e da obesidade na MI, apenas um estudo analisou as alterações na comunidade microbiana após a superalimentação com gordura saturada, insaturada ou açúcares simples em um grupo de obesos (Quadro 5). Embora não tenha sido o objetivo da presente revisão, o estudo analisado neste tópico também abordou os efeitos dessas alterações microbianas no desenvolvimento da esteatose hepática, um distúrbio metabólico frequentemente associado a obesidade e ao estilo de vida baseado no consumo de alimentos ultra-processados, ricos em açúcares e gorduras, com características de um padrão alimentar ocidental.

Quadro 5 - Influência do padrão alimentar ocidental e da obesidade na modulação microbiota intestinal.

Autor/Ano	Objetivos do Estudo	Desfecho
Jian <i>et al.</i> , 2021.	Observar o impacto de regimes de superalimentação com gordura saturada, insaturada e açúcar na composição da MI e nas funções previstas, bem como nas quantidades totais de bactérias e produtores de butirato, além de analisar a relação entre a MI e os parâmetros nutricionais e clínicos em indivíduos com sobre peso e obesidade	Antes da Intervenção: predomínio de <i>Firmicutes</i> , seguida por <i>Bacteroidetes</i> e <i>Actinobacteria</i> . <i>Verrucomicrobia</i> e <i>Proteobacteria</i> : em média < de 1% da MI. Início do estudo: grupos eram comparáveis em relação à gordura hepática, características antropométricas, dietéticas habituais e bioquímicas. Dieta rica em gordura saturada: > abundância de <i>Proteobacteria</i> . Superalimentação com açúcares: > <i>Lactococos</i> e <i>Escherichia coli</i> . Dieta rica em gorduras insaturadas: > nos produtores de butirato: <i>Lachnospira</i> , <i>Roseburia</i> e <i>Ruminococcaceae</i> e não classificadas, e uma diminuição nas <i>Coriobacteriaceae</i> e não cultivadas. Associação entre dieta, MI e saúde metabólica: - Os níveis basais da família <i>proteobacteriana Desulfovibrionaceae</i> , e especialmente do gênero <i>Bilophila</i> : associados ao aumento da gordura hepática induzido pela superalimentação. - <i>Coprococcus</i> : associado a níveis séricos mais baixos de triacilgliceróis. - <i>Lachnospira</i> e <i>Lactococcus</i> : associação negativa e positiva com a relação cintura-quadril e insulina plasmática em jejum, respectivamente. - <i>Ruminococcaceae</i> : associado negativamente aos níveis de LDL.

Legenda: MI: Microbiota intestinal; LDL: Lipoproteína de baixa densidade.

Fonte: Elaborada pela autora.

Nesse estudo observou-se que a dieta rica em gordura saturada e açúcares aumentou de forma significativa a abundância de *Proteobacteria*, *Lactococos* e *E. coli*. Como abordado anteriormente, uma dieta com características ocidentais é capaz de aumentar a abundância de *E. coli* e *Proteobacteria*, bactérias gram-negativas com

papel inflamatório (Severino *et al.*, 2024). Corroborando, a revisão realizada por Faqerah, Walker e Gerasimidis (2023) mostrou que um padrão dietético rico em açúcares, gordura, proteína e aditivos alimentares é capaz de aumentar a abundância dessas bactérias, sendo esses substratos luminais capazes de aumentar a adesão, a

invasão e a virulência, enquanto os substratos provenientes de uma dieta mais mediterrânea, rica em fibras, podem exercer proteção.

Além disso, um estudo conduzido em animais, mostrou que uma dieta rica em gordura, junto a abundância de *E. coli* comensal, resultou no processo inflamatório e em um ganho significativo de peso corporal e adiposidade (no fígado e no tecido adiposo), e reduziu a tolerância à glicose, sugerindo o seu papel na patogênese da obesidade e de outros distúrbios metabólicos (Ju *et al.*, 2023).

No estudo analisado concluiu-se que as mudanças na MI, por meio da superalimentação nos pacientes obesos, podem estar associadas às consequências metabólicas, como o aumento do gênero *Bilophila*, que estava associado ao aumento da gordura hepática. Evidencia reforça que essa bactéria é capaz de aumentar os efeitos prejudiciais no metabolismo do hospedeiro decorrente de uma dieta rica em gordura, afetando a homeostase da glicose e a função hepática, em decorrência da sua capacidade de alterar o potencial funcional dos micro-organismos intestinais, aumentando a permeabilidade intestinal, ativando uma resposta imune exacerbada, tanto ao nível da mucosa quanto ao nível sistêmico, e promovendo concentrações desproporcionais de ácido biliar (Natividad *et al.*, 2018).

Corroborando, uma dieta rica em gorduras pode afetar negativamente a permeabilidade das células intestinais, devido ao desequilíbrio da MI, caracterizado pelo aumento de bactérias gram-negativas, que, por sua vez, produzem LPS, que interagem com os complexos CD14 e o receptor TLR4, gerando uma resposta inflamatória local e, posteriormente, sistêmica. Essa inflamação, de forma crônica, afeta ainda mais a permeabilidade intestinal, facilitando a passagem de metabólitos bacterianos para corrente sanguínea e contribuindo ainda mais para o ciclo vicioso de inflamação e disbiose. Esse cenário inflamatório, é uma das principais causas para o desenvolvimento da obesidade e consequentes distúrbios metabólicos (Fan; Chen; Lin, 2023).

Assim, observa-se um ciclo vicioso, no qual um padrão alimentar ocidental resulta em um quadro de disbiose, que reduz a produção de metabólitos benéficos e aumenta microrganismos inflamatórios, prejudicando a integridade da barreira intestinal. Esse cenário, gera uma resposta inflamatória localizada; mas com o aumento da permeabilidade da parede intestinal, a inflamação colônica e o aumento da produção colônica de LPS, ocorre um quadro de endotoxemia crônica, com excesso de LPS bacteriano na circulação, resultando em uma inflamação sistêmica de baixo grau e diversas disfunções metabólicas, que são responsáveis pelo desenvolvimento de doenças crônicas não transmissíveis, entre elas a obesidade (Barber *et al.*, 2021). Os principais mecanismos, alterações microbianas e metabólitos envolvidos nesse ciclo, bem como seus efeitos locais e sistêmicos, estão resumidos no Quadro 6.

Vale destacar que a exposição prolongada ao LPS favorece a hiperfagia, ao reduzir a sinalização de leptina e a saciedade induzida por colecistoquinina (CCK). O nervo vago, que inerva extensivamente o trato gastrointestinal, possui fibras aferentes que conduzem sinais de saciedade ao sistema nervoso central. Na obesidade induzida pela dieta, essas fibras parecem assumir, independentemente do estado alimentar, um fenótipo permanentemente orexígeno, contribuindo para o aumento da ingestão de alimentos e a redução da resposta anorexígena (Browning; Verheijden; Boeckxstaens, 2017).

Dessa forma, a inflamação sistêmica de baixo grau está intimamente ligada à neuroinflamação, que compromete o funcionamento do hipotálamo e de outras regiões cerebrais envolvidas no controle da saciedade. Nesse contexto, alterações nos mecanismos imunológicos e inflamatórios podem atuar como elementos essenciais na conexão entre a MI, o equilíbrio energético e a regulação da saciedade, destacando-se como fatores importantes na fisiopatologia da obesidade (Bastings *et al.*, 2023).

Diante disso, este estudo irá contribuir na ampliação das bases científicas, auxiliando no

Quadro 6 - Alterações da microbiota intestinal e metabólitos associadas à dieta ocidental e à obesidade: efeitos locais e sistêmicos.

Alterações	Efeito Local	Efeito Sistêmico
Aumento de <i>Collinsella</i> , <i>Parabacteroides</i> , <i>Escherichia/Shigella</i> , <i>Bilophila</i>	Inflamação intestinal; comprometimento da barreira epitelial	Inflamação sistêmica; disfunção metabólica
Aumento de <i>Bilophila wadsworthia</i>	Danos às células intestinais; inibição da oxidação do butirato	Compromete energia celular; inflamação sistêmica
Alteração Firmicutes/Bacteroidetes	Desequilíbrio da microbiota intestinal; Potencial efeito pró-inflamatório intestinal	Inflamação sistêmica; Disfunção metabólica; resistência à insulina
Aumento de TM7 / <i>Saccharibacteria</i>	efeito pró-inflamatório intestinal	Associada a marcadores de adiposidade; Impacto no metabolismo sistêmico
Aumento de LPS derivado de bactérias gram-negativas	Disfunção da barreira intestinal; aumento da permeabilidade	Ativação TLR4-CD14 → NF-κB → citocinas pró-inflamatórias
Alteração de TMAO	-	Aumento do risco de doença cardiovascular dependendo da dieta
Redução dos derivados de indol	Menor homeostase intestinal; aumento da permeabilidade	Maior translocação de LPS; inflamação sistêmica

desenvolvimento de estudos e publicações sobre os efeitos da dieta ocidental e da obesidade na modulação da MI, destacando as implicações para a saúde intestinal e geral dos indivíduos, fortalecendo as estratégias de intervenção. Apesar da relevância dos achados, este estudo apresenta algumas limitações que devem ser consideradas. O número reduzido de artigos incluídos restringe a abrangência da análise, podendo não refletir integralmente toda a literatura disponível sobre o tema. Observou-se também uma significativa heterogeneidade metodológica entre os estudos, tanto em termos de desenho experimental quanto das populações avaliadas, que incluíram indivíduos saudáveis e com excesso de peso, com faixas etárias variadas. Além disso, muitos estudos não avaliaram fatores que podem influenciar a microbiota intestinal, como nível de atividade física, uso de medicamentos e presença de

comorbidades, dificultando uma análise mais abrangente. Por fim, a predominância de estudos conduzidos na Espanha limita a generalização dos achados para outros contextos populacionais.

CONCLUSÃO

Diante dos resultados obtidos, pode-se concluir que os estudos analisados foram desenvolvidos em diferentes países, com predomínio da Espanha, consistindo em sua maioria de ensaios clínicos randomizados, com duração bastante variável, envolvendo um total de 2.183 indivíduos saudáveis e/ou com excesso de peso, apresentando idade entre 18 e 65 anos, mostrando que tanto a dieta do tipo ocidental quanto a obesidade, associadas ou não, propiciam alterações na MI. Foi observado uma menor

diversidade microbiana e um aumento nos gêneros *Escherichia Coli*, *Bilophila*, *Blautia* (após dieta ocidental) e de *Blautia* e *Dorea* (nos indivíduos obesos), os quais estimulam o processo inflamatório intestinal e sistêmico, prejudicando a integridade intestinal e favorecendo o desenvolvimento de distúrbios metabólicos. Além disso, observou-se que uma dieta ocidental é capaz de reduzir os derivados de indol, que são essenciais para a homeostase de células intestinais e controle da inflamação.

Assim, recomenda-se a realização de mais estudos, no sentido de melhor comprovação da influência da dieta ocidental e da obesidade na modulação da MI, ampliando os conhecimentos científicos acerca da temática, além de auxiliar no desenvolvimento de estratégias que modulam positivamente a MI.

REFERÊNCIAS

- ABDULQADIR, R.; ENGERS, J.; AL-SADI, R. Role of *Bifidobacterium* in modulating the intestinal epithelial tight junction barrier: Current knowledge and perspectives. *Current Developments in Nutrition*, v. 07, n. 12, p. 102026, 2023. Doi: 10.1016/j.cdnut.2023.102026.
- ABU-GHAZALEH, N.; CHUA, W. J.; GOPALAN, V. Intestinal microbiota and its association with colon cancer and red/processed meat consumption. *Journal of Gastroenterology and Hepatology*, v. 36, n. 1, p. 75-88, 2021. Doi: 10.1111/jgh.15042.
- ACCIARINO, A.; DIWAKARLA, S.; HANDRECK, J.; BERGOLA, C.; SAHAKIAN, L.; MCQUADE, R. M. The role of the gastrointestinal barrier in obesity-associated systemic inflammation. *Obesity Reviews*, v. 25, n. 3, p. e13673, 2024. Doi: 10.1111/obr.13673.
- AGUS, A.; DENIZOT, J.; THÉVENOT, J.; MARTINEZ-MEDINA, M.; MASSIER, S.; SAUVANET, P.; BERNALIER-DONADILLE, A.; DENIS, S.; HOFMAN, P.; BONNET, R.; BILLARD, E.; BARNICH, N. Western diet induces a shift in microbiota composition enhancing susceptibility to Adherent-Invasive *E. coli* infection and intestinal inflammation. *Scientific Reports*, v. 6, n. 1, p. 19032, 2016. Doi: 10.1038/srep19032.
- ALMEHMADI, K.; FOURMAN, S.; BUESING, D.; & ULRICH-LAI, Y. M. Western diet-induced obesity interferes with the HPA axis-blunting effects of palatable food in male rats. *Physiology & Behavior*, v. 270, p. 114285, 2023. Doi: 10.1016/j.physbeh.2023.114285.
- ALVAREZ, L. O.; ACOSTA, F. M.; XU, H.; SANCHEZ-DELGADO, G.; VILCHEZ-VARGAS, R.; LINK, A.; PLAZA-DIAZ, J.; LLAMAS, J. M.; GIL, A.; LABAYEN, I.; RENSEN, P. C. N.; RUIZ, J. R.; MARTINEZ-TELLEZ, B. Fecal microbiota composition is related to brown adipose tissue 18F-fluorodeoxyglucose uptake in young adults. *Journal of Endocrinological Investigation*, v. 46, n. 3, p. 567-576, 2023. Doi: 10.1007/s40618-022-01936-x.
- AMABEBE, E.; ROBERT, F. O.; AGBALALAH, T.; ORUBU, E. S. Microbial dysbiosis-induced obesity: role of gut microbiota in homoeostasis of energy metabolism. *British Journal of Nutrition*, v. 123, n. 10, p. 1127-1137, 2020. Doi: 10.1017/S0007114520000380
- ANDOY-GALVAN, J. A.; SRIRAM, S.; KIAT, T. J.; XIN, L. Z.; SHIN, W. J.; CHINNA, K. Obesogenic Environment in the medical field: First year findings from a five-year cohort study. *F1000Research*, v. 12, 2023. Doi: 10.12688/f1000research.125203.1.
- BARBER, C.; MEGO, M.; SABATER, C.; VALLEJO, F.; BENDEZU, R. A.; MASIH, M.; GUARNER, F.; ESPÍN, J. C.; MARGOLLES, A.; AZPIROZ, F. Differential effects of western and mediterranean-type diets on gut microbiota: A metagenomics and metabolomics approach. *Nutrients*, v. 13, n. 8, p. 2638, 2021. Doi: 10.3390/nu13082638.
- BASTINGS, J. J. A. J.; VENEMA, K.; BLAAK, E. E.; ADAM, T. C. Influence of the gut microbiota on satiety signaling. *Trends in Endocrinology & Metabolism*, v. 34, n. 4, p. 243-255, 2023. Doi: 10.1016/j.tem.2023.02.003.
- BEAM, A.; CLINGER, E.; HAO, L. Effect of diet and dietary components on the composition of the gut microbiota. *Nutrients*, v. 13, n. 8, p. 2795, 2021. Doi: 10.3390/nu13082795.
- BOR, B.; BEDREE, J. K.; SHI, W.; MCLEAN, J. S.; HE, X. Saccharibacteria (TM7) in the human oral microbiome. *Journal of Dental Research*, v. 98, n. 5, p. 500-509, 2019. Doi: 10.1177/0022034519831671.

BROWNING, K. N.; VERHEIJDEN, S.; BOECKXSTAENS, G. E. The vagus nerve in appetite regulation, mood, and intestinal inflammation. *Gastroenterology*, v. 152, n. 4, p. 730-744, 2017. Doi: 10.1053/j.gastro.2016.10.046.

BUSEBEE, B.; GHUSN, W.; CIFUENTES, L.; ACOSTA, A. Obesity: a review of pathophysiology and classification. In: *Mayo Clinic Proceedings*. Elsevier, v. 98, n. 12, p. 1842-1857, 2023. Doi: 10.1016/j.mayocp.2023.05.026.

CHANDA, W.; JIANG, H.; LIU, S. J. The ambiguous correlation of Blautia with obesity: A systematic review. *Microorganisms*, v. 12, n. 9, p. 1768, 2024. Doi: 10.3390/microorganisms12091768.

CLEMENTE-SUÁREZ, V. J.; BELTRÁN-VELASCO, A. I.; REDONDO-FLÓREZ, L.; MARTÍN-RODRÍGUEZ, A.; TORNERO-AGUILERA, J. F. Global impacts of western diet and its effects on metabolism and health: A narrative review. *Nutrients*, v. 15, n. 12, p. 2749, 2023. Doi: 10.3390/nu15122749.

CORBIN, K. D.; CARNERO, E. A.; DIRKS, B.; IGUDESMAN, D.; YI, F.; MARCUS, A.; DAVIS, L. T.; PRATLET, R. E.; RITTMANN, B. E.; KRAJMALNIK-BROWN, R.; SMITH, S. R. Host-diet-gut microbiome interactions influence human energy balance: a randomized clinical trial. *Nature Communications*, v. 14, n. 1, p. 3161, 2023. Doi: 10.1038/s41467-023-38778-x.

COSTABILE, G.; VETRANI, C.; BOZZETTO, L.; GIACCO, R.; BRESCIANI, L.; RIO, D. D.; VITALE, M.; PEPA, G. D.; BRIGHENTI, F.; RICCARDI, G.; RIVELLESE, A. A.; ANNUZZI, G. Plasma TMAO increase after healthy diets: results from 2 randomized controlled trials with dietary fish, polyphenols, and whole-grain cereals. *The American Journal of Clinical Nutrition*, v. 114, n. 4, p. 1342-1350, 2021. Doi: 10.1093/ajcn/nqab188.

DEGHAN, P.; FARHANGI, M. A.; NIKNIAZ, L.; NIKNIAZ, Z.; ASGHARI-JAFARABADI, M. Gut microbiota-derived metabolite trimethylamine N-oxide (TMAO) potentially increases the risk of obesity in adults: An exploratory systematic review and dose-response meta-analysis. *Obesity Reviews*, v. 21, n. 5, p. e12993, 2020. Doi: 10.1111/obr.12993.

EJTAHED, H. S.; ANGOORANI, P.; SOROUSH, A. R.; HASANI-RANJBAR, S.; SIADAT, S. D.; LARIJANI, B. Gut microbiota-derived metabolites in obesity: a systematic

review. *Bioscience of Microbiota, Food and Health*, v. 39, n. 3, p. 65-76, 2020. Doi: 10.12938/bmfh.2019-026.

ELIN, O.; BLUM, Y.; KASELA, S.; MEHRABIAN, M.; KUUSISTO, J.; KANGAS, A. J.; SOININEN, P.; WNAG, Z.; KORPELA, M. A.; HAZEN, S. L.; LAAKSO, M.; LUSIS, A. J. Relationships between gut microbiota, plasma metabolites, and metabolic syndrome traits in the METSIM cohort. *Genome Biology*, v. 18, p. 1-14, 2017. Doi: 10.1186/s13059-017-1194-2.

EVANS, M.; DAI, L.; AVESANI, C. M.; KUBLICKIENE, K.; STENVINKEL, P. The dietary source of trimethylamine N-oxide and clinical outcomes: an unexpected liaison. *Clinical Kidney Journal*, v. 16, n. 11, p. 1804-1812, 2023. Doi: 10.1093/ckj/sfado95.

FAN, S.; CHEN, S.; LIN, L. Research progress of gut microbiota and obesity caused by high-fat diet. *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology*, v. 13, p. 1139800, 2023. Doi: 10.3389/fcimb.2023.1139800.

FAQERAH, NOJOUR; WALKER, DANIEL; GERASIMIDIS, KONSTANTINOS. The complex interplay between diet and *Escherichia coli* in inflammatory bowel disease. *Alimentary Pharmacology & Therapeutics*, v. 58, n. 10, p. 984-1004, 2023. Doi: 10.1111/apt.17720.

FEIJÓO, LAURA; REY-BRANDARIZ, JULIA; GUERRA-TORTA, CARLA; CANDAL-PEDREIRA, CRISTINA; SANTIAGO-PÉREZ, MARÍA ISOLINA; RUANO-RAVINA, ALBERTO; PÉREZ-RÍOS, MÓNICA. Prevalence of obesity in Spain and its autonomous communities, 1987–2020. *Revista Española de Cardiología*, [S.l.], v. 76, n. 3, p. 174-181, mar. 2023. DOI: 77:819-2010.1016/j.rec.2024.03.015.

FRANCIS, H. M.; STEVENSON, R. J.; TAN, L. S.; EHRENFELD, L.; BYEON, S.; ATTUQUAYEFIO, T.; GUPTA, D.; LIM, C. K. Kynurenic acid as a biochemical factor underlying the association between Western-style diet and depression: A cross-sectional study. *Frontiers in Nutrition*, v. 9, p. 945538, 2022. Doi: 10.3389/fnut.2022.945538.

FUSCO, W.; LORENZO, M. B.; CINTONI, M.; PORCARI, S.; RINNINELLA, E.; KAITSAS, F.; LENER, E.; MELE, M. C.; GASBARRINI, A.; COLLADO, M. C.; CAMMAROTA, G.; IANIRO, G. Short-chain fatty-acid-producing bacteria: key components of the human gut microbiota.

Nutrients, v. 15, n. 9, p. 2211, 2023. Doi: 10.3390/nu15092211.

GALÉS, A.; HAMMAD, M.; PIÑA, I.L.; KULINSKI, J. Obesity and cardiovascular health. European Journal of Preventive Cardiology, v. 31, n. 8, p. 1026–1035, 2024. Doi: 10.1093/eurjpc/zwae025.

GILL, P. A., INNIS, S., KUMAGAI, T., RAHMAN, F. Z., & SMITH, A. The role of diet and gut microbiota in regulating gastrointestinal and inflammatory disease. Frontiers in Immunology, v.13, 2022. Doi: 10.3389/fimmu.2022.866059.

GOMES, A. C.; HOFFMANN, C.; MOTA, J. F. Gut microbiota is associated with adiposity markers and probiotics may impact specific genera. European Journal of Nutrition, v. 59, p. 1751-1762, 2020. Doi: 10.1007/s00394-019-02034-o.

GONG, H.; GAO, H.; REN, Q.; HE, J. The abundance of bifidobacterium in relation to visceral obesity and serum uric acid. Scientific Reports, v. 12, n. 1, p. 13073, 2022. Doi: 10.1038/s41598-022-17417-3.

GONG, J.; SHEN, Y.; ZHANG, H.; CAO, M.; GUO, M.; HE, J.; ZHANG, B.; XIAO, C. Gut microbiota characteristics of people with obesity by meta-analysis of existing datasets. Nutrients, v. 14, n. 14, p. 2993, 2022. Doi: 10.3390/nu14142993.

HACHEMI, I.; MUEEZ, U. D. Brown adipose tissue: activation and metabolism in humans. Endocrinology and Metabolism, v. 38, n. 2, p. 214-222, 2023. Doi: 10.3803/EnM.2023.1659.

HARDIN, B. I.; KEYES, D. Enterohormonal and microbiota pathophysiology of obesity. 2022. Acesso em: 02.10.2024. Disponível em <<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK578204/>>

HOU, K.; WU, Z. X.; CHEN, X. Y.; WANG, J. Q.; ZHANG, D.; XIAO, C.; ZHU, D.; KOYA, J. B.; WEI, L.; LI, J.; CHEN, Z. S. Microbiota in health and diseases. Signal Transduction and Targeted Therapy, v. 7, n. 1, p. 1-28, 2022. Doi: 10.1038/s41392-022-00974-4.

INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA (IBGE). Pesquisa Nacional de Saúde:

2019: atenção primária à saúde e informações antropométricas. Rio de Janeiro: IBGE, 2020. 66 p. ISBN 978-65-87201-25-2. Disponível em: <<https://www.pns.icict.fiocruz.br/volumes-ibge/>>

JIAN, C.; LUUKKONEN, P.; SÄDEVIRTA, S.; YKI-JÄRVINEN, H.; SALONEN, A. Impact of short-term overfeeding of saturated or unsaturated fat or sugars on the gut microbiota in relation to liver fat in obese and overweight adults. Clinical Nutrition, v. 40, n. 1, p. 207-216, 2021. Doi: 10.1016/j.clnu.2020.05.008.

JU, T.; BOURRIE, B.C.T.; FORGIE, A.J.; PEPIN, D.M.; TOLLENAAR, S.; SERGI, C.M.; WILLING, B.P. The gut commensal Escherichia coli aggravates high-fat-diet-induced obesity and insulin resistance in mice. Applied and Environmental Microbiology, v. 89, n. 3, p. e01628-22, 2023. Doi: 10.1128/aem.01628-22.

KANG, G. G.; TREVASKIS, N. L.; MURPHY, A. J.; FEBBRAIO, M. A. Diet-induced gut dysbiosis and inflammation: key drivers of obesity driven NASH. Science, v. 26 p. 105905, 2022. Doi: 10.116/j.isci.2022.105905.

LI, X.; XUE, Q.; MA, H.; CHAMPAGNE, C. M.; BRAY, G. A.; SACKS, F. M.; QI, L. Genetically determined gut microbial abundance and 2-year changes in central adiposity and body composition: The POUNDS lost trial. Clinical Nutrition, v. 41, n. 12, p. 2817-2824, 2022. Doi: 10.1016/j.clnu.2022.11.002.

LI, X.; ZHANG, B.; HU, Y.; ZHAO, Y. New insights into gut-bacteria-derived indole and its derivatives in intestinal and liver diseases. Frontiers in Pharmacology, v. 12, p. 769501, 2021. Doi: 10.3389/fphar.2021.769501.

LIU, X.; MAO, B.; GU, J.; WU, J.; CUI, S.; WANG, G.; ZHAO, J.; ZHANG, H.; CHEN, W. Blautia - a new functional genus with potential probiotic properties? Gut Microbes, v. 13, n. 1, p. 1875796, 2021. Doi: 10.1080/19490976.2021.1875796.

LOU, X.; LI, P.; LUO, X.; LEI, Z.; LIU, X.; LIU, Y.; GAO, L.; XU, W.; LIU, X. Dietary patterns interfere with gut microbiota to combat obesity. Frontiers in Nutrition, v. 11, p. 1387394, 2024. Doi: 10.3389/fnut.2024.1387394.

MAGNE, F.; GOTTELAND, M.; GAUTHIER, L.; ZAZUETA, A.; PESOA, S.; NAVARRETE, P.; BALAMURUGAN, R. The firmicutes/bacteroidetes ratio: a relevant marker of gut

dysbiosis in obese patients? *Nutrients*, v. 12, n. 5, p. 1474, 2020. Doi: 10.3390/nu12051474.

MALESZA, I. J.; MALESZA, M.; WALKOWIAK, J.; MUSSIN, N.; WALKOWIAK, D.; ARINGAZINA, R.; Bartkowiak-Wieczorek, J.; MĄDRY, E. High-fat, western-style diet, systemic inflammation, and gut microbiota: a narrative review. *Cells*, v. 10, n. 11, p. 3164, 2021. Doi: 10.3390/cells10113164.

MORIGNY, P.; HOUSSIER, M.; MOUISEL, E., & LANGIN, D. Adipocyte lipolysis and insulin resistance. *Biochimie*, v. 125, p. 259-266, 2016. Doi: 10.1016/j.biochi.2015.10.024.

NATIVIDAD, J.M.; LAMAS, B.; PHAM, H.P.; MICHEL, M.L.; RAINTEAU, D.; BRIDONNEAU, C.; COSTA, G.D.; VLIEG, J.V.H.; SOVRAN, B.; CHAMIGNON, C.; PLANCHAINS, J.; RICHARD, M.L.; LANGELLA, P.; VEIGA, P.; SOKOL, H. *Bilophila wadsworthia* aggravates high fat diet induced metabolic dysfunctions in mice. *Nature Communications*, v. 9, n. 1, p. 2802, 2018. Doi: 10.1038/s41467-018-05249-7.

NOGACKA, A. M.; DE LOS REYES-GAVILÁN, C. G.; MARTÍNEZ-FAEDO, C.; RUAS-MADIEDO, P.; SUAREZ, A.; MANCABELLI, L.; VENTURA, M.; CIFUENTES, A.; LEÓN, C.; GUEIMONDE, M.; SALAZAR, N. Impact of Extreme Obesity and Diet-Induced Weight Loss on the Fecal Metabolome and Gut Microbiota. *Molecular Nutrition & Food Research*, v. 65, n. 5, p. 2000030, 2021. Doi: 10.1002/mnfr.202000030.

ORGANIZAÇÃO MUNDIAL DA SAÚDE - OMS. Obesidade e sobre peso. Acesso em: 11.09.2024. Disponível em <<https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/obesity-and-overweight>>

PALMAS, V.; PISANU, S.; MADAU, V.; CASULA, E.; DELEDDA, A.; CUSANO, R.; UVA, P.; VASCCELLARI, S.; LOVISELLI, A.; MANZIN, A.; VELLUZZI, F. Gut microbiota markers associated with obesity and overweight in Italian adults. *Scientific Reports*, v. 11, n. 1, p. 5532, 2021. Doi: o.1038/s41598-021-84928-w.

PAPANDREOU, C.; MORÉ, M.; BELLAMINE, A. Trimethylamine N-oxide in relation to cardiometabolic health-cause or effect? *Nutrients*, v. 12, n. 5, p. 1330, 2020. Doi: 10.3390/nu12051330.

PINART, M.; DÖTSCH, A.; SCHLICHT, K.; LAUDES, M.; BOUWMAN, J.; FORSLUND, S. K.; PISCHON T.; NIMPTSCH, K. Gut microbiome composition in obese and non-obese persons: a systematic review and meta-analysis. *Nutrients*, v. 14, n. 1, p. 12, 2021. Doi: 10.3390/nu14010012.

PORTINCASA, P.; BONFRATE, L.; VACCA, M.; DE ANGELIS, M.; FARELLA, I.; LANZA, E.; KHALIL, M.; WANG, D. Q. H.; SPERANDIO, M.; DI CIAULA, A. Gut microbiota and short chain fatty acids: implications in glucose homeostasis. *International journal of molecular sciences*, v. 23, n. 3, p. 1105, 2022. Doi: 10.3390/ijms23031105.

RINNINELLA, E.; TOHUMCU, E.; RAOUL, P.; FIORANI, M.; CINTONI, M.; MELE, M. C.; CAMMAROTA, G.; GASBARRINI, A.; IANIRO, G. The role of diet in shaping human gut microbiota. *Best Practice & Research Clinical Gastroenterology*, v. 62, p. 101828, 2023. Doi: 10.1016/j.bpg.2023.101828.

SANKARARAMAN, S.; NORIEGA, K.; VELAYUTHAN, S.; SFERRA, T.; MARTINDALE, R. Gut microbiome and its impact on obesity and obesity-related disorders. *Current Gastroenterology Reports*, v. 25, n. 2, p. 31-44, 2023. Doi: 10.1007/s11894-022-00859-0.

SARMIENTO-ANDRADE, Y.; SUÁREZ, R.; QUINTERO, B.; GARROCHAMBA, K.; CHAPELA, S. P. Gut microbiota and obesity: new insights. *Frontiers in Nutrition*, v. 9, p. 1018212, 2022. Doi: 10.3389/fnut.2022.1018212.

SEVERINO, A.; TOHUMCU, E.; TAMAI, L.; DARGENIO, P.; PORCARI, S.; RONDINELLA, D.; VENTURINI, I.; MAIDA, M.; GASBARRINI, A.; CAMMAROTA, G.; IANIRO, G. The microbiome-driven impact of Western diet in the development of noncommunicable chronic disorders. *Best Practice & Research Clinical Gastroenterology*, p. 101923, 2024. Doi: <https://doi.org/10.1016/j.bpg.2024.101923>.

SHI, Z. Gut microbiota: an important link between western diet and chronic diseases. *Nutrients*, v. 11, n. 10, p. 2287, 2019. Doi: 10.3390/nu1102287.

SHIN, J. H.; JUNG, S.; KIM, S. A.; KANG, M. S.; KIM, M. S.; JOUNG, H.; HWANG, G. S.; SHIN, D. M. Differential effects of typical Korean versus American-style diets on gut microbial composition and metabolic profile in

healthy overweight Koreans: a randomized crossover trial. *Nutrients*, v. 11, n. 10, p. 2450, 2019. Doi: 10.3390/nu11102450.

SINGH, R. K.; CHANG, H. W.; YAN, D. I.; LEE, K. M.; UCMAK, D.; WONG, K.; ABOUK, M.; FARAHNIK, M.; NAKAMURA, M.; ZHU, T. H.; BHUTANI, T.; LIAO, W. Influence of diet on the gut microbiome and implications for human health. *Journal of Translational Medicine*, v. 15, p. 1-17, 2017. Doi: 10.1186/s12967-017-1175-y.

SINGH, R.; ZOGG, H.; WEI, L.; BARTLETT, A.; GHOSHAL, U. C.; RAJENDER, S.; RO, S. Gut microbial dysbiosis in the pathogenesis of gastrointestinal dysmotility and metabolic disorders. *Journal of Neurogastroenterology and Motility*, v. 27, n. 1, p. 19, 2021. Doi: 10.5056/jnm20149.

SOUZA, M. T. D.; SILVA, M. D. D.; CARVALHO, R. D. Revisão integrativa: o que é e como fazer. *Einstein* (São Paulo), v. 8, p. 102-106, 2010. Doi: <https://doi.org/10.1590/S1679-45082010RW1134>.

SURIANO, F.; NYSTRÖM, E. E.; SERGI, D.; GUSTAFSSON, J. K. Diet, microbiota, and the mucus layer: The guardians of our health. *Frontiers in Immunology*, v. 13, p. 953196, 2022. Doi: 10.3389/fimmu.2022.953196.

TAKEUCHI, T.; KAMEYAMA, K.; MIYAUCHI, E.; NAKANISHI, Y.; KANAYA, T.; FUJII, T.; KATO, T.; SASAKI, T.; TACHIBANA, N.; NEGISHI, H.; MATSUI, M.; OHNO, H. Fatty acid overproduction by gut commensal microbiota exacerbates obesity. *Cell Metabolism*, v. 35, n. 2, p. 361-375. e9, 2023. Doi: 10.1016/j.cmet.2022.12.013.

TANG, Y.; PURKAYASTHA, S.; CAI, D. Hypothalamic microinflammation: a common basis of metabolic syndrome and aging. *Trends in Neurosciences*, v. 38, n. 1, p. 36-44, 2015. Doi: 10.1016/j.tins.2014.10.002.

VACCA, M.; CELANO, G.; CALABRESE, F. M.; PORTINCASA, P.; GOBBETTI, M.; DE ANGELIS, M. The controversial role of human gut lachnospiraceae. *Microorganisms*, v. 8, n. 4, p. 573, 2020. Doi: 10.3390/microorganisms8040573.

VAN HUL, M.; CANI, P. D. The gut microbiota in obesity and weight management: microbes as friends or foe? *Nature Reviews Endocrinology*, v. 19, n. 5, p. 258-271, 2023. Doi: 10.1038/s41574-022-00794-0.

WANG, Z.; BERGERON, N.; LEVISON, B. S.; LI, X. S.; CHIU, S.; JIA, X.; KOETH, R. A.; LI, L.; WU, Y.; TANG, W. H. W.; KRAUSS, R. M.; HAZEN, S. L. Impact of chronic dietary red meat, white meat, or non-meat protein on trimethylamine N-oxide metabolism and renal excretion in healthy men and women. *European Heart Journal*, v. 40, n. 7, p. 583-594, 2019. Doi: 10.1093/eurheartj/ehy799.

WIEST, R.; LAWSON, M.; GEUKING, M. Pathological bacterial translocation in liver cirrhosis. *Journal of Hepatology*, v. 60, n. 1, p. 197-209, 2014. Doi: 10.1016/j.jhep.2013.07.044.

WOLTERS, M.; AHRENS, J.; ROMANÍ-PÉREZ, M.; WATKINS, C.; SANZ, Y.; BENÍTEZ-PÁEZ, A.; STANTON, C.; GÜNTHER, K. Dietary fat, the gut microbiota, and metabolic health-A systematic review conducted within the MyNewGut project. *Clinical Nutrition*, v. 38, n. 6, p. 2504-2520, 2019. Doi: 10.1016/j.clnu.2018.12.024.

XIONG, R. G.; ZHOU, D. D.; WU, S. X.; HUANG, S. Y.; SAIMAITI, A.; YANG, Z. J.; SHANG, A.; ZHAO, C. N.; GAN, R. Y.; LI, H. B. Health benefits and side effects of short-chain fatty acids. *Foods*, v. 11, n. 18, p. 2863, 2022. Doi: 10.3390/foods11182863.

XU, Z.; JIANG, W.; HUANG, W.; LIN, Y.; CHAN, F. K.; NG, S. C. Gut microbiota in patients with obesity and metabolic disorders - A systematic review. *Genes & Nutrition*, v. 17, n. 1, p. 2, 2022. Doi: 10.1186/s12263-021-00703-6.

YAN, J.; WANG, L.; GU, Y.; HOU, H.; LIU, T.; DING, Y.; CAO, H. Dietary patterns and gut microbiota changes in inflammatory bowel disease: current insights and future challenges. *Nutrients*, v. 14, n. 19, p. 4003, 2022. Doi: 10.3390/nu14194003.

YU, F.; DU, Y.; LI, C.; ZHANG, H.; LAI, W.; LI, S.; YE, Z.; FU, W.; LI, S.; LI, X.; LUO, D. Association between metabolites in tryptophan-kynurenone pathway and inflammatory bowel disease: A two-sample Mendelian randomization. *Scientific Reports*, v. 14, n. 1, p. 201, 2024. Doi: 10.1038/s41598-023-50990-9.

ZENG, Q.; LI, D.; HE, Y.; LI, Y.; YANG, Z.; ZHAO, X.; LIU, H.; WANG, Y.; SUN, J.; FENG, X.; WANG, F.; CHEN, J.; ZHENG, Y.; YANG, Y.; SUN, X.; XU, X.; WANG, D.; KENNEY, T.; JIANG, Y.; GU, H.; LI, Y.; ZHOU, K.; LI, S.; DAI, W. Discrepant gut microbiota markers for the classification

of obesity-related metabolic abnormalities. *Scientific Reports*, v. 9, n. 1, p. 13424, 2019. Doi: 10.1038/s41598-019-49462-w.

ZHANG, Z.; TAYLOR, L.; SHOMMU, N.; GHOSH, S.; REIMER, R.; PANACCIONE, R.; KAUR, S.; HYUN, J. E.; CAI, C.; DEEHAN, E. C.; HOTTE, N.; MADSEN, K. L.; RAMAN, M. A diversified dietary pattern is associated with a balanced gut microbial composition of *Faecalibacterium* and *Escherichia/Shigella* in patients with Crohn's disease in remission. *Journal of Crohn's and Colitis*, v. 14, n. 11, p. 1547-1557, 2020. Doi: 10.1093/ecco-jcc/jaa084.

ZHANG, Y. J.; LI, S.; GAN, R. Y.; ZHOU, T.; XU, D. P.; LI, H. B. Impacts of gut bacteria on human health and diseases. *International Journal of Molecular Sciences*, v. 16, n. 4, p. 7493-7519, 2015. Doi: 10.3390/ijms16047493.

ZHU, C.; SAWREY-KUBICEK, L.; BEALS, E.; RHODES, C. H.; HOUTS, H. E.; SACCHI, R.; ZIVKOVIC, A. M. Human gut microbiome composition and tryptophan metabolites were changed differently by fast food and Mediterranean diet in 4 days: a pilot study. *Nutrition Research*, v. 77, p. 62-72, 2020. Doi: 10.1016/j.nutres.2020.03.005.

ZSÁLIG, D.; BERTA, A.; TÓTH, V.; SZABÓ, Z.; SIMON, K.; FIGLER, M.; PUSZTAFALVI, H.; POLYÁK, É. A review of the relationship between gut microbiome and obesity. *Applied Sciences*, v. 13, n. 1, p. 610, 2023. Doi: <https://doi.org/10.3390/app13010610>.

RECEBIDO:30.6.2025

ACEITO:28.8.2025

PUBLICADO: 29.8.2025