

PADRÃO ALIMENTAR OCIDENTALIZADO E MICROBIOTA INTESTINAL: UMA REVISÃO

Hellen Oliveira Rodrigues¹
Mirella Brasil Lopes²

RESUMO

A composição e atividade da microbiota relacionam-se com os processos biológicos que constituem a saúde e a doença humana. Pesquisas recentes sugerem que a microbiota intestinal pode ser afetada por diversas condições. Desse modo a proposta deste trabalho consiste em avaliar a associação entre o padrão alimentar ocidentalizado e alterações na microbiota intestinal, a partir de revisão narrativa embasada numa amostra de 11 artigos, encontrados em bases de dados. **Resultados:** Após análise de experimentos em humanos foi comprovado que a diversidade da microbiota intestinal é significativamente afetada pelos hábitos alimentares ocidentais. **Conclusão:** O consumo de dieta ocidentalizada é um dos principais fatores associados ao mecanismo de desequilíbrio da microbiota (disbiose).

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

INTRODUÇÃO

A consolidação do processo industrial, a distribuição no mercado em massa e o fortalecimento do *marketing* alimentício, foram os pioneiros para a modificação no perfil alimentar dos indivíduos, sendo os principais responsáveis pelo crescimento energético da dieta, em especial nos países ocidentais (BLEIL, 1998; MENDONÇA, ANJOS, 2004). As mudanças no padrão alimentar resultaram em consequências para a saúde humana, para as práticas sociais e para o ambiente (BIANCO; CASSIANO, 2009). Atualmente, a alimentação ocidentalizada (industrializada) caracteriza-se pelo excesso de produtos refinados; alto teor de gorduras saturada e trans; quantidades exageradas de açúcar e sódio; adição de aditivos químicos; maior oferta de alimentos com alta densidade calórica e menor valor nutritivo (POLLA, 2008; RODRIGUES, ARAÚJO, 2008).

A dieta ocidental vem sendo associada ao aumento da inflamação e alteração de padrões metabólicos, caracterizando-se como risco para o aparecimento de doenças crônicas, chamadas de distúrbios ocidentais, como a obesidade, diabetes *mellitus*, hipertensão arterial, doenças coronarianas e câncer. Além disso, estudos apontam que tais hábitos alimentares estão diretamente associados ao perfil da microbiota intestinal (RODRIGUES, ARAÚJO, 2008; PADIN et al, 2019; SOMMER et al, 2017).

¹ Execução da pesquisa: Nutricionista graduada pelo Centro Universitário Jorge Amado. E-mail: nutrihellenrodrigues@gmail.com

² Orientação: Nutricionista com Especialização em Nutrição Clínica, Mestre em Medicina e Saúde, Docente do Curso de Nutrição do Centro Universitário Jorge Amado.

A composição e atividade da microbiota relacionam-se com os processos biológicos que constituem a saúde e a doença humana (CHONG et al, 2019; DOMINGUEZ-BELLO et al, 2011; BLASER et al, 2014). Pesquisas recentes sugerem que a comunidade microbiana pode ser afetada por fatores ambientais como estresse, dieta, xenobióticos e estilo de vida. Tais fatores podem ocasionar em uma modificação na microbiota intestinal, sendo esta intitulada como disbiose (CHONG et al, 2019).

Disbiose é uma condição de desequilíbrio na composição da microbiota intestinal, onde há a alteração na proporção entre a quantidade de bactérias benéficas e bactérias maléficas (CHONG et al, 2019; ZHANG et al, 2015; LOPES, SANTOS, COELHO, 2017). Vale ressaltar que a alimentação é um dos fatores importantes que determina a nutrição e diversidade das bactérias no intestino (DOMINGUEZ-BELLO et al, 2011; ZHANG et al, 2015).

Portanto, torna-se relevante a caracterização das modificações ocorridas nos hábitos alimentares da população e suas consequências para a manutenção da homeostase da microbiota intestinal. Com base nisso, o objetivo desta pesquisa consiste em avaliar a associação entre o padrão alimentar ocidentalizado e alterações na microbiota intestinal.

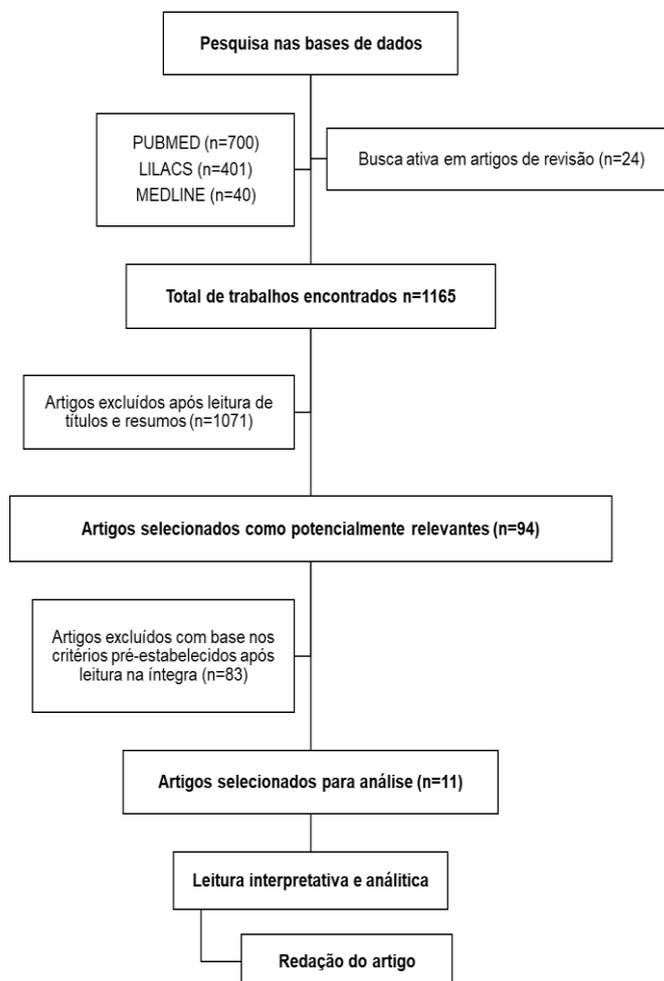
MÉTODOS

O estudo consiste de uma revisão narrativa acerca da relação entre o padrão alimentar ocidentalizado e microbiota intestinal, sendo utilizado para pesquisa dos artigos as bases de dados *National Library of Medicine* (PUBMED), Literatura Latino-Americana e do Caribe em Ciências da Saúde (LILACS) e *Online Medical Literature Search and Analysis System* (MEDLINE). Os descritores utilizados foram “microbiota intestinal”, “disbiose”, “alimentação”, “dieta ocidental”, “padrão alimentar” em seus respectivos correspondentes em inglês “*intestinal microbiota*”, “*dysbiosis*”, “*food*”, “*western diet*”, “*food pattern*”, fazendo o cruzamento entre eles por meio do termo booleano “*and*”. Além disso, foi realizada busca ativa nas referências disponíveis nos artigos de revisão.

Os critérios de seleção empregados foram estudos originais em humanos acerca da temática em pesquisa, no período de 2010 a 2019, em todos os idiomas e faixas etárias. Ao final das buscas, foram encontrados 1165 trabalhos. Após leitura seletiva dos títulos e resumos dos artigos foram excluídos os que não abordavam a questão alvo do estudo, restando 94 artigos. Estes foram lidos na íntegra, excluindo os textos que não atenderam aos critérios estabelecidos, obtendo-se uma amostra de 11 artigos, estes foram lidos de forma

interpretativa, realizando análise crítica, resumindo os resultados obtidos nas pesquisas com, posteriormente, redação do artigo (Figura 1).

Figura 1 – Caminho metodológico percorrido



Fonte: Elaborado pelas autoras.

RESULTADOS

No que se refere a experimentos em humanos, pesquisas comprovaram que a diversidade da microbiota intestinal é significativamente afetada pelos hábitos alimentares (Quadro 1 – ANEXO I). Um estudo que investigou a associação entre a pontuação do Índice de Alimentação Saudável (IES) em 2005 e a microbiota, demonstrou que uma pontuação mais baixa do IES (2005) estava associada à redução de bactérias benéficas e aumento potencial de bactérias prejudiciais à mucosa. A menor qualidade da dieta reduziu os gêneros *Roseburia* e *Parabacteroides* e associou-se ao aumento de *Fusobacterium*, responsável por induzir uma

resposta imune pró-inflamatória relacionada a doenças inflamatórias intestinais e câncer colorretal (LIU et al, 2019).

Um estudo de Qian e colaboradores (2018) verificou que indivíduos com dieta rica em gorduras apresentaram abundância significativamente maior de *Prevotella* e *Abiotrophia* e menor abundância de *Gemmiger*, *Akkermansia*, *Rothia*, *Bacteroides*, *Coproacter* e *Asteroleplasma* em comparação ao grupo de indivíduos com dieta de baixo teor de gorduras (QIAN et al, 2018).

Garcia-Mantrana e colaboradores (2018) encontraram resultados semelhantes. Neste estudo, percebeu-se, ainda, que a maior ingestão de proteína animal e gordura saturada foi relacionada a uma presença significativamente inferior de *Parabacteroides* e *Butyricimona*. Além disso, níveis mais baixos de *Butyricimonas* foram associados a ingestão de açúcares simples (GARCIA-MANTRANA, 2018). Entretanto, uma pesquisa de Wu e colaboradores (2011) contrapõem tais achados, onde o consumo de gorduras saturadas e proteína animal aumentou os níveis do enterótipo *Bacteroides*.

Shankar e colaboradores (2017) observaram que as espécies como *Ruminococcus*, *Coprococcus* e *Blautia* foram mais abundantes em indivíduos norte americanos (padrão alimentar ocidental) em comparação com os egípcios (dieta mediterrânea). Outro estudo comparando o padrão da microbiota de indivíduos africanos (alimentação natural) e italianos (dieta industrializada) verificou que o consumo de uma dieta ocidental está rapidamente limitando o potencial adaptativo da microbiota e sua diversidade, visto que, os indivíduos africanos apresentaram uma maior diversidade de microrganismos benéficos produtores de ácidos graxos de cadeia curta (DE FILIPPO, 2010).

O estudo de Simões e colaboradores (2013), que avaliou o efeito da dieta ocidental na composição a microbiota intestinal de gêmeos monozigóticos, identificou que indivíduos com alto consumo calórico apresentaram um número substancialmente menor de *Bacteroides* e um número consideravelmente maior de *Bifidobactérias* do que indivíduos com menor consumo de energia (SIMÕES et al, 2013).

Outras pesquisas também comprovaram que o padrão alimentar está diretamente associado a diversidade da microbiota intestinal. Uma pesquisa que avaliou o efeito da ingestão de grãos integrais (GI) e grãos refinados (GR) na microbiota demonstrou que o consumo de GR, comum no padrão ocidental, diminuiu a abundância de *Enterobacteriaceae* e *Firmicutes*. Enquanto que o consumo de GI aumentou na abundância de *Roseburia* e *Bacteroidetes* (VANEGAS et al, 2017).

Um estudo, que avaliou 517 indivíduos, mostrou que o padrão alimentar não se associou a medidas de diversidade alfa, mas as medidas de diversidade beta foram significativamente associadas a padrões ocidentais (SHIKANY et al, 2019). A diversidade alfa reflete o número de espécies presente. Enquanto que a diversidade beta corresponde a proporção entre as abundâncias de diferentes espécies (HARRISON; LAVERTY; STERLING, 2004). Ainda foi comprovado que indivíduos que consumiam uma dieta ocidentalizada apresentaram abundância positiva às famílias Mogibacteriaceae e Veillonellaceae e gêneros Alistipes, Anaerotruncus, Collinsella, Coprobacillus, Desulfovibrio, Dorea, Eubacterium e Ruminococcus (SHIKANY et al, 2019). Já Partula e colaboradores (2019) verificaram que a alimentação típica ocidental foi associada negativamente à diversidade alfa, sugerindo que dieta ocidental e um consumo reduzido de fibras alimentares pode ser um dos principais fatores de redução da diversidade da microbiota e ocorrência de disbiose (PARTULA et al, 2019).

Davis e colaboradores (2017) certificaram que o tipo de dieta apresenta um impacto maior na diversidade da microbiota do que um aumento do IMC. Além disso, foi demonstrado que os hábitos alimentares a longo prazo podem causar alterações mais duradouras na microbiota (DAVIS et al, 2017).

DISCUSSÃO

O intestino humano é uma estrutura complexa e considerada como um nicho biológico, nele vive um conjunto de mais de 2000 espécies de bactérias, denominada de microbiota intestinal. A microbiota está distribuída em dois filos principais: Firmicutes (mais abundante) e Bacteroidetes (CHONG et al, 2019; PASSOS, MOARES FILHO, 2017). Apesar disso, outros filos também são encontrados como Actinobacteria, Proteobacteria, Fusobacteria e Verrucomicrobia (BASAIN VALDÉS et al, 2015; KLINGBEIL, DE LA SERRE, 2018).

A microbiota intestinal participa de uma gama de funções metabólicas necessárias ao corpo, entre elas: recuperação de energia da dieta, através do uso de compostos não digeríveis (degradação de polissacarídeos não digeríveis da dieta) e regulação do armazenamento da energia obtida, síntese de vitaminas, absorção de micronutrientes, estímulo do sistema imunológico e participação no efeito protetor da barreira intestinal. Contudo, tais processos só acontecem de forma adequada quando há um equilíbrio microbiano, denominado de simbiose (BASAIN VALDÉS et al, 2015; HUANG, LIU, 2019).

Quando há um desequilíbrio na composição, diversidade e atividade da microbiota, com aumento das bactérias patogênicas e diminuição das bactérias benéficas, o hospedeiro encontra-se com disbiose. A disbiose é uma condição clínica que leva à redução da integridade da barreira intestinal (BASAIN VALDÉS et al, 2015). É sabido, atualmente, que diversos fatores podem levar a disbiose intestinal, estudos em humanos e animais revelaram que o perfil da dieta é um dos principais motivos (ZHANG; YANG, 2016).

O padrão alimentar do indivíduo determina os nutrientes disponíveis para a microbiota, por isso alterações na disponibilidade de nutrientes favorece o crescimento de algumas espécies e redução de outras, resultando em alterações na composição da microbiota (CHASSAING; VIJAY-KUMAR; GEWIRTZ, 2017).

A dieta ocidental tem sido amplamente associada a disbiose, por levar a menor diversidade microbiana e alteração na riqueza e padrão da microbiota (WU et al, 2011). Os hábitos alimentares ocidentais são caracterizados pelo alto consumo de calorias, gorduras, açúcares simples, proteína animal e aditivos alimentares (LAUDISI; STOLFI; MONTELEONE, 2019).

Evidências afirmam que o padrão alimentar ocidental perturba a homeostase intestinal, resultando em alterações nas reações bioquímicas no lúmen. Acredita-se que as espécies microbianas consideradas “saudáveis” utilizam vias metabólicas alternativas induzindo a efeitos negativos em decorrência da resposta inflamatória causada pelo excesso de energia e gorduras dos alimentos industrializados (DAVIS et al, 2017; CHASSAING, VIJAY-KUMAR, GEWIRTZ, 2017). Apesar dos mecanismos, pelos quais a alimentação ocidental altera a composição microbiana, não sejam bem definidos, sabe-se que os macronutrientes favorecem o crescimento e desenvolvimento de bactérias específicas responsáveis pelo seu metabolismo. Esse processo desempenha papel central na estrutura da comunidade da microbiota intestinal, visto que, conforme o hospedeiro se expõe a ingestão excessiva de calorias e macronutrientes, a diversidade microbiana altera, a fim de suprir a necessidade de metabolizar os mesmos. Entretanto, maiores experimentos são necessários para obter resultados mais concretos, compreendendo as inter-relações entre o perfil da dieta e a composição da microbiota intestinal (CHASSAING, VIJAY-KUMAR, GEWIRTZ, 2017; SONNENBURG, BÄCKHED, 2016).

Embora os estudos apresentem diferentes métodos e nem sempre trazem resultados coincidentes, a maioria das pesquisas confirma a hipótese de que o consumo de dietas ricas em calorias, gordura, proteína animal e açúcares simples, característico do padrão ocidental,

leva a disbiose pela redução na quantidade e diversidade da microbiota intestinal (BASAIN VALDÉS, et al, 2015; MOLENDIJK, VAN DER MAREL, MALJAARS, 2019). A menor qualidade da dieta associou-se, principalmente, ao aumento de bactérias do filo Bacteroidetes, que em condições de simbiose encontra-se em menor proporção, enquanto reduziu a diversidade dos enterótipos intestinais benéficos (MOLENDIJK, VAN DER MAREL, MALJAARS, 2019; DAVID et al, 2014).

Os estudos afirmam que a disbiose promove alteração na integridade da barreira intestinal, com desenvolvimento de endotoxemia metabólica caracterizada pelo aumento sérico de endotoxinas, os lipopolissacarídeos (LPS), desencadeando um estado de inflamação sistêmica de baixo grau. As concentrações sanguíneas de LPS sofrem influência relevante da microbiota intestinal, principalmente das bactérias gram-negativas, como as do filo Bacteroidetes. Elas apresentam os LPS em sua superfície celular e eles agem como antígenos, estimulando uma resposta imune do hospedeiro (BASAIN VALDÉS, et al, 2015; MORAES et, 2014).

No mais, esta temática ainda é algo a ser mais explorado, pois mudanças na alimentação podem ter efeitos variáveis nos indivíduos, devido à natureza individualizada da microbiota intestinal. Além disso, grande parte dos estudos não podem ser comparados entre si, em decorrência das diferentes metodologias empregadas, do tamanho da amostra e da espécie estudada. A maioria dos estudos na literatura são em animais, além da falta de padronização da microbiota considerada simbiótica e da composição da dieta. Ademais, os estudos necessitam ser confirmados em uma escala mais robusta, os mecanismos pelos quais ocorre alterações na diversidade e riqueza da microbiota precisam ser esclarecidos e um padrão mais específico da quantidade de alimentos consumida a ponto de causar disbiose é necessário ser elucidado.

CONCLUSÃO

Os padrões dietéticos têm efeito mensurável na regulação da simbiose intestinal. A microbiota intestinal vem sendo alvo de estudos científicos devido à sua influência em mecanismos que favorecem a saúde ou a doença. As pesquisas, atualmente, buscam elucidar os mecanismos que interferem na composição da comunidade microbiana. Estudos em humanos apontam que a dieta ocidentalizada, principalmente no que se refere ao teor excessivo de gorduras, altera a diversidade da microbiota. Além disso, a disbiose induzida por hábito alimentar ocidental afeta a integridade da mucosa, prejudicando a sua permeabilidade.

Por outro lado, para melhor compreensão dos mecanismos associados a disbiose e dieta ocidentalizada torna-se de suma importância investigações mais aprofundadas, a fim de delinear abordagens clínicas específicas baseadas na microbiota intestinal.

REFERÊNCIAS

- BASAIN VALDÉS, José María et al. Alteraciones en la microbiota intestinal por la dieta y su repercusión en la génesis de la obesidad. **Medisan**, v. 19, n. 12, p. 1536-1546, 2015.
- BIANCO, André Luiz; CASSIANO, Ana Carolina Ribeiro Lobo de. Superalimentados, mas subnutridos: um diagnóstico do sistema alimentar industrial. **Ambiente & Sociedade**, v. 12, n. 1, p. 203-206, 2009.
- BLASER, Martin J. et al. The microbiome revolution. **The Journal of clinical investigation**, v. 124, n. 10, p. 4162-4165, 2014.
- BLEIL, Susana Inez. O padrão alimentar ocidental: considerações sobre a mudança de hábitos no Brasil. **Cadernos de Debate**, v. 6, n. 1, p. 1-25, 1998.
- CHASSAING, Benoit; VIJAY-KUMAR, Matam; GEWIRTZ, Andrew T. How diet can impact gut microbiota to promote or endanger health. **Current opinion in gastroenterology**, v. 33, n. 6, p. 417, 2017.
- CHONG, Pei Pei et al. The microbiome and irritable bowel syndrome—a review on the pathophysiology, current research and future therapy. **Frontiers in microbiology**, v. 10, p. 1136, 2019.
- DAVID, Lawrence A. et al. Diet rapidly and reproducibly alters the human gut microbiome. **Nature**, v. 505, n. 7484, p. 559-563, 2014.
- DAVIS, Shannon C. et al. Gut microbiome diversity influenced more by the Westernized dietary regime than the body mass index as assessed using effect size statistic. **Microbiologyopen**, v. 6, n. 4, p. e00476, 2017.
- DE FILIPPO, Carlotta et al. Impact of diet in shaping gut microbiota revealed by a comparative study in children from Europe and rural Africa. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v. 107, n. 33, p. 14691-14696, 2010.
- DOMINGUEZ-BELLO, Maria Gloria et al. Development of the human gastrointestinal microbiota and insights from high-throughput sequencing. **Gastroenterology**, v. 140, n. 6, p. 1713-1719, 2011.
- GARCIA-MANTRANA, Izaskun et al. Shifts on gut microbiota associated to mediterranean diet adherence and specific dietary intakes on general adult population. **Frontiers in microbiology**, v. 9, p. 890, 2018.
- HARRISON I; LAVERTY M; STERLING E. Alpha, Beta e Gamma Diversity. **OpenStax CNX**. 2004. Disponível em: <http://cnx.org/contents/b7c8bf78-7538-41bd-a603-bf3ada1631f1@2>. Acesso em: 20 nov. 2019.
- HUANG, Pan; LIU, Yi. A reasonable diet promotes balance of intestinal microbiota: prevention of precolorectal cancer. **BioMed research international**, v. 2019, 2019.
- KLINGBEIL, Elizabeth; DE LA SERRE, Claire B. Microbiota modulation by eating patterns and diet composition: impact on food intake. **American Journal of Physiology-Regulatory, Integrative and Comparative Physiology**, v. 315, n. 6, p. R1254-R1260, 2018.
- LAUDISI, Federica; STOLFI, Carmine; MONTELEONE, Giovanni. Impact of food additives on gut homeostasis. **Nutrients**, v. 11, n. 10, p. 2334, 2019.
- LIU, Yanhong et al. Dietary quality and the colonic mucosa-associated gut microbiome in humans. **The American journal of clinical nutrition**, v. 110, n. 3, p. 701-712, 2019.

- LOPES, C. L. R.; SANTOS, G. M.; COELHO, F. O. A. M. A prevalência de sinais e sintomas de disbiose intestinal em pacientes de uma clínica em Teresina-PI. **Ciência & Desenvolvimento-Revista Eletrônica da FAINOR**, v. 10, n. 3, p. 280-292, 2017.
- MENDONÇA, Cristina Pinheiro; ANJOS, Luiz Antonio dos. Aspectos das práticas alimentares e da atividade física como determinantes do crescimento do sobrepeso/obesidade no Brasil. **Cadernos de Saúde Pública**, Rio de Janeiro, v. 20, p. 698-709, 2004.
- MOLENDIJK, Ilse; VAN DER MAREL, Sander; MALJAARS, P. W. Towards a food pharmacy: immunologic modulation through diet. **Nutrients**, v. 11, n. 6, p. 1239, 2019.
- MORAES, Ana Carolina Franco de et al. Microbiota intestinal e risco cardiometabólico: mecanismos e modulação dietética. **Arquivos Brasileiros de Endocrinologia & Metabologia**, v. 58, p. 317-327, 2014.
- PADIN, Avelina C. et al. A proinflammatory diet is associated with inflammatory gene expression among healthy, non-obese adults: Can social ties protect against the risks?. **Brain, behavior, and immunity**, v. 82, p. 36-44, 2019.
- PARTULA, Valentin et al. Associations between usual diet and gut microbiota composition: results from the Milieu Intérieur cross-sectional study. **The American journal of clinical nutrition**, v. 109, n. 5, p. 1472-1483, 2019.
- PASSOS, Maria do Carmo Friche; MORAES-FILHO, Joaquim Prado. Intestinal microbiota in digestive diseases. **Arquivos de gastroenterologia**, v. 54, p. 255-262, 2017.
- POLLAN, Michael. **Em defesa da comida: um manifesto**. Tradução de: Adalgisa Campos da Silva. Rio de Janeiro: Intrínseca. 2008.
- QIAN, Leimin et al. Association analysis of dietary habits with gut microbiota of a native Chinese community. **Experimental and therapeutic medicine**, v. 16, n. 2, p. 856-866, 2018.
- RODRIGUES, Mariana Aparecida. ARAÚJO, Eliana Pereira de. A avaliação do impacto da dieta ocidental sobre o IMC de usuárias do SUS do município de Piracicaba. Universidade Metodista de Piracicaba (UNIMEP), Piracicaba, 2008.
- SHANKAR, V. et al. Differences in gut metabolites and microbial composition and functions between Egyptian and US children are consistent with their diets. **Msystems**, v. 2, n. 1, p. e00169-16, 2017.
- SHIKANY, James M. et al. Association of dietary patterns with the gut microbiota in older, community-dwelling men. **The American journal of clinical nutrition**, v. 110, n. 4, p. 1003-1014, 2019.
- SIMOES, Catarina D. et al. Habitual dietary intake is associated with stool microbiota composition in monozygotic twins. **The Journal of nutrition**, v. 143, n. 4, p. 417-423, 2013.
- SOMMER, Felix et al. The resilience of the intestinal microbiota influences health and disease. **Nature Reviews Microbiology**, v. 15, n. 10, p. 630-638, 2017.
- SONNENBURG, Justin L.; BÄCKHED, Fredrik. Diet-microbiota interactions as moderators of human metabolism. **Nature**, v. 535, n. 7610, p. 56-64, 2016.
- VANEGAS, Sally M. et al. Substituting whole grains for refined grains in a 6-wk randomized trial has a modest effect on gut microbiota and immune and inflammatory markers of healthy adults. **The American journal of clinical nutrition**, v. 105, n. 3, p. 635-650, 2017.
- WU, Gary D. et al. Linking long-term dietary patterns with gut microbial enterotypes. **Science**, v. 334, n. 6052, p. 105-108, 2011.
- ZHANG, Mei; YANG, Xiao-Jiao. Effects of a high fat diet on intestinal microbiota and gastrointestinal diseases. **World journal of gastroenterology**, v. 22, n. 40, p. 8905, 2016.
- ZHANG, Yu-Jie et al. Impacts of gut bacteria on human health and diseases. **International journal of molecular sciences**, v. 16, n. 4, p. 7493-7519, 2015.

ANEXO I

QUADRO 1 – Resultados dos Estudos sobre Dieta Ocidentalizada e Mudanças na Microbiota em Humanos

Autor / País	Tipo de estudo	n (amostra)	Objetivo	Principais achados
Liu et al. / Estados Unidos (13)	Transversal	34 homens (50 a 75 anos)	Investigar as associações entre o IES 2005 e a microbiota associada à mucosa colônica	<ol style="list-style-type: none"> 1. Pontuação mais baixa do IES 2005 associou-se à redução de bactérias benéficas e aumento de bactérias prejudiciais; 2. Maior qualidade da dieta (pontuação alta no IES 2005 >70): boa relação com Alistipes, Barnesiella, Bifidobacterium, Fusicatenibacter e Odoribacter; 3. Menor qualidade da dieta (pontuação baixa no IES 2005 <70): redução de Roseburia e Parabacteroides. E aumento de Fusobacteria e Fusobacterium.
Qian et al. / China (14)	Transversal	29 indivíduos com risco de sobrepeso e obesidade (45 a 65 anos)	Comparar o consumo de gordura com o perfil da microbiota intestinal	<ol style="list-style-type: none"> 1. DRG: maior abundância de Prevotella e Abiotrophia. E menor de Bacteroides, Gemmiger, Akkermansia, Rothia, Bacteroides, Coprobacter e Asteroleplasma; 2. DPG: maior abundância de Bacteroidaceae, Bacteroides e Clostridium, Alistipes; 3. Bacteroidetes foi o filo mais predominante 58,76% da microbiota nos grupos DRG, seguidos por Firmicutes, que contribuiu com 32,0.
Garcia-Mantrana et al. / Espanha (15)	Transversal	27 indivíduos saudáveis (média de idade de 39,5 anos)	Determinar o efeito de compostos nutricionais, bem como a adesão a um padrão alimentar, como a dieta mediterrânea no microbioma intestinal	<ol style="list-style-type: none"> 1. Alto consumo de proteína animal, gorduras saturadas e açúcares afetou a diversidade da microbiota intestinal; 2. O grupo predominante mais a nível filo foi Firmicutes (77,31%), seguido de Bacteroides (15,86%). Ao nível da família, a população bacteriana mais predominante pertencia ao Ruminococcaceae (37,97%) e Lachnospiraceae (21,78%); 3. Consumo de proteínas e gorduras animais: menor abundância relativa de Parabacteroides e Butyricimonas; 4. Consumo de açúcares simples: níveis mais baixos de Butyricimonas; Padrão alimentar ocidental: diminuição na riqueza e diversidade microbiana.

Wu et al. / Estados Unidos (16)	Transversal	98 indivíduos saudáveis	Investigar a associação de variáveis alimentares e ambientais com a microbiota intestinal	<ol style="list-style-type: none"> 1. Gordura saturada e proteína animal: aumentou Bacteroides 2. Carboidratos (vegetais): aumentou Prevotella <p>Os filos associados positivamente à gordura, mas associados negativamente à fibra, foram predominantemente Bacteroidetes e Actinobactérias, enquanto Firmicutes e Proteobacteria apresentaram associação oposta.</p>
Shankar et al. / Estados Unidos (17)	Caso controle / Transversal	42 adolescentes do sexo masculino (28 egípcios e 14 norte-americanos)	Descobrir possíveis relações entre a microbiota intestinal humana e as dietas consumidas	<ol style="list-style-type: none"> 1. NA: maior abundância de Ruminococcus, Bilophila, Coprococcus, Blautia, Bacteroides; 2. EG: maior abundância de Prevotella, Megasphaera, Eubacterium, Mitsuokella e Catenibacterium, degradantes de polissacarídeos, Catenibacterium e Mitsuokella, mas não nas amostras da coorte de crianças norte-americanas; 3. Akkermansia e Faecalibacterium foi 1,5 a 4 vezes maior nas amostras NA.
De Filippo et al. / Itália (18)	Caso controle	29 crianças saudáveis (1 a 6 anos): 14 crianças da vila rural de Boulpon, distrito de Nanoro, província de Boulkiemde, Burkina Faso + 15 crianças de Florença, Itália	Comparar o perfil da microbiota de crianças africanas e europeias de padrões alimentares diferentes	<ol style="list-style-type: none"> 1. IA: maior abundância de Actinobacteria e Bacteroidetes do que nos indivíduos II (10,1% versus 6,7% e 57,7% versus 22,4%, respectivamente); 2. II: maior abundância de Firmicutes e Proteobacteria quando comparados a IA (63,7% versus 27,3% e 6,7% versus 0,8%, respectivamente); 3. Dieta ocidental: limita o potencial adaptativo e a diversidade da microbiota intestinal; 4. IA: maior diversidade microbiana; 5. A dieta tem um papel dominante sobre outras possíveis variáveis na modulação da microbiota intestinal.
Simões et al. / Finlândia (19)	Transversal	20 pares de gêmeos monozigóticos finlandeses saudáveis	Caracterizar a microbiota de gêmeos monozigóticos e o efeito da dieta	<ol style="list-style-type: none"> 1. A dieta desempenha um papel importante na modulação da microbiota; 2. Alto consumo de energia: número significativamente menor de Bacteroides e um número ligeiramente maior de Bifidobactérias; <p>Ingestão de gordura saturada afeta a diversidade de Bacteroides, segmentando linhagens específicas dentro do mesmo grupo.</p>

Vanegas et al. / Estados Unidos (20)	Ensaio clínico randomizado	81 indivíduos (40 a 65 anos): 40 receberam dieta GR e 41 dieta GI	Avaliar o efeito dos GR em comparação com os GI na microbiota intestinal	<p>1. Ingestão de GI: abundância maior de Bacteroidetes;</p> <p>Ingestão de GR: aumento na abundância de Roseburia e Firmicutes.</p>
Shikany et al. / Estados Unidos (21)	Transversal	517 homens (>65 anos)	Investigar a associação de padrões alimentares com a composição e diversidade da microbiota intestinal	<p>1. Padrões alimentar ocidental: associado a medidas de diversidade beta;</p> <p>Gêneros intestinais mais comuns: Bacteroides, Faecalibacterium e Clostridiales.</p>
Partula et al. / França (13)	Transversal	862 adultos saudáveis	Explorar as associações entre dieta usual e composição da microbiota intestinal adultos franceses	<p>1. Alimentação saudável: associada positivamente à diversidade alfa;</p> <p>2. Frituras, refrigerantes ou bebidas açucaradas, produtos gordurosos, doces, carnes processadas, refeições prontas: associados negativamente à diversidade alfa;</p> <p>3. Dieta ocidental e consumo reduzido de fibras: um dos principais fatores de redução da diversidade e disbiose.</p>
Davis et al. / Estados Unidos (24)	Transversal	81 indivíduos com excesso de peso (média de IMC 28,3)	Investigar a composição da microbiota em relação ao IMC, categorias alimentares e grupos alimentares	<p>1. O tipo de dieta (10,22) apresenta maior impacto que o aumento do IMC (10,16);</p> <p>2. Hábitos alimentares a longo prazo: alterações mais duradouras;</p> <p>3. 53% consumia dieta ocidental.</p>

IES 2005: Índice de Alimentação Saudável 2005

DRG: Dieta Rica em Gorduras / DPG: Dieta com Pouca Gordura

NA: Indivíduos Norte-Americanos / EG: Indivíduos Egípcios

IA: Indivíduos Africanos / II: Indivíduos Italianos

GR: Grãos Refinados / GI: Grãos Integrais

IMC: Índice de Massa Corporal