

**A INFLUÊNCIA DA DIETA NA COMPOSIÇÃO DA MICROBIOTA INTESTINAL EM OBESOS:
UMA REVISÃO**Jessica Lorenz¹Denise Ruttko Dillenburg Osorio²**RESUMO**

Introdução e objetivo: O combate à obesidade assim como às doenças crônicas relacionadas, tem sido um desafio de saúde pública. O papel da microbiota intestinal (MI) na incidência e gravidade deste distúrbio metabólico tem sido evidenciado. O presente estudo avaliou a influência da dieta na composição da MI associada à obesidade. **Materiais e Métodos:** Foi realizada uma revisão da literatura com busca nas bases de dados PubMed, Scielo e Lilacs, publicados entre os anos de 2008 e 2018, utilizando como termos de indexação: "Diet" AND "microbiota" AND "obesity". **Resultados:** Os nove artigos evidenciaram que a dieta pode ser capaz de interferir na composição da MI, influenciando na abundância e diversidade de gêneros e consequentemente na produção de ácidos graxos de cadeia curta. **Discussão:** Houve impacto na composição microbiana principalmente quando a intervenção dietética foi composta por fibras de alimentos in natura. O aumento de gêneros com importante papel no metabolismo humano foi destaque entre os resultados. A melhoria da composição da microbiota se dá através da alimentação saudável, diversificada e rica em fibras. O peso dos indivíduos influenciou na composição microbiana, apenas antes de intervenções dietéticas ou quando o padrão alimentar dos indivíduos não era saudável. **Conclusão:** O adequado consumo de fibras e nutrientes, oriundos de uma dieta equilibrada confere um impacto positivo na composição da microbiota intestinal. Sugerimos que estratégias dietéticas possam estimular bactérias benéficas com capacidade de mediar distúrbios metabólicos associados à obesidade. Estudos adicionais são necessários para promover uma maior relação entre os fatores expostos.

Palavras-chave: Diet. Microbiota. Obesity.

1-Nutricionista pela Universidade FEEVALE, Novo Hamburgo-RS, Brasil.

2-Docente na Universidade FEEVALE, Novo Hamburgo-RS, Brasil.

ABSTRACT**Influence of diet in the composition of intestinal microbiota associated with obesity: a review**

Introtuction and Objective: The fight against obesity as well as related chronic diseases has been a public health challenge. The role of the intestinal microbiota (MI) in the incidence and severity of this metabolic disorder has been evidenced. The present study evaluated the influence of diet in the composition of MI associated with obesity. **Materials and Methods:** A literature review was carried out with PubMed, Scielo and Lilacs databases, published between 2008 and 2018, using indexing terms: Diet AND microbiota AND obesity. **Results:** The nine articles evidenced that the diet may be able to interfere in the composition of the intestinal microbiota, influencing the abundance and diversity of genera and consequently the production of short chain fatty acids. **Discussion:** There was an impact on the microbial composition, especially when the dietary intervention was composed of in natura food fibers. The increase of genders with important role in human metabolism was highlighted among the results. The improvement of the composition of the microbiota occurs through healthy, diversified and high-fiber diet. The weight of the individuals influenced the microbial composition, just before dietary interventions or when the food pattern of the individuals was not healthy. **Conclusion:** Adequate consumption of fiber and nutrients from a balanced diet has a positive impact on the composition of the intestinal microbiota. We suggest that dietary strategies can stimulate beneficial bacteria with the capacity to mediate metabolic disorders associated with obesity, but additional studies are necessary to promote a greater relationship between the exposed factors.

Key words: Diet. Microbiota. Obesity.

E-mail dos autores:

nutri.jessicalorenz@gmail.com

deniseosorio@feevale.br

INTRODUÇÃO

A obesidade é considerada um problema de saúde pública, pela sua elevada prevalência (WHO, 2018), assim como pela sua importância como fator de risco para doenças crônicas (diabete mellitus tipo 2 (DM2), cardiopatias, hipertensão, acidentes vasculares cerebrais e certos tipos de câncer), incapacidade funcional e mortalidade (OPAS, 2003).

A Organização Mundial de Saúde (OMS) estima que 13% da população mundial adulta é obesa, o que representa aproximadamente 650 milhões de pessoas acometidos por tal condição (WHO, 2018).

No Brasil, segundo a Pesquisa de Orçamento Familiares (POF) 2008-2009, a obesidade estava presente em 12,5% dos homens adultos e em 16,9% das mulheres adultas (IBGE, 2010).

O estilo de vida ocidental configurado pelo elevado consumo de alimentos com alta densidade energética, e pobre em nutrientes, com alto teor de açúcar e gorduras saturadas, baixa ingestão de frutas e hortaliças, aliado ao sedentarismo de grande parte da população tem contribuído para a prevalência de obesidade e o desenvolvimento de doenças associadas. Estima-se que 95% dos casos de obesidade estão relacionadas com o estilo de vida (Brasil, 2011; Sigulem e Taddei, 2001).

Além do estilo de vida, o papel da microbiota intestinal (MI) na incidência e gravidade da obesidade tem sido evidenciado (Duranti e colaboradores, 2017).

A MI desempenha um papel importante na captação, armazenamento e gasto de energia obtida da dieta e está sendo considerada como um importante fator ambiental que contribui para a obesidade (Angelakis, Merheje, Raoult, 2013).

O que indica o seu papel na regulação do peso corporal por determinar como o excesso de energia é armazenado no corpo (Haro e colaboradores, 2016).

A MI relacionada à obesidade tende a apresentar menor diversidade microbiana do que aquela de indivíduos eutróficos, sendo caracterizada pelo aumento da relação Firmicutes: Bacteroidetes.

Tal composição também leva a uma inflamação de baixo grau correlacionada negativamente com a contagem de genes da MI (Alou, Lagier, Raoult, 2016).

Uma microbiota menos diversa pode afetar a produção de Ácidos Graxos de Cadeia

Curta (AGCCs), pois a taxa e quantidade de sua produção dependem das espécies e quantidades de micro-organismos presentes no cólon.

A redução da abundância de alguns filos bacterianos pode prejudicar a função de barreira do intestino, aumentando a sua permeabilidade, o que aumentaria o risco de translocação de toxinas bacterianas pró-inflamatórias com potencial para distúrbios metabólicos como obesidade e DM2 (Yun e colaboradores, 2017).

Estima-se que cerca de 57% da composição da MI seja explicada por mudanças na dieta (Aguirre, Venema, 2015).

Assim, alguns compostos alimentares podem modular a composição da microbiota, resultando em mudanças na atividade metabólica das bactérias intestinais, que por sua vez interagem com o hospedeiro, influenciando a sua fisiologia (Chodak e colaboradores, 2015).

Além disso, inadequações dietéticas decorrentes de distintas proporções de nutrientes (gorduras, carboidratos/fibras e proteínas) tem o potencial de romper o delicado equilíbrio entre o hospedeiro e a sua MI, levando à disbiose relacionada à dieta (Chodak e colaboradores, 2015).

Diante do exposto, o objetivo do presente estudo foi avaliar de que forma a dieta pode influenciar na constituição da MI relacionada à obesidade em estudos já publicados sobre o assunto.

MATERIAIS E MÉTODOS

Trata-se de uma revisão realizada no período de julho a agosto de 2018, a fim de responder ao seguinte questionamento: Qual é a influência da dieta na composição da microbiota intestinal associada à obesidade?

Para a elaboração do estudo, foram percorridas as seguintes etapas: identificação do tema; estabelecimento de critérios para inclusão e exclusão dos artigos, a fim de estabelecer a seleção da amostra; definição dos dados a serem extraídos dos estudos selecionados; análise dos resultados, incluindo a categorização dos estudos e a interpretação dos resultados; e, finalmente, a apresentação da revisão.

Foram incluídos estudos com indivíduos que apresentassem excesso de peso com idade igual ou superior a 18 anos, de ambos os sexos e publicados entre os anos

de 2008 e 2018, nos idiomas inglês, espanhol e português.

A busca foi realizada nas bases de dados US National Library of Medicine National Institutes of Health (PubMed), Scientific Electronic Library Online (SciELO), Literatura Latino Americana e do Caribe em Ciências da Saúde (Lilacs) e Biblioteca Regional de Medicina (Bireme).

Foram selecionados estudos do tipo observacional, incluindo delineamento transversal, caso-controle, coorte e clínicos. As palavras chaves utilizadas para a busca de artigos foram: “diet”, “microbiota”, “obesity”; “dieta”, “microbiota”, “Obesidade”; “dieta”, “microbiota” e “obesidade”.

Excluíram-se estudos que avaliaram obesos submetidos à cirurgia bariátrica, que utilizaram apenas suplementação, sem

analisar padrão alimentar e/ou dieta, estudos em que a população estudada fosse portadora de alguma doença que influenciasse no gasto energético, bem como estudos em animais e in vitro.

Seleção de estudos e extração dos dados

Foram analisados, em um primeiro momento, os títulos e os resumos de todos os estudos identificados nas bases de dados selecionadas, objetivando a identificação daqueles potencialmente elegíveis.

Após essa etapa, os artigos selecionados foram analisados de forma judiciosa, com prudência e critérios, o que desencadeou na formação de categorias temáticas, baseadas nos principais assuntos abordados em cada estudo (Figura 1).

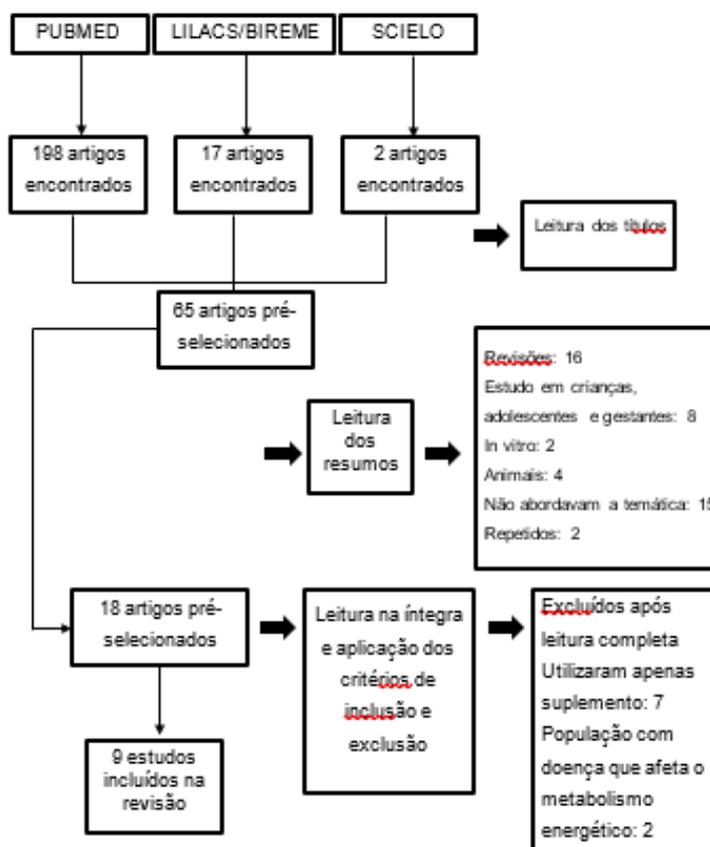


Figura 1 - Fluxograma de seleção dos estudos.

RESULTADOS

Na presente revisão, a pesquisa com os descritores utilizados resultou em 217

artigos, sendo nove analisados por atenderem aos critérios de inclusão previamente estabelecidos.

Dos nove estudos selecionados, todos objetivaram verificar o efeito da dieta na MI de indivíduos com excesso de peso.

Dos artigos de intervenção, dois utilizaram dieta mediterrânea (Med) e dieta de baixa gordura rica em carboidratos (LFHCC) (Haro e colaboradores, 2017; Haro e colaboradores, 2016).

Quatro analisaram dietas hipocalóricas para perda de peso (Heinsen e colaboradores, 2016; Dao e colaboradores, 2016; Salonen e colaboradores, 2014; Simões e colaboradores,

2014) e outros três analisaram o padrão alimentar dos indivíduos por questionário de frequência alimentar (QFA) (Navarro e colaboradores, 2017; Kong e colaboradores, 2014; Reyes e colaboradores, 2016).

Os dados relacionados aos artigos selecionados (Autor/ Título/Periódico/Ano, Intervenção/avaliação/tipo de dieta, delineamento, amostra/características dos participantes/classificação por IMC, resultados e conclusões) estão apresentados na Tabela 1.

Tabela 1 - Resumo dos estudos encontrados sobre a influência da dieta na MI relacionada à obesidade.

Autor/Título/ Periódico/Ano	Intervenção	Delineamento/ Amostra	Delineamento/ Amostra	Recomendações/ Conclusões
1 Dao, C. e colaboradores. <i>Consumption of Low-Methionine Diets Enhances Bacteroides Microbiota Diversity in Obese Patients with Metabolic Dysfunction</i> . Mol. Nutr. Food Res. 2017.	Avaliar se o consumo crônico de duas dietas saudáveis (dieta MED e LF) pode restaurar a diversidade do microbioma intestinal em pacientes obesos, dependendo do grau de disfunção metabólica e identificar se a presença ou ausência de distúrbio metabólico está associada a um perfil diferente de microbiota.	Estudo prospectivo, randomizado, aberto e controlado. 106 indivíduos sexo masculino. Grupo 1: n= 33 com SM. IMC Médio= 32,42kg/m ² . Grupo 2: n= 32 sem SM. IMC: 32,88kg/m ² Grupo 3: n=41 sem SM. IMC médio: 27,05kg/m ²	Obesos com SM apresentavam (linha de base) ↑ índice de F/B. Após a intervenção aumentou a abundância dos dois gêneros que compõem o filo Bacteroidetes (Bacteroides e Bifidobacterium), que, por sua vez, reduziu a relação F/B. Não foram observadas alterações significativas na MI após 2 anos de intervenção dietética nos grupos de não obesos e obesos sem SM, em comparação com a linha de base.	Dois padrões de dieta reverteram a diversidade em pacientes obesos com SM.
2 Navarro, T. F. e colaboradores. <i>Different Intestinal Microbial Profiles in Over-Weight and Obese Subjects Consuming a Diet with Low Content of Fiber and Polyunsaturated Nutrients</i> . 2017.	Analisar a dieta, seus nutrientes e compostos dietéticos e a inter-relação entre obesidade, estresse oxidativo, inflamação e MI.	Estudo transversal 68 adultos. 27 homens e 41 mulheres. Peso Normal n = 20 IMC médio: 23,0 ± 1,5 Excesso de peso n = 35 IMC médio: 27,5 ± 1,4 Obesidade n = 13 IMC médio: 34,1 ± 2,7	O consumo de legumes e frutas se relacionou com bacteroides. Quanto > inflamação ↓ bacteroides e Prevotella ↑ de lactobacillus e acetato relacionado com o grau de obesidade (grupo 2).	Este artigo levanta a hipótese de que o grupo Bacteroides poderia atuar como um mediador no metabolismo antioxidante, desempenhando um papel fundamental em alguns dos efeitos à saúde atribuídos a esses compostos. Lactobacillus e acetato (AGCC) são fatores de risco, com seus níveis aumentando com o IMC.
3 Heinsen, F. A. e colaboradores. <i>Beneficial Effects of a Dietary Weight Loss Intervention on Human Gut Microbiome Diversity and Metabolism Are Not Sustained during Weight Maintenance: Obese Facts</i> . 2016.	Efeito de um programa de obesidade baseado na dieta hipocalórica (VLCD) sobre a diversidade e o metabolismo da MI humana durante a perda de peso e a manutenção do peso.	Ensaio clínico 18 obesos (3 homens, 15 mulheres) grupo de intervenção dietética. 26 controles, sendo 13 magros e 13 obesos. Intervenção dietética (VLCD): n=18 IMC médio: 44,5kg/m ² Controle magro (LC): n=13 IMC médio: 22,4kg/m ² Controle obeso (OC): n=13 IMC médio: 42,3kg/m ²	O VLCD resultou em alterações significativas na diversidade da MI, desde o início até 3 meses (p = 0,0053).	Este estudo mostra que VLCD é capaz de alterar benéficamente a diversidade e o metabolismo da MI em humanos obesos, mas que essas mudanças não são sustentadas durante a manutenção do peso. Esse achado sugere que a MI deve ser direcionada durante os programas de obesidade.
4 Dao, M. C. e colaboradores. <i>Obesidade, microbiota and increased abundance of Akk in obese subjects: results from a dietary intervention in obesity: relationship with gut microbiome richness and ecology</i> . Gut. 2016.	Avaliar a associação entre abundância de Akk fecal, riqueza de genes do microbioma fecal, dieta, características do hospedeiro e suas alterações após a restrição calórica (CR). Fibras utilizadas - Inulina	Quase experimento 49 (masculino: feminino = 8:41) Sobre peso (N = 11) ou obesos (N = 38) IMC médio: 32,75kg/m ²	Maior abundância de Akk está associada a um estado metabólico mais saudável, e melhora metabólica após CR e WS. Não houve perda de peso. Identificou-se uma interação entre a riqueza bacteriana do intestino e a abundância de Akk. Não foram encontradas diferenças significativas na ingestão inicial de nutrientes entre os grupos de Akk.	A restrição calórica em humanos com sobrepeso ou obesidade aumentou a abundância fecal de Akk e foi correlacionada com melhores resultados metabólicos.
5 Salonen, A. e colaboradores. <i>Impact of diet and individual variation on intestinal microbiota composition and fermentation products in obese men</i> . The ISME Journal. 2014.	Obesidade alterando e profunda microbiota de 14 homens obesos que consomem dietas totalmente controladas, suplementadas com amido resistente (RS) ou polissacarídeos não-amido (NSP) e uma dieta de perda de peso (WL).	Ensaio clínico 14 homens com SM. IMC médio: 39,4kg/m ²	Os níveis de diversidade aumentaram com a dieta RS, enquanto que os níveis de Lactobacillaceae aumentaram com a dieta NSP. As bifidobactérias diminuíram significativamente na dieta WL. A dieta RS diminuiu significativamente a diversidade da MI.	Este estudo sugere que um padrão alimentar simples e altamente direcionado pode diminuir a diversidade da MI. Cada uma das dietas do estudo induziu mudanças claras e distintas na microbiota.
6 Kong, L. C. e colaboradores. <i>Dietary Patterns Differently Associate with Inflammation and Gut Microbiota in Overweight and Obese Subjects</i> . PLoS ONE, 2014.	Caracterizar padrões alimentares em indivíduos com sobrepeso e obesos e avaliar os diferentes padrões alimentares em relação às variáveis metabólicas, inflamatórias e MI	Transversal N= 45 obesos. IMC médio de 33,2kg/m ² ± 0,55 Grupo referência n= 14 magros. IMC médio de 22,62kg/m ² ± 0,58	Os indivíduos do Grupo 3 (dieta mais saudável) tiveram a maior riqueza e diversidade de genes em sua MI que está positivamente relacionada ao consumo de frutas e sopas.	Um padrão alimentar mais saudável associou-se a menores marcadores inflamatórios e maior riqueza da MI em indivíduos com sobrepeso e obesidade.
7 Simões, C.D. e colaboradores. <i>Impact of very low energy diet on the fecal microbiota of obese individuals</i> . Eur. J. Nutr. 2014.	Estudar como a ingestão alimentar afeta a microbiota fecal após uma intervenção dietética de 12 meses, que consistia em um VLED (800kcal) rico em proteínas e pobre em carboidratos, seguido	Ensaio clínico 16 obesos finlandeses (IMC médio: 34,5 kg/m ² ± 2,6).	O VLED afetou a microbiota fecal, em particular as bifidobactérias que diminuíram em comparação com os números da linha de base. Houve perda de peso ao final do estudo, porém a mudança no número de grupos bacterianos estudados seguiu a ingestão dietética e não as variações de peso.	Alterações no número microbiano fecal de indivíduos obesos foram afetadas principalmente pela ingestão de alimentos, em vez de mudanças de peso.

	por um plano de dieta personalizado.				
8	Reyes, M. e colaboradores. <i>Conclusions between diet and gut bacteria in a population of young adults.</i> Int. J Food Sci Nutr., 2016.	Comparar e correlacionar a abundância algumas bactérias pela amostra fecal com a ingestão de alimentos retratada por questionário alimentar.	Transversal N=9. Magros n=3 (IMC = 19,83 kg/m ² ± 0,94) Sobrepeso n=3 (IMC = 27,17 ± 0,51 kg / m ²) Obesos n=3 (IMC = 41,33 ± 5,25 kg/m ²). (2 homens e 1 mulher)	O grupo magro consumiu uma média de 30,6g de fibra / dia, o grupo com excesso de peso consumiu 22,9 g / dia e o grupo obeso 18,70 g / dia. O grupo magro teve o maior consumo de energia. O filo Firmicutes foi significativamente mais abundante no grupo magro.	Diets ricas em ácidos graxos insaturados e fibras promovem uma abundante população de bactérias benéficas, como Bifidobacterium longum e Bacteroides na população estudada.
9	Haro, C. e colaboradores. <i>Type 2 Healthy Diets Modulate Gut Microbial Community Improving Insulin Sensitivity in a Human Obese Population.</i> J Clin Endocrinol Metab, 2016.	Avaliar a MI após indivíduos obesos receberem a dieta MED (35% de gordura, 22% monoinsaturados) e a dieta LFHCC (28% de gordura, 12% monoinsaturada).	Estudo prospectivo, randomizado, aberto, controlado. 20 pacientes obesos (homens) (CORDIOPREV). Dieta LFHC: IMC médio: 31,6 ± 0,8 Dieta MED, IMC médio: 32,8 ± 0,5	Ambas dietas refletiram mudanças na microbiota intestinal. Dieta MED aumentou a abundância do gênero Roseburia e LFHCC aumentou o gênero Faecalibacterium prausnitzii.	Nossos resultados sugerem que o consumo a longo prazo das dietas MED e LFHCC exerce um efeito protetor sobre o desenvolvimento de diabetes tipo 2 por diferentes mudanças específicas na microbiota intestinal.

Legenda: MI = Microbiota Intestinal, MED = Mediterrânea, LF = Low Fat, LC = Low carb, SM = Síndrome metabólica, IMC= índice de massa corporal, F/B= Firmicutes, Bacteroides, AGCC = Ácidos graxos de cadeia curta, VLCD = Very Low Carbohydrate diet, CR= restrição calórica, Δkk = diferença significativa, RS = Amido resistente, WL= Weight loss, NSP = Polissacarídeo não amido, LFHCC = Low Fat High-Complex Carbohydrate.

DISCUSSÃO

As interações entre dieta, MI e metabolismo do hospedeiro são importantes para manter a homeostase e a saúde (Maukonen, Saarela, 2015).

Assim, esse estudo analisou e identificou a capacidade da dieta em modular a MI, sugerindo que esta modulação seja um potencial tratamento clínico, tanto para obesidade quanto para os desfechos a ela associados.

Efeitos da ingestão de alimentos sobre a MI

Os estudos de intervenção que utilizaram as dietas Med e dieta LFHCC, obtiveram resultados positivos ao modular a MI de indivíduos com obesidade.

Em Haro e colaboradores (2017), esses padrões alimentares revertem a disbiose no grupo que apresentava SM. Já em Haro e colaboradores (2016), essas dietas apresentaram efeito protetor sobre o desenvolvimento de DM2.

As dietas Med e LFHCC diferem em composição, uma vez que a dieta LFHCC, é mais abundante em grãos integrais e pobre em gorduras, enquanto a dieta Med é rica em alimentos antioxidantes como frutas frescas, vegetais, além de maiores quantidades de gordura.

Contudo, nestes estudos ambas apresentavam uma vasta variedade alimentar, além de serem ricas em fibras (Haro e colaboradores 2017; Haro e colaboradores 2016).

Tal componente nutricional é essencial na produção de AGCC, que tem sido associado ao aumento da saciedade e consequente redução da ingestão alimentar (Cani e colaboradores, 2009), além de diminuir

a glicemia pós-prandial (DEN e colaboradores 2013). O que pode explicar o efeito benéfico que as dietas apresentaram em ambos estudos.

Os estudos observacionais da presente revisão, apresentaram resultados semelhantes. No estudo de Navarro e colaboradores (2017), foi possível observar uma relação inversa entre malondialdeído (MDA) e Bacteroides no grupo que consumia mais frutas e vegetais.

O MDA é um biomarcador de estresse oxidativo que gera produtos de oxidação lipídica e frequentemente está associado a obesidade. Os autores sugerem que bacteroides podem atuar como mediadores do metabolismo antioxidante.

Além de menores marcadores inflamatórios, no de estudo de Kong e colaboradores (2014), onde o grupo que tinha um padrão alimentar mais saudável, caracterizado pelo maior consumo de frutas e hortaliças e menor consumo de açúcar de mesa, apresentaram maior riqueza microbiana, mesmo com o peso dos participantes se mantendo estável durante todo o estudo.

Já Reyes e colaboradores (2016), viram que indivíduos que apresentaram padrão alimentar semelhante de uma dieta Med, especialmente pelos níveis de gorduras instauradas apresentaram maior produção de Bifidobacterium longum, bactéria benéfica, em maior abundância na população magra deste estudo.

O mecanismo pelo qual essas dietas obtiveram resultados positivos na MI, parece ser o mesmo: O consumo de fibras resultou em aumento da diversidade de alguns gêneros produtores de AGCC, especialmente Roseburia e F. prausnitzii, que são produtoras de butirato.

Tal ácido graxo, é a principal fonte de energia dos colonócitos que são importantes na manutenção de função de barreira do intestino, impedindo assim, a translocação de toxinas bacterianas pró-inflamatórias com potencial para distúrbios metabólicos como obesidade e DM2 (Yun e colaboradores 2017).

Contudo, o aumento da produção de AGCC é controverso na literatura. Ley e colaboradores (2005), identificaram que a microbiota de obesos, pode produzir mais AGCC e, portanto, extrair mais energia da dieta do que a microbiota de eutróficos, no entanto, isso não foi observado de forma consistente em outros estudos (Fernandes e colaboradores, 2014; Schwiertz e colaboradores, 2010).

Além disso, é importante que os estudos considerem a produção de cada AGCC em específico, e não apenas o total deles nas amostras analisadas, pois cada um apresenta uma função no organismo.

Navarro e colaboradores (2017), demonstraram que a produção de acetato se relacionou positivamente com a obesidade o que pode estar associado com o fato de que o acetato constitui um substrato para formação de lipídios e colesterol hepático, enquanto a produção de propionato pode diminuir a lipogênese no fígado.

Ademais, Duranti e colaboradores (2017), destacam que especificamente as fibras prebióticas são capazes de estimular preferencialmente a produção de propionato e butirato, em oposição ao acetato, portanto são de particular interesse na modulação dietética da MI.

Efeitos sob os principais filós: firmicutes e bacteroidetes

Frequentemente a gordura dietética é citada como responsável por aumentar a relação com Firmicutes/Bacteroidetes (F/B).

Porém, a gordura mencionada na maioria dos estudos, provém de uma dieta ocidentalizada, que além do alto consumo de gorduras saturadas, geralmente é rica em produtos alimentícios industrializados e pobre em alimento in natura (Alou, Lagier, Raoult, 2016).

Assim como visto nos estudos observacionais de Navarro e colaboradores (2017) e Kong e colaboradores (2014), que analisaram o padrão de dieta consumido por indivíduos, os autores puderam perceber que os grupos que consumiam mais gorduras e

óleos, também ingeriam mais alimentos açucarados e processados, consequentemente apresentaram uma ecologia mais próxima da relacionada a obesidade, maior IMC e um pior perfil metabólico.

Por outro lado, os estudos que utilizaram a dieta Med, que possui níveis de gorduras maiores, quando comparadas com LFHCC, apresentaram relação com melhores desfechos metabólicos e a composição da MI dos indivíduos apresentou-se mais próxima do perfil de pessoas magras (Haro e colaboradores 2017; Haro e colaboradores, 2016).

Portanto, salientamos que é importante analisar o tipo de gordura e a proporção delas na dieta ao analisar a MI relacionada a obesidade.

Desta forma, necessita-se de mais estudos que analisem a ingestão de gordura e MI, uma vez que este nutriente é pouco explorado quando comparado com carboidratos.

Como citado por Alou, Lagier, Raoult, (2016) em revisão que analisa a influência da dieta na MI e em desordens nutricionais, mostram que dietas ricas em gorduras podem acarretar uma microbiota menos diversa.

Este componente nutricional, estimula a produção de ácidos biliares, que podem selecionar espécies capazes de realizar sua metabolização e/ou induzir a perda de algumas espécies devido à sua atividade antimicrobiana.

Em camundongos, Constantini e colaboradores, (2017), referem que as gorduras poliinsaturadas, especialmente ômega-3 favorecem um perfil microbiano saudável, enquanto uma dieta rica em gorduras saturadas pode diminuir a produção de bactérias benéficas.

Além disso, vários estudos não sustentam a hipótese de que uma proporção maior de Firmicutes para Bacteroidetes possa contribuir significativamente para a fisiopatologia da obesidade (Yun e colaboradores, 2017).

Restrição Calórica

Ao analisar-se os estudos que utilizaram as abordagens de restrição calóricas, observam-se diferentes resultados.

Quando se restringiu energia, mas a ingestão de fibras foi alta, obteve-se um aumento de *Akkermansia muciniphila*, onde no

estudo dos autores Dao e colaboradores (2016) mostraram associação com melhores resultados metabólicos. Ele observou-se no estudo de Andrade e colaboradores (2015), sendo identificado que este gênero é mais abundante em indivíduos saudáveis do que em obesos.

Ainda em relação à restrição calórica e de carboidratos, nos estudos de Simões e colaboradores (2014); Salonen e colaboradores (2014), o resultado foi de uma diminuição nas bifidobactérias.

A baixa ingestão de carboidratos pode ter reduzido os substratos disponíveis para este gênero e pode estar associada à baixa ingestão de ácidos graxos poliinsaturados n-3 (n-3 PUFA).

Em uma meta-análise, sobre a modulação da microbiota intestinal para combater a obesidade, os autores descobriram que na maioria dos estudos, bifidobactérias desempenham um papel central na melhoria deste distúrbio metabólico indicando ser um gênero com potencial no tratamento da obesidade (Silva, Santos, Brassen, 2013).

No estudo de Heinsen e colaboradores (2016) o grupo de intervenção foi composto por indivíduos com IMC médio de 44,5kg/m² que receberam fórmulas, totalmente equilibradas em micronutrientes.

O valor energético dessas foi de 800kcal e nas seguintes proporções de macronutrientes: 50% de carboidratos, 33% de proteína e 17% de gorduras, no período de três meses, seguido por uma dieta de controle de peso com aproximadamente 1600kcal/dia.

Todos os indivíduos apresentaram uma perda de peso profunda durante os três primeiros meses e mantiveram o peso nos três meses subsequentes.

Um aumento na diversidade microbiana foi identificado nos três primeiros meses, porém estas mudanças não foram sustentadas no último período, apesar dos participantes não terem aumentado de peso. Portanto, fica claro que as mudanças positivas seguiram às intervenções dietéticas e não à perda de peso (Heinsen e colaboradores, 2016).

O mesmo resultado foi evidenciado em uma revisão sistemática de 2017, que conclui que todas as intervenções dietéticas das amostras resultaram impacto na MI, porém nem sempre se correlacionaram com a perda de peso (Seganfredo e colaboradores, 2017).

Em contraste, um estudo pioneiro, Constatou que uma mudança na MI, com quantidade aumentada de Bacteroidetes estava relacionada com a porcentagem de perda de peso corporal e não com a dieta (Ley e colaboradores, 2006).

CONCLUSÃO

A partir dos estudos analisados, evidenciamos que a dieta pode ser capaz de influenciar a composição da MI de indivíduos obesos.

Apesar da divergência de achados da literatura na população geral, os artigos aqui revisados evidenciam que diferentes espécies microbianas estão mais fortemente relacionadas com a dieta, especialmente fibras de alimentos in natura do que com o fenótipo obeso.

Portanto, ressaltamos que ao traçar estratégias para combater a obesidade e os distúrbios a ela associados, é importante analisar os componentes da dieta e não apenas as calorias fornecidas, já que a restrição severa de nutrientes, principalmente fibras, pode diminuir a eficácia da MI em consonância a suas funções metabólicas.

Mesmo em estudos em que não houve a perda de peso, uma dieta saudável foi capaz de estimular bactérias benéficas com capacidade de mediar distúrbios metabólicos associados a obesidade.

Esta revisão reforça a importância da alimentação na obesidade e saúde intestinal e sugere que estratégias dietéticas podem atuar no direcionamento dos componentes alimentares, afim de estimular a produção de bactérias com potencial efeito no tratamento ou na prevenção de doenças metabólicas.

Porém, estudos adicionais são necessários para promover uma maior relação entre os fatores expostos.

REFERENCIAS

- 1-Aguirre, M.; Venema, K. The art of targeting gut microbiota for tackling human obesity. *Genes & Nutrition*. Vol. 10. Num. 4. 2015.
- 2-Alou, M. T.; Lagier, J.C.; Raoult, D. Diet influence on the gut microbiota and dysbiosis related to nutritional disorders. *Human Microbiome Journal*. Vol.1. 2016.

3-Andrade, V. L. A.; Regazzoni, L.A.A.; Moura, M.T.R.M.; Anjos, E.M.S.; Oliveira, K.A.; Pereira, M.V.R.; Pereira, M.R.A.; Amorim, N.R.; Iskandar, S.M. Obesidade e microbiota intestinal. *Rev Med Minas Gerais. Belo Horizonte. Vol. 25. Num. 4. 2015.*

4-Angelakis, E.; Merhej, V.; Raouf, D. Related actions of probiotics and antibiotics on gut microbiota and weight modification. *The Lancet Infectious Diseases. Vol. 13. Num. 10. Oct. 2013. p.889-899.*

5-Brasil. Ministério da Saúde. Plano de ações estratégicas para o enfrentamento das doenças crônicas não transmissíveis (DCNT) no Brasil, 2011-2022. Brasília. 2011.

6-Cani, P.D.; Lecourt, E.; Dewulf, E.M.; Sohet, F.M.; Pachikian, B.D. Naslain, D.; Backer, F.; Neyrinck, A.M.; Delzenne, N.M. Gut microbiota fermentation of prebiotics increases satietogenic and incretin gut peptide production with consequences for appetite sensation and glucose response after a meal. *Am J Clin Nutr. Vol. 90. Num. 5. 2009. p.1236-43.*

7-Chodak, D.A.; Tarko, T.; Satora, P.; Sroka, P. Interaction of Dietary Compounds, Especially Polyphenols, with the Intestinal Microbiota: A Review. *European Journal of Nutrition. Vol.54. Num.3. 2015. p.325-41.*

8-Dao, M. C.; Everard, A.; Aron-Wisniewsky, J.; Sokolovska, N.; Prifti, E.; Verger, E.O.; Kayser, B.D.; Levenez, F.; Chilloux, J.; Hoyles, L.; MICRO-Obes Consortium, Dumas ME5, Rizkalla SW3, Doré J4, Cani PD2, Clément K1. *Akkermansia muciniphila* and improved metabolic health during a dietary intervention in obesity: relationship with gut microbiome richness and ecology. *Gut. Vol. 65. Num. 3. 2016. p. 426-36.*

9-Duranti, S.; Ferrario, C.; Van, S.D.; Ventura, M., Turrioni, F. Obesity and microbiota: an example of an intricate relationship. *Genes Nutr. 2017.*

10-Fernandes, J.; Su, W.; Rahat-Rozenbloom, S.; Wolever, T. M.; Comelli, E. M. Adiposity, gut microbiota and faecal short chain fatty acids are linked in adult humans. *Nutrition & diabetes. Vol. 4 Num 6. 2014. p.121.*

11-Haro, C. Montes-Borrego, M.; Rangel-Zúñiga O.A.; Alcalá-Díaz, J.F.; Gómez-Delgado, F.; Pérez-Martínez, P.; Delgado-Lista, J.; Quintana-Navarro, G.M.; Tinahones, F.J.; Landa, B.B.; López-Miranda, J.; Camargo, A.; Pérez-Jiménez, F. Two Healthy Diets Modulate Gut Microbial Community Improving Insulin Sensitivity in a Human Obese Population. *J Clin Endocrinol Metab. Vol.101. Num.1. 2016. p. 233-42.*

12-Haro, C.; García-Carpintero, S.; Rangel-Zúñiga, O.A.; Alcalá-Díaz, J.F.; Landa, B.B.; Clemente, J.C.; Pérez-Martínez, P.; López-Miranda, J.; Pérez-Jiménez, F.; Camargo, A. Consumption of Two Healthy Dietary Patterns Restored Microbiota Dysbiosis in Obese Patients with Metabolic Dysfunction. *Mol Nutr Food Res. Vol. 61. Num. 12. 2017.*

13-Heinsen, F. A.; Fangmann, D.; Müller, N., Schulte, D.M.; Rühlemann M.C.; Türk, K.; Settgest, U.; Lieb, W.; Baines, J.F.; Schreiber, S.; Franke, A.; Laudes, M. Beneficial Effects of a Dietary Weight Loss Intervention on Human Gut Microbiome Diversity and Metabolism Are Not Sustained during Weight Maintenance. *Obes Facts. Vol. 9. Num. 6. 2016. p. 379-391.*

14-Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. IBGE. Pesquisa de Orçamentos Familiares 2008-2009 Antropometria e estado nutricional de crianças, adolescentes e adultos no Brasil. Rio de Janeiro. 2010.

15-Kong, L. C.; Holmes, B.A.; Cotillard, A.; Habi-Rachedi, F.; Brazeilles R.; Gougis, S.; Gausserès, N.; Cani, P.D.; Fellahi, S.; Bastard, J.P.; Kennedy, S.P.; Doré, J.; Ehrlich, S.D.; Zucker, J.D.; Rizkalla, S.W.; Clément, K. Dietary Patterns Differently Associate with Inflammation and Gut Microbiota in Overweight and Obese Subjects. *PLoS ONE. Vol. 9. Num.10. 2014.*

16-Ley, R. E.; Bäckhed, F.; Turnbaugh, P.; Lozupone, C.A.; Knight, R.D.; Gordon, J. Obesity alters gut microbial ecology. *Proceedings of The National Academy of Sciences. Vol. 102. Num. 31. 2005. p.11070-11075.*

17-Maukonen, J.; Saarela, M. Human gut microbiota: does diet matter? *Proc Nutr Soc. Vol.74. Num.1. 2015. p.23-36.*

18-Navarro, T. F.; Salazar, N.; Gutiérrez-Díaz, I.; Reyes-Gavilán, C.G.; Gueimonde, M.; González, S. Different Intestinal Microbial Profile in Over-Weight and Obese Subjects Consuming a Diet with Low Content of Fiber and Antioxidants. *Nutrients*. Vol. 9. Num. 6. 2017.

19-Organização Pan-Americana da Saúde. OPAS. Doenças crônico-degenerativas e obesidade: estratégia mundial sobre alimentação saudável, atividade física e saúde. Organização Pan-Americana da Saúde/Organização Mundial da Saúde. Brasília. 2003.

20-Reyes, M.; González, V. R.; Cruz, A. S.M.; Melendez, A. A.; Reyes, C.P.A.; Chavaro, P.D.A.; Ramos, T. I.; Ramos, I. N.; Rodríguez, M.M.M.; Langella, P.; Bermúdez, H. L.; Azaola, E.A. Correlation between diet and gut bacteria in a population of young adults. *Int J Food Sci Nutr*. Vol.67. Num. 4. 2016. p. 470-8.

21-Salonen, A.; Lahti, L.; Salojärvi, J.; Grietje, H.; Katri, K.; Duncan, S.H.; Date, P.; Farquharson, F.; Johnstone, A. M.; Lobley, G. E.; Louis, P.; Flint, H.J.; Vos, W.M. Impact of diet and individual variation on intestinal microbiota composition and fermentation products in obese men. *The ISME Journal*. 2014.

22-Schwartz, A.; Taras, D.; Schäfer, K.; Beijer, S.; Bos, N.A.; Donus, C.; Hardt, P.D. Microbiota and SCFA in lean and overweight healthy subjects. *Obesity*. Silver Spring. Vol.18. Num.1. 2010. p.190-5.

23-Segantredo, F.B.; Blume, C.A.; Moehlecke, M.; Giongo, A.; Casagrande, D.S.; Spolidoro, J.V.N.; Padoin, A.V.; Schaan, B.D.; Mottin, C.C. Weight-loss interventions and gut microbiota changes in overweight and obese patients: a systematic review. *Obes Rev*. Vol.18. Num. 8. 2017. p. 832-85.

24-Sigulem, D. M.; Taddei, J.A.A.C. Obesidade na Infância e na Adolescência, Planejamento Editorial: EPM - Editora de Projetos Médicos, compacta nutrição. 2001. Disponível em:<http://ucbweb.castelobranco.br/webcaf/arquivos/28791/5108/compacta_nutricao_obesidade_inf.pdf>. Acesso em: 15/04/2018.

25-Silva, S.T.; Santos, C.A.; Brassem J. Microbiota intestinal; relevancia para la obesidad y la modulación de los. *Nutricion Hospitalaria*. Núm. 4. p.1039-1048. 2013.

26-Simões, C.D.; Maukonen, J.; Scott, K.P.; Virtanen, K.A.; Pietiläinen, K.H.; Saarela, M. Impact of a very low-energy diet on the fecal microbiota of obese individuals. *Eur J Nutr*. Vol. 53. Num. 6. 2014. p. 1421-9.

27-World Health Organization. WHO. Obesity and overweight. Fact sheet reviewed february 2018. Disponível em: <<https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/obesity-and-overweight>>/. Acesso em: 07/04/2018.

28-Yun, Y.; Han-Na, K.; Song, E.K.; Seong, G. H.; Yoosoo, C.; Seungho, R.; Hocheol, S.; Hyung-Lae, K. Comparative analysis of gut microbiota associated with body mass index in a large Korean cohort. *Bmc Microbiology*. Vol.17. Num.1. 2017. p.12-13.

Autor para correspondência:
Denise Ruttke Dillenburg Osorio.
deniseosorio@feevale.br
Endereço ERS 239, 2755.
Vila Nova, Novo Hamburgo-RS, Brasil.
CEP: 93525-075.

Recebido para publicação em 15/07/2019
Aceito em 22/05/2020