

**DIETA E MICROBIOMA INTESTINAL: PAPEL DOS PREBIÓTICOS E PROBIÓTICOS NA
SAÚDE HUMANA**

**DIET AND GUT MICROBIOME: THE ROLE OF PREBIOTICS AND PROBIOTICS IN
HUMAN HEALTH**

 <https://doi.org/10.63330/aurumpub.036-015>

Marciele Alves Bolognese

Doutora em Ciências de Alimento
Universidade Estadual de Maringá - UEM
E-mail: clinicabolognese@gmail.com
ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-3417-9566>

Amanda Tatiane Correa Pereira dos Santos

Tecnóloga de Alimentos
Universidade Federal Tecnológica Federal do Paraná- UTFPR
E-mail: amandatatiane@alunos.utfpr.edu.br
ORCID: <https://orcid.org/0009-0003-3001-1798>

Isabela Haddad Bolognese

Graduando em Medicina
Centro Universitário de Maringa - CESUMAR
E-mail: isabolognese@hotmail.com
ORCID: <https://orcid.org/0009-0006-1803-1368>

Mariana de Freitas Gouveia Moraes

Graduando em Medicina
Centro Universitário de Maringa - CESUMAR
E-mail: marifgmed@gmail.com
ORCID: <https://orcid.org/0009-0002-6790-3354>

Natanny Busk Jacinto Saviani

Graduando em Medicina
Centro Universitário de Maringa - CESUMAR
E-mail: jacintonatanny@gmail.com
ORCID: <https://orcid.org/0009-0003-8731-2305E>

Isadora Pedroche da Rocha

Graduando em Medicina
Centro Universitário de Maringa - CESUMAR
E-mail: isadora_pedroche@icloud.com
ORCID: <https://orcid.org/0009-0007-1997-9000>

Letícia Inglez Gomes

Graduando em Medicina

Centro Universitário de Maringá - CESUMAR

E-mail: leticiainglez11@gmail.com

ORCID: <https://orcid.org/0009-0002-9944-1326>

RESUMO

Evidências científicas se acumulam ao longo dos últimos anos demonstrando que a dieta exerce papel determinante na qualidade de vida humana, principalmente por meio de modular microbioma intestinal e de sua interação com o ambiente externo. Estratégias alimentares baseadas no consumo de alimentos prebióticos e probióticos têm sido associadas à melhoria da saúde intestinal, à manutenção da integridade da barreira intestinal e à modulação de respostas metabólicas e imunológicas. Esses efeitos estão relacionados, entre outros mecanismos, à produção de ácidos graxos de cadeia curta, metabólitos essenciais para manter o equilíbrio intestinal. Nesse contexto, esta revisão explora o papel dos alimentos como medidas de intervenção na modulação do microbioma intestinal e contribuição para a integridade da barreira intestinal.

Palavras-chave: Intestino; Ácidos graxos; Homeostase intestinal.

ABSTRACT

Scientific evidence has accumulated over the past few years demonstrating that diet plays a determining role in human quality of life, mainly through modulating the gut microbiome and its interaction with the external environment. Dietary strategies based on the consumption of prebiotic and probiotic foods have been associated with improved gut health, maintenance of intestinal barrier integrity, and modulation of metabolic and immunological responses. These effects are related, among other mechanisms, to the production of short-chain fatty acids, essential metabolites for maintaining intestinal balance. In this context, this review explores the role of foods as intervention measures in modulating the gut microbiome and contributing to intestinal barrier integrity.

Keywords: Gut; Fatty acids; Intestinal homeostasis.

1 INTRODUÇÃO

A dieta é um dos principais determinantes da diversidade e das funções exercidas pelo microbioma intestinal, influenciando diretamente quais grupos bacterianos participam da modulação do metabolismo do hospedeiro (Stanton et al., 2024). A manutenção da barreira intestinal é amplamente regulada pela

comunidade microbiana, que atua por meio de eixos de comunicação como gut–brain, gut–lung e gut–skin, desempenhando papel relevante na homeostase metabólica, imunológica e cardiovascular (Aadil et al., 2022).

Alimentos vegetais são responsáveis colonização por bactérias benéficas, principalmente devido ao elevado teor de fibras fermentáveis. Esse processo resulta na produção de ácidos graxos de cadeia curta, metabólitos fundamentais para a saúde intestinal (Perler; Friedman; Wu, 2023). Além disso, determinadas espécies bacterianas participam da síntese de vitaminas essenciais, como a vitamina K2 e vitaminas do complexo B, que desempenham funções fisiológicas importantes (Tarracchini et al., 2025).

O impacto do microbioma no sistema imunológico é particularmente notável. Estima-se que aproximadamente 70-80% das células imunológicas do corpo são diretas ou indiretamente influenciadas por este ecossistema microbiano. Atuando como um verdadeiro centro de treinamento imunológico, educa e modula as defesas do organismo, mantendo a integridade da barreira intestinal (Wang et al., 2025).

A dieta emerge como um dos fatores mais poderosos na modelagem da composição e funcionalidade do microbioma intestinal. Estudos pioneiros demonstraram que alterações dietéticas podem provocar mudanças significativas na estrutura das comunidades microbianas em um período surpreendentemente curto de 24 a 48 horas (Beam, Clinger, Hao, 2021). Alimentos ricos em fibras servem como substrato essencial para o crescimento de bactérias benéficas, como *Bifidobacterium* e *Lactobacillus*, que metabolizam estas fibras através de processos fermentativos, produzindo ácidos graxos de cadeia curta (AGCC) com efeitos sistêmicos profundos (Perler, Friedman, Wu, 2023).

Entre os ácidos graxos de cadeia curta, o butirato destaca-se como a principal fonte energética para as células epiteliais do cólon, além de apresentar propriedades anti-inflamatórias e potencial efeito anticancerígeno (Karim et al., 2024). O propionato está associado à regulação do metabolismo hepático e do apetite, enquanto o acetato, o AGCC mais abundante, participa da modulação da resposta imune e do controle da pressão arterial. Esses metabólitos representam mecanismos centrais pelos quais o microbioma influencia a fisiologia humana (Forte et al., 2024).

Em contraste, os padrões alimentares característicos da dieta ocidental moderna, ricos em alimentos ultraprocessados, gorduras saturadas e açúcares refinados, promovem o crescimento de espécies bacterianas associadas a processos inflamatórios e disfunções metabólicas (Rondinella et al., 2025). Esta alteração na composição microbiana, conhecida como disbiose, está fortemente associada ao desenvolvimento de diversas condições crônicas. Por exemplo, no risco de doenças inflamatórias intestinais em indivíduos com perfis microbianos alterados, além de maior predisposição para obesidade, diabetes tipo 2 e diversas patologias autoimunes relacionadas ao aumento da permeabilidade intestinal (Ding et al., 2026).

A crescente compreensão do microbioma intestinal está nortando a medicina, oferecendo novas estratégias para a prevenção e tratamento de diversas condições de saúde. Como observam, muitas das

recomendações dietéticas tradicionais encontram sua fundamentação científica nos efeitos de modulação microbiana (Stanton et al., 2024).

1.1 MICROBIOMA INTESTINAL

O termo “microbioma intestinal as vezes é usado fazendo uma comparação com a palavra “microbiota”, no entanto esses termos são distintos. Enquanto microbioma se refere ao conjunto de micro-organismos isso incluem, fungos, bactérias, vírus e arqueias, mas também os genes envolvidos que residem no sistema gastrointestinal. Ou seja, microbiota por definição está direcionando para compressão dos micro-organismos presentes, enquanto, microbioma aos genes desses organismos (Aroniadis; Grinspan, 2024).

Até o momento se sabe que o microbioma do indivíduo é moldado por fatores genéticos, amamentação e exposições ambientais e estes, serão responsáveis pelo modo de desenvolvimento. No entanto os antibióticos, a dieta parecer ser fatores que possuem maior influência em idades menores (Bokulich et al., 2016).

O microbioma desempenha funções importantes na regulação do sistema imune, sendo responsável pela produção de ácidos graxos de cadeia curta, atuante contra patógenos, síntese de vitaminas, além da manutenção da barreira intestinal (Hertli; Zimmermann, 2022).

A idade e a dieta tem demonstrado ser os principais fatores responsáveis pelo microbioma desenvolvido. No início do nascimento, até por volta de 3 anos, o microbioma permanece instável. Após essa idade a composição se torna similar de um adulto. No adulto o microbioma passa a ser instável, com mudanças e variações individuais e com a idade, a diversificação sofre uma queda, incluindo metabólicos importantes, como os ácidos graxos de cadeia curta. (Ramasinghe; Bordiga; Xu, 2025)

Nesse sentido a dieta se torna muito importante, principalmente as ricas em fibras que proporcionam o aumento de micro-organismos benéficos. As mudanças na dieta podem ser responsáveis na modificação rápida da diversidade microbiana. Por esta razão, estratégias de implementar uso de prebióticos, probióticos, parece ter o potencial em equilibrar o sistema microbiano (Upadhyay et al., 2025).

1.2 ALIMENTOS PROBIÓTICOS E PREBIÓTICOS

Os probióticos consistem em microrganismos vivos que, quando administrados em quantidades adequadas, conferem benefícios à saúde do hospedeiro, podendo atuar como adjuvantes no manejo de doenças intestinais e metabólicas, dependendo da cepa, da dose e do tempo de intervenção (Su et al., 2020). Dentre os alimentos probióticos mais estudados, os laticínios fermentados como iogurte e kefir merecem destaque especial. O iogurte tradicional contém culturas de *Lactobacillus delbrueckii* subsp. *bulgaricus* e *Streptococcus thermophilus*, enquanto versões enriquecidas podem incluir cepas adicionais de *Lactobacillus acidophilus* e *Bifidobacterium* spp (Popovic., 2020). Se o consumo for regular pode melhorar

significativamente a digestão da lactose em indivíduos com intolerância, através da expressão contínua da enzima β -galactosidase pelas bactérias probióticas no lúmen intestinal (Savaiano, 2014).

Os vegetais fermentados, como chucrute e kimchi, constituem outra importante fonte de probióticos naturais. O chucrute, produto da fermentação láctica do repolho por *Leuconostoc mesenteroides* e diversas espécies de *Lactobacillus* (*L. plantarum*, *L. brevis*), apresenta concentrações particularmente elevadas de compostos bioativos como isotiocianatos, com reconhecidas propriedades anticancerígenas (Wei; Marco, 2025).

A seleção de cepas probióticas específicas para diferentes condições clínicas representa uma fronteira importante na pesquisa nutricional. Por exemplo, *Lactobacillus rhamnosus* tem demonstrado eficácia na prevenção de diarreia associada a antibióticos, enquanto combinações específicas de *Bifidobacterium infantis* e *Lactobacillus plantarum* mostraram resultados promissores no manejo de doenças inflamatórias intestinais (Waitzberg et al., 2024).

Os prebióticos, por sua vez, são fibras dietéticas não digeríveis que alcançam o cólon intactas e servem como substrato fermentável seletivo para microrganismos comensais, promovendo alterações benéficas na composição e na atividade metabólica da microbiota intestinal (Guo et al., 2025). Para ser classificado como prebiótico, um composto deve atender a três critérios fundamentais: resistência à acidez gástrica e enzimas digestivas, fermentabilidade por bactérias intestinais benéficas, e capacidade de estimular seletivamente o crescimento e/ou atividade de espécies microbianas associadas à saúde (Roy; Dhaneshwar, 2023).

O amido resistente, particularmente o tipo 2 encontrado em bananas verdes e aveia, representa outra classe importante de prebióticos com propriedades fisiológicas distintas. Diferentemente da inulina, o amido resistente sofre fermentação mais distal no cólon, principalmente no cólon transversal e descendente, onde serve como substrato preferencial para espécies bacterianas produtoras de butirato como *Ruminococcus bromii* e *Eubacterium rectale* (Bashmil et al., 2024). A raiz de chicória e a alcachofra-jerusalém contêm quantidades particularmente elevadas de frutooligossacarídeos (FOS), cadeias curtas de frutose com grau de polimerização entre 2 e 10 unidades. Estes compostos apresentam propriedades fermentativas únicas, sendo metabolizados preferencialmente por *Bifidobacterium adolescentis* e *Lactobacillus acidophilus* (Gu et al., 2019).

Esse efeito ocorre porque os FOS são fibras prebióticas não digeríveis que servem como substrato preferencial para bactérias benéficas (como *Bifidobacterium* e *Lactobacillus*), as quais competem e inibem o crescimento de microrganismos proteolíticos potencialmente patogênicos. Isso acontece porque as bactérias intestinais fermentam os FOS, produzindo AGCC como butirato, propionato e acetato como metabólitos finais. Como os FOS estimulam seletivamente o crescimento de bactérias sacarolíticas (que

metabolizam carboidratos), há maior produção desses AGCC em detrimento de compostos potencialmente tóxicos gerados pela fermentação proteolítica (Gu et al., 2019).

A compreensão dos mecanismos moleculares subjacentes aos efeitos prebióticos tem avançado significativamente com o desenvolvimento de técnicas ômicas. Análises metagenômicas revelam que o consumo regular de prebióticos induz expressão diferencial de genes bacterianos envolvidos no metabolismo de carboidratos complexos (CAZymes), enquanto estudos metabolômicos identificam aumentos significativos em metabólitos microbianos bioativos como indol-3-propionato e ácido 3-fenilpropanoico, ambos com atividade neuroprotetora demonstrada (Kok et al., 2024).

2 DISCUSSÃO

A literatura demonstra que intervenções dietéticas podem influenciar positivamente a composição e a funcionalidade do microbioma intestinal; no entanto, esses efeitos dependem de características individuais, incluindo fatores genéticos, ambientais e clínicos. Embora os benefícios observados sejam, em muitos casos, moderados, eles apresentam relevância clínica e podem contribuir para o manejo complementar de condições intestinais e metabólicas (Di Vincenzo et al., 2023). Nesse sentido, as abordagens personalizadas devem ser fundamentadas individualmente, de acordo com o perfil observado (Fassarella et al., 2021).

Não são possíveis protocolos universais, tendo em vista que limitações metodológicas, escassez de dados, avanços ainda recentes e a falta de padronização dificultam a implementação de um tratamento padronizado. Nesse contexto, a individualização pode caminhar em conjunto com os tratamentos primários, com ajustes baseados nas respostas clínicas apresentadas pelo paciente (Di Vincenzo et al., 2023).

3 CONCLUSÃO

Medidas individuais devem ser aplicadas, e o manejo no uso de alimentos ou cepas deve ocorrer de forma individualizada, de acordo com o paciente, não representando um modelo único, mas sim uma estratégia complementar de tratamento, voltada à melhoria da qualidade de vida de pessoas que sofrem com problemas intestinais. Nesse contexto, reconhece-se que alimentos com funções na modulação intestinal exercem papel relevante na manutenção da homeostase intestinal, contribuindo para o equilíbrio do microbioma e para a melhora da saúde intestinal. Ressalta-se, portanto, a necessidade de estudos adicionais que auxiliem na consolidação de estratégias personalizadas baseadas em evidências científicas.

REFERÊNCIAS

AFZAAL, M. et al. Human gut microbiota in health and disease: unveiling the relationship. *Frontiers in Microbiology*, v. 13, 2022. DOI: 10.3389/fmicb.2022.999001.

ARONIADIS, Olga C.; GRINSPAN, Ari. The Gut Microbiome: A Primer for the Clinician. *The American Journal of Gastroenterology*, v. 119, n. 1S, p. S2-S6, jan. 2024. DOI: <https://doi.org/10.14309/ajg.0000000000002583>

BEAM, A.; CLINGER, E.; HAO, L. Effect of diet and dietary components on the composition of the gut microbiota. *Nutrients*, v. 13, n. 8, 2021. DOI: 10.3390/nu13082795.

BOKULICH, N. A. et al. Antibiotics, birth mode, and diet shape microbiome maturation during early life. *Science Translational Medicine*, v. 8, n. 343, p. 343ra82, 15 jun. 2016. DOI: <https://doi.org/10.1126/scitranslmed.aad7121>

TARRACCHINI, C et al. Vitamin biosynthesis in the gut: interplay between mammalian host and its resident microbiota. *Microbiology and Molecular Biology Reviews*, v. 89, n. 2, e00184-23, 2025. DOI: 10.1128/mmbr.00184-23.

DI VINCENZO, F.; DEL GAUDIO, A.; PETITO, V.; LOPETUSO, L. R.; SCALDAFERRI, F. Gut microbiota, intestinal permeability, and systemic inflammation: a narrative review. *Internal and Emergency Medicine*, v. 19, n. 2, p. 275–293, 2024. DOI: 10.1007/s11739-023-03374-w.

DING, Z. et al. Disease-driven restructuring of the gut microbiome underlies inflammatory bowel disease dysbiosis. *Frontiers in Microbiology*, v. 16, 2026. DOI: 10.3389/fmicb.2025.1744574.

FASSARELLA, M.; BLAAK, E. E.; PENDERS, J.; NAUTA, A.; SMIDT, H.; ZOETENDAL, E. G. Gut microbiome stability and resilience: elucidating the response to perturbations in order to modulate gut health. *Gut*, v. 70, n. 3, p. 595–605, 2021. DOI: 10.1136/gutjnl-2020-321747.

GU, J. et al. Metagenomic insights into the effects of fructooligosaccharides (FOS) on the composition of luminal and mucosal microbiota in C57BL/6J mice, especially the *Bifidobacterium* composition. *Nutrients*, v. 11, n. 10, 2019. DOI: 10.3390/nu11102431.

HERTLI, S.; ZIMMERMANN, P. Molecular interactions between the intestinal microbiota and the host. *Molecular Microbiology*, v. 117, n. 6, p. 1297-1307, jun. 2022. DOI: <https://doi.org/10.1111/mmi.14905>

GUO, M.; LI, J.; ZHANG, L.; CHEN, C.; WEI, Y.; SHEN, Z. A. Effects of oral supplementation of probiotics on body weight and visceral fat in obese patients: a meta-analysis and systematic review. *Scientific Reports*, v. 15, n. 1, 2025. DOI: 10.1038/s41598-025-90820-8.

KOK, C. R.; ROSE, D. J.; CUI, J.; WHISENHUNT, L.; HUTKINS, R. Identification of carbohydrate gene clusters obtained from in vitro fermentations as predictive biomarkers of prebiotic responses. *BMC Microbiology*, v. 24, n. 1, 2024. DOI: 10.1186/s12866-024-03344-y.

KARIM, M. R. et al. Butyrate's microbial synthesis, absorption, and preventive roles against colorectal and lung cancer. *Archives of Microbiology*, 2024. DOI: 10.1007/s00203-024-03834-7.

PERLER, B. K.; FRIEDMAN, E. S.; WU, G. D. The role of the gut microbiota in the relationship between diet and human health. *Annual Review of Physiology*, 2026. DOI: 10.1146/annurev-physiol-031522.

POPOVIĆ, N.; BRDARIĆ, E.; ĐOKIĆ, J.; DINIĆ, M.; VELJOVIĆ, K.; GOLIC, N.; TERZIĆ-VIDOJEVIĆ, A. Yogurt produced by novel natural starter cultures improves gut epithelial barrier in vitro. *Microorganisms*, v. 8, n. 10, p. 1–18, 2020. DOI: 10.3390/microorganisms8101586.

RAMASINGHE, C.; BORDIGA, M.; XU, B. A comprehensive review of the triangular relationship among diet, gut microbiota, and aging. *International Journal of Molecular Sciences*, v. 26, n. 18, p. 8785, 9 set. 2025. DOI: <https://doi.org/10.3390/ijms26188785>

RONDINELLA, D. et al. The detrimental impact of ultra-processed foods on the human gut microbiome and gut barrier. *Nutrients*, v. 17, n. 5, 2025. DOI: 10.3390/nu17050859.

ROSS, F. C. et al. The interplay between diet and the gut microbiome: implications for health and disease. *Nature Reviews Microbiology*, v. 22, n. 11, p. 671–686, 2024. DOI: 10.1038/s41579-024-01068-4.

ROY, S.; DHANESHWAR, S. Role of prebiotics, probiotics, and synbiotics in management of inflammatory bowel disease: current perspectives. *World Journal of Gastroenterology*, v. 29, n. 14, p. 2078–2100, 2023. DOI: 10.3748/WJG.V29.I14.2078.

SAVAIANO, D. A. Lactose digestion from yogurt: mechanism and relevance. *American Journal of Clinical Nutrition*, v. 99, n. 5, 2014. DOI: 10.3945/ajcn.113.073023.

UPADHYAY, P. et al. Gut microbiota and dietary strategies for age-related diseases. *Molecular Nutrition & Food Research*, v. 69, n. 24, p. e70308, dez. 2025. DOI: <https://doi.org/10.1002/mnfr.70308>

WAITZBERG, D. et al. Can the evidence-based use of probiotics (notably *Saccharomyces boulardii* CNCM I-745 and *Lactobacillus rhamnosus* GG) mitigate the clinical effects of antibiotic-associated dysbiosis? *Advances in Therapy*, v. 41, n. 3, p. 901–914, 2024. DOI: 10.1007/s12325-024-02783-3.

WANG, Q. et al. Interaction between gut microbiota and immunity in health and intestinal disease. *Frontiers in Immunology*, v. 16, 2025. DOI: 10.3389/fimmu.2025.1673852.