

## O PAPEL DA MICROBIOTA INTESTINAL, PROBIÓTICOS E ESTILO DE VIDA NA SAÚDE METABÓLICA E NA OBESIDADE

Glauber Pimentel Florêncio<sup>1</sup>, Maria Julia Onofre<sup>2</sup>, Ralciane de Paula Menezes<sup>3</sup>, Lorena Prado Sadoyama<sup>2</sup>, Adriana dos Santos Prado Sadoyama<sup>4</sup>, Geraldo Sadoyama Leal<sup>5</sup>, Denise Von Dolinger de Brito Röder<sup>6</sup>

<sup>1</sup> Mestre em Ciências da Saúde pela Universidade Federal de Uberlândia (UFU). Médico ginecologista.

<sup>2</sup> Graduanda em Enfermagem pela Faculdade de Medicina da Universidade Federal de Uberlândia.

<sup>3</sup> Doutora em Ciências da Saúde pela Universidade Federal de Uberlândia. Técnica do Curso Técnico em Análises Clínicas da Escola Técnica em Saúde da Universidade Federal de Uberlândia (UFU).

<sup>4</sup> Doutora em Linguística e Língua Portuguesa, Professora do Mestrado em Gestão Organizacional/Faculdade de Educação (FAE) da Universidade Federal de Catalão (UFCAT).

<sup>5</sup> Doutor em Imunologia e Parasitologia Aplicadas, Professor do Mestrado em Gestão organizacional/Instituto de Biotecnologia (IBiotec) da Universidade Federal de Catalão sadoyama@ufact.edu.br (UFCAT).

<sup>6</sup> Doutora em Patologia Molecular, Professora Associada do Departamento de Microbiologia do Instituto de Ciências Biomédicas da Universidade Federal de Uberlândia (UFU).

Recebido em: 15/11/2023 – Aprovado em: 15/12/2023 – Publicado em: 30/12/2023  
DOI: 10.18677/EnciBio\_2023D25

### RESUMO

Trata-se de uma revisão bibliográfica a partir de pesquisas efetuadas na base de dados X com o objetivo de relatar a relação entre a microbiota intestinal, o uso de probióticos e o estilo de vida dos indivíduos, de forma a impactar na saúde metabólica e na obesidade. A microbiota intestinal representa uma diversidade de microrganismos, desde bactérias e vírus, que se estabelecem e colonizam o trato gastrointestinal do ser humano. Esse material produz impacto em diversos âmbitos da vida humana, do nascimento ao envelhecimento, com papel necessário na saúde e obtenção de nutrientes para os indivíduos. Observa-se que determinados filos como o Firmicutes, presentes no intestino humano, são essenciais na atividade imunológica. Por outro lado, outros filos, como Verrucomicrobia, em especial a espécie *Akkermansia muciniphila*, possuem a habilidade de fornecer benefícios ao metabolismo, auxiliando no controle do peso corporal. Associado a essa questão, o uso de probióticos tem demonstrado ser benéfico no processo de diminuição da gordura corporal. Logo, o desequilíbrio na microbiota intestinal benéfica acarreta em alterações na qualidade de vida do ser humano.

**PALAVRAS-CHAVE:** Microbiota intestinal; Obesidade; Probióticos.

# THE ROLE OF GUT MICROBIOTA, PROBIOTICS AND LIFESTYLE IN METABOLIC HEALTH AND OBESITY

## ABSTRACT

This is a bibliographical review based on research carried out in the database obesity. The intestinal microbiota represents a diversity of microorganisms, from bacteria and viruses, that establish and colonize the human gastrointestinal tract. This material has impacts on different areas of human life, from birth to aging, with a necessary role in health and obtaining nutrients for individuals. It is observed that certain phyla such as Firmicutes, present in the human intestine, are essential in immunological activity. On the other hand, other phyla, such as Verrucomicrobia, especially the species *Akkermansia muciniphila*, have the ability to provide benefits to metabolism, helping to control body weight. Associated with this issue, the use of probiotics has been shown to be beneficial in the process of reducing body fat. Therefore, an imbalance in the beneficial intestinal microbiota leads to changes in human quality of life.

**KEYWORDS:** Intestinal microbiota; Obesity; Probiotics.

## INTRODUÇÃO

A microbiota intestinal é uma comunidade altamente complexa e dinâmica de bactérias, fungos, vírus e arqueas que colonizam o intestino humano (ADAK, KHAN, 2019). Essa microbiota é adquirida logo no nascimento e continua a se desenvolver ao longo da vida, influenciada por fatores genéticos, exposição a microrganismos ambientais, dieta, uso de antibióticos, via de parto, localização geográfica, entre outros (CHATTOPADHYAY; MYTHILI, 2018, GOMMA, 2020;). Estes desempenham papel fundamental na digestão e absorção de nutrientes, auxiliando na quebra de alimentos complexos que o organismo humano não seria capaz de digerir por si só (QUAN et al., 2023; JUGE, 2022). Além disso, a microbiota intestinal está envolvida na produção de vitaminas essenciais, como a vitamina K e algumas vitaminas do complexo B (SALIM et al., 2023). O equilíbrio da microbiota é crucial para a manutenção da saúde do hospedeiro, e qualquer perturbação nessa comunidade pode levar ao desenvolvimento de doenças crônicas (COLELLA et al., 2023; SUZUKI et al., 2022).

## MICROBIOTA INTESTINAL – PRINCIPAIS FILOS BACTERIANOS

Os métodos de análise da microbiota intestinal humana têm experimentado um avanço notável com a integração de tecnologias de sequenciamento de última geração. A utilização de técnicas como metagenômica *shotgun* e sequenciamento de RNA de 16S permite uma caracterização profunda e abrangente da composição microbiana (ABENAVOLI et al., 2019). Combinado com a metabolômica e proteômica, esse paradigma multidisciplinar possibilita o mapeamento de redes metabólicas complexas, identificando não apenas os microrganismos presentes, mas também seus produtos metabólicos e funções. Essas abordagens integradas oferecem conhecimentos sobre a interação entre a microbiota intestinal e o hospedeiro humano, permitindo a compreensão mais completa das suas implicações na saúde e doença. O cruzamento de informações entre genômica, metabolômica e proteômica abre novas fronteiras para diagnósticos personalizados e terapias direcionadas, tornando a análise da microbiota intestinal uma ferramenta poderosa na medicina de precisão (BRETON et al., 2022)

Os principais filos bacterianos presentes no intestino humano incluem o

Firmicutes, Bacteroidetes, Proteobacteria, Actinobacteria e Verrucomicrobia, entre outros. Os filos Firmicutes e Bacteroidetes compõem 90% das espécies de bactérias da microbiota intestinal (AFZAAL *et al.*, 2022). Cada filo possui várias espécies específicas que desempenham funções importantes no ecossistema intestinal (PROCHÁZKOVÁ *et al.*, 2023).

O filo Firmicutes contém mais de 200 gêneros de bactérias, a maioria gram positivas, estando principalmente representado pelos gêneros *Lactobacillus*, *Bacillus*, *Clostridium*, *Enterococcus*, *Ruminococcus* (DI PIERRO, 2023; ARUMUGAN *et al.*, 2011). Possui tantos gêneros com atividade imunomodulatória benéfica, como também espécies relacionadas à indução da inflamação, que estão diretamente associadas à algumas doenças crônicas (LAKES *et al.*, 2020). O principal modulador da microbiota intestinal é a alimentação, portanto, alimentos com elevados teores de gorduras saturadas e poli-insaturadas, pobre em nutrientes e fibras proporcionam um ambiente propício para ocorrência deste filo (HUR; LEE, 2015; NIE *et al.*, 2020).

O consumo de calorias em excesso leva à proliferação de Firmicutes, permitindo a extração e estocagem de nutrientes com maior eficiência, auxiliando no ganho de peso. Por outro lado, a ingestão de fibras, frutas e hortaliças, proporciona o aumento da produção de derivados da fermentação de carboidratos resultando em ambiente desfavorável para estas (HADI *et al.*, 2019). O filo Firmicutes é conhecido por sua capacidade de degradar carboidratos complexos, o que resulta na produção de ácidos graxos de cadeia curta (AGCC) que são benéficos para a saúde intestinal.

Os AGCC são produtos essenciais do metabolismo das bactérias benéficas da microbiota intestinal, desempenhando papel crucial na regulação do peso corporal. Originados principalmente da fermentação de fibras alimentares não digeríveis pelas bactérias intestinais, a presença de alimentos ricos em fibras, como frutas, vegetais e grãos integrais, potencializa a produção (MASOOD *et al.*, 2019). Por outro lado, o aumento da abundância relativa de Firmicutes tem sido associada à obesidade e outras doenças metabólicas (MAZLOOM *et al.*, 2019; FAN, PEDERSEN, 2021).

O filo Bacteroidetes é composto por bactérias, essencialmente gram negativas, especializadas em degradar polissacarídeos não digeríveis, contribuindo para a fermentação de fibras alimentares e a produção de AGCC (MITHIEUX, 2018). Tem capacidade de modular o sistema imune de forma benéfica. Uma maior proporção de Bacteroidetes tem sido associada à microbiota mais saudável. Dois gêneros bacterianos são prevalentes: *Bacteroides* e *Prevotella*, associados à manutenção da saúde intestinal e prevenção de doenças (MAGNE *et al.*, 2020). A maior abundância de *Prevotella* é tradicionalmente associada ao alto consumo de carboidratos, fibras e açúcares simples, enquanto que a abundância de *Bacteroides* usualmente é associada as dietas ricas em proteínas e gorduras saturadas (LEO *et al.*, 2021). As espécies do gênero *Bacteroides*, quando em desequilíbrio na microbiota intestinal, podem ser responsáveis por infecções significativas e podem estar associadas as doenças inflamatórias intestinais, como a Doença de Crohn (PUSHPANATHAN *et al.*, 2019).

Já o filo Proteobacteria abrange várias espécies patogênicas, mas também inclui algumas bactérias benéficas que podem ajudar na produção de vitaminas e na proteção contra invasores patogênicos. Apresenta proporção aproximada de até 5% do filo Proteobacteria (MITHIEUX, 2018). Sob um estado clínico saudável ou assintomático, o aumento da proporção do filo Proteobacteria no intestino humano pode ser uma resposta transitória as alterações de fatores externos, como a dieta e outras intervenções. Entretanto, o aumento crônico do filo Proteobacteria é indicativo

de uma comunidade microbiana instável (KODAIRA *et al.*, 2021). Dentro deste filo encontram-se indivíduos da família Enterobacteriaceae como a *Escherichia coli*, considerada uma bactéria comensal e a sua presença em indivíduos assintomáticos pode ser habitual, entretanto em altas proporções pode estar associada as alterações funcionais e Doença Inflamatória Intestinal (DII) (KANG *et al.*, 2014).

O filo Actinobacteria inclui bactérias produtoras de enzimas importantes para a degradação de componentes da dieta, como a celulose, e também pode contribuir para a produção de AGCC. A microbiota intestinal de indivíduos adultos saudáveis apresenta proporção habitual de 2 a 14% de bactérias do gênero *Bifidobacterium* (JAMI *et al.*, 2015). As bactérias do gênero *Bifidobacterium* possuem funções benéficas para a saúde devido aos seus vários efeitos, tais como a produção de vitaminas, a estimulação do sistema imunológico, a inibição de bactérias potencialmente patogênicas, a melhoria na digestão alimentar, manutenção da barreira intestinal, e defesa contra patógenos (LI *et al.*, 2021).

O filo Verrucomicrobia é composto principalmente pela espécie *Akkermansia muciniphila*, que tem a capacidade de degradar a camada de muco intestinal e está associado à melhor saúde metabólica e intestinal (AGGARWAL *et al.*, 2022). A *A. muciniphila* tem sido objeto de grande interesse na comunidade científica devido às suas potenciais propriedades benéficas para a saúde (ROSHANRAVAN *et al.*, 2023). Estudos têm associado a presença da *A. muciniphila* aos benefícios metabólicos, incluindo a regulação do peso corporal e a melhoria da sensibilidade à insulina. Acredita-se que essa bactéria desempenhe papel fundamental na manutenção da barreira intestinal, uma vez que adere-se à camada de mucina do intestino, contribuindo para a integridade e função dessa barreira protetora (MA *et al.*, 2023).

Pesquisas têm demonstrado que a abundância da *A. muciniphila* está inversamente relacionada à obesidade. Em indivíduos obesos e com diabetes tipo 2, observou-se diminuição na abundância dessa bactéria (ZHANG *et al.*, 2021, CORB ARON *et al.*, 2021; COLELLA *et al.*, 2023) A *A. muciniphila* demonstrou ter efeito sobre a diminuição do ganho de peso corporal, da circunferência do quadril, da ingestão calórica, do peso da gordura mesentérica, subcutânea, epididimal e total e também diminuição da eficiência energética (ABUQWIDER *et al.*, 2021). Na modulação do apetite, a *A. muciniphila* atua elevando significativamente a expressão do gene GLP, responsável por aumentar a saciedade e lentificar o esvaziamento gástrico. O nível de peptídeo YY também é aumentado, inibindo o apetite e estimulando o gasto energético. Esses mecanismos reduzem o excesso de adiposidade e consequentemente o peso corporal (DEPOMMIER *et al.*, 2019).

## **MICROBIOTA INTESTINAL E ESTILOS DE VIDA NA SAÚDE E DOENÇA**

As pesquisas que correlacionam as doenças da modernidade com o equilíbrio da microbiota intestinal têm se mostrado cada vez mais promissoras e despertam o interesse crescente na comunidade científica e médica (ROWLAND *et al.*, 2018). A microbiota intestinal desempenha papel fundamental na saúde e no funcionamento do organismo humano, e o desequilíbrio, conhecido como disbiose intestinal, está sendo associado às diversas doenças (ROUXINOL-DIAS *et al.*, 2016). A obesidade é uma doença metabólica complexa que tem se tornado epidemia global com consequências significativas para a saúde pública (MAIOLI *et al.*, 2021). Está intimamente associada as doenças crônicas, incluindo diabetes tipo II, hipertensão arterial, dislipidemia, esteatose hepática, apneia obstrutiva do sono, distúrbios do humor e distúrbios musculoesqueléticos, além de certos tipos de câncer (KOBLYIAK

*et al.*, 2016). Seu surgimento é resultado da interação entre fatores genéticos, metabólicos e ambientais, sendo influenciada por mudanças no estilo de vida moderno, como a alimentação inadequada, sedentarismo e estresse crônico. Um dos principais fatores que contribuem para o desenvolvimento da obesidade é o desequilíbrio entre a ingestão de calorias e o gasto energético (KOBLYIAC *et al.*, 2018).

O crescente consumo de produtos industrializados e ultraprocessados tem gerado preocupações sobre os efeitos negativos desses alimentos na saúde humana (RAMOS, MARTÍN, 2021). Esses produtos são caracterizados por conterem altos teores de açúcares, gorduras trans, aditivos químicos e sódio, o que pode levar às mudanças significativas na composição da microbiota intestinal e afetar a homeostase metabólica do organismo (AOUN *et al.*, 2020).

O elevado consumo de açúcares adicionados presentes em refrigerantes, doces e alimentos processados tem sido associado ao aumento da abundância de Firmicutes no intestino, o que pode resultar na produção exacerbada de Espécies Reativas do Oxigênio (EROs) e consequente estado pró-inflamatório (ATAEY *et al.*, 2020). Além disso, as gorduras trans e aditivos químicos presentes nesses alimentos têm sido relacionadas ao crescimento de bactérias patogênicas, prejudicando a diversidade e estabilidade da microbiota intestinal (GARCIA, 2022; BOULANGÉ *et al.*, 2016).

A ingestão compulsiva de produtos ultraprocessados pode ser atribuída, em parte, aos efeitos viciantes que alguns componentes desses alimentos têm no cérebro e no centro de recompensa alimentar (BRETON, *et al.*, 2022). Estudos sugerem que esses produtos podem desregular os mecanismos fisiológicos de saciedade e apetite, alterando a produção e sensibilidade de hormônios como a leptina e a grelina. Essa desregulação hormonal pode resultar em sensação reduzida de plenitude e aumento da busca por alimentos palatáveis, ricos em açúcares e gorduras, contribuindo para um quadro de ingestão excessiva e desequilibrada (CHOOI *et al.*, 2019).

O consumo crônico de produtos industrializados tem sido associado as alterações na proporção de bactérias benéficas e nocivas no intestino. Há evidências de que as relações entre dieta, inflamação, resistência à insulina e risco cardiometabólico são em parte mediadas pela composição de bactérias intestinais (MORAES *et al.*, 2014). Especificamente, tem sido observada redução na abundância de Bacteroidetes e *A. muciniphila*, importantes para a manutenção da integridade da barreira intestinal e produção de substâncias com potencial anti-inflamatório (FITCH, BAYS, 2022). Por outro lado, o aumento da presença de Firmicutes pode levar à produção excessiva de EROs, promovendo o ambiente pró-inflamatório no intestino (MOHAJAN ; MOHAJAN, 2023).

Os componentes nocivos presentes em produtos ultraprocessados podem ser absorvidos pelo intestino e entrar na circulação sanguínea, desencadeando a resposta imune inflamatória em nível sistêmico. Isso pode levar a danos celulares e contribuir para o desenvolvimento de doenças crônicas, como doenças cardiovasculares e inflamatórias intestinais (NARMAKI *et al.*, 2022).

Estudos têm demonstrado a associação entre a disbiose da microbiota intestinal e o desenvolvimento da obesidade. A disbiose é um termo usado para descrever o desequilíbrio entre os microrganismos benéficos ou alteração na composição da microbiota intestinal (CHANG ; LIN, 2016). Isso pode se manifestar de diversas maneiras: redução da diversidade microbiana, predomínio de espécies prejudiciais e redução de espécies benéficas. Além disso, a disbiose pode influenciar

a regulação do apetite e do metabolismo energético, tornando os indivíduos mais propensos a ganhar peso (PARK; BAE, 2015; PARKAR *et al* 2019; PERNA *et al.*, 2021).

Uma das formas de se combater a disbiose que ocorre na obesidade é a mudança nos hábitos diários de vida. O estilo de vida saudável desempenha papel fundamental na saúde geral, e isso inclui o equilíbrio da microbiota intestinal (KERN *et al.*, 2020). A atividade física, dependendo do tipo, da duração e da frequência de treinos, tem se mostrado como importante modulador da microbiota intestinal, com evidências crescentes que sustentam a capacidade de melhorar, manter e evoluir a composição e diversidade bacteriana no trato gastrointestinal (PERUMPAIL *et al.*, 2019).

A prática regular de exercícios moderados promove alterações benéficas na fisiologia do intestino, como a homeostase do fluxo sanguíneo e da motilidade intestinal, que favorecem o ambiente para o crescimento e sobrevivência de bactérias benéficas (QUIROGA *et al.*, 2020). Além disso, a atividade física equilibrada tem sido associada à redução do estresse e da inflamação sistêmica, o que pode ter impacto positivo na modulação da microbiota intestinal, já que o estresse e a inflamação crônica são fatores que podem contribuir para a disbiose (SOHAIL *et al.*, 2019).

Os mecanismos fisiopatológicos pelos quais a atividade física pode afetar a microbiota intestinal ainda estão sendo investigados, mas estudos sugerem que o exercício pode promover a produção e liberação de metabólitos específicos, como os AGCC, que são produzidos pela fermentação de fibras pelas bactérias intestinais (STOJANOV *et al.*, 2020). Esses AGCC têm efeitos benéficos na saúde do intestino, incluindo o fortalecimento da barreira intestinal, a regulação da inflamação e a melhoria da absorção de nutrientes (SUZUKI *et al.*, 2022). Além disso, a atividade física pode influenciar a liberação de hormônios e neurotransmissores, como as catecolaminas e a serotonina, que também podem afetar a composição e função da microbiota intestinal (SIVAMARUTHI *et al.*, 2019).

Outro ponto importante é que a atividade física está intimamente relacionada com a dieta, e ambos os fatores podem interagir para modular a microbiota intestinal de forma sinérgica (AYA *et al.*, 2021). A prática regular de exercícios pode aumentar o apetite e promover mudanças nas preferências alimentares, levando à maior ingestão de alimentos ricos em fibras e nutrientes que são benéficos para a saúde intestinal (SHIRVANI-RAD *et al.*, 2021). Além disso, estudos têm mostrado que a combinação de exercícios com uma dieta equilibrada pode ter efeitos positivos na composição da microbiota, melhorando o perfil de bactérias benéficas e reduzindo a abundância de bactérias associadas as doenças (KIM *et al.*, 2019; HUGHES *et al.*, 2023). Concluindo, todas as evidências apresentadas demonstram que a atividade física desempenha papel protetor essencial contra a obesidade, modulando benéficamente a microbiota intestinal e interagindo de forma positiva com hábitos alimentares saudáveis.

De igual importância é a qualidade do sono, que tem sido cada vez mais reconhecida como um fator determinante na modulação da microbiota intestinal (ANDERSON *et al.*, 2017). Estudos recentes têm demonstrado que um sono adequado está associado à maior diversidade bacteriana, a maior abundância de bactérias benéficas, como as produtoras de AGCC, e a menor presença de bactérias patogênicas (MOLLAYEVA *et al.*, 2016). A fisiopatologia dessa relação reside na interação entre o sistema nervoso autônomo e o sistema imunológico durante o sono, que pode influenciar diretamente a composição da microbiota. Além disso, o

ciclo circadiano tem sido identificado como um regulador fundamental na dinâmica da microbiota, e distúrbios do sono podem levar à disfunção nesse ciclo, afetando negativamente o equilíbrio da microbiota intestinal (PARKAR *et al.*, 2019).

Durante o sono de qualidade, ocorrem importantes processos de regulação hormonal e imunológica, que podem ter impacto direto na microbiota intestinal. A liberação de hormônios como a melatonina e o cortisol, por exemplo, está associada ao controle do ciclo circadiano e do metabolismo energético, podendo influenciar a composição bacteriana no intestino (KUVAT *et al.*, 2020). A melatonina, conhecida como o hormônio do sono, tem sido estudada por sua capacidade de modular a resposta imune e reduzir a inflamação no intestino, o que pode contribuir para a manutenção da homeostase da microbiota (WANG *et al.*, 2019). Além disso, a privação do sono tem sido associada ao aumento na produção de citocinas pró-inflamatórias, que podem afetar negativamente a integridade da barreira intestinal e favorecer a disbiose (SEN *et al.*, 2021).

A relação bidirecional entre o sono e a microbiota intestinal é complexa e envolve diversos mecanismos ainda pouco compreendidos (BENEDICT *et al.*, 2016). Estudos em modelos animais têm demonstrado que a manipulação do sono pode levar à alterações significativas na composição da microbiota, enquanto que a suplementação com probióticos pode melhorar a qualidade do sono em alguns indivíduos (VALENTINI *et al.*, 2020). Essas descobertas indicam que a qualidade do sono pode ser um importante modulador da microbiota intestinal, e que intervenções terapêuticas para melhorar o sono podem ser estratégias eficazes para promover a saúde intestinal (KO *et al.*, 2019).

São necessárias mais pesquisas para elucidar os mecanismos específicos pelos quais o sono influencia a microbiota e como essas informações podem ser aplicadas no desenvolvimento de abordagens terapêuticas para prevenir e tratar doenças associadas à disbiose (KUVAT *et al.*, 2020). Concluindo, dada a conexão evidenciada entre sono e microbiota intestinal e sua influência em processos imunológicos, metabólicos e hormonais, reforça-se a hipótese de que a qualidade do sono pode desempenhar papel crucial na predisposição ou proteção contra a obesidade. Estratégias que visam melhorar o padrão de sono podem, assim, representar um meio eficaz de prevenção e tratamento da obesidade, em conjunto com outras medidas de promoção da saúde intestinal.

A complexa interação entre hábitos de vida, regulação emocional e seu profundo impacto no delicado equilíbrio da microbiota intestinal destaca uma ligação crucial entre o bem-estar psicológico e as complexidades fisiológicas do ecossistema microbiano intestinal. O intestino é frequentemente chamado de "segundo cérebro" devido ao sistema nervoso entérico, uma rede complexa de neurônios presentes no trato gastrointestinal, que é capaz de funcionar de forma independente do cérebro, controlando várias funções do intestino, como a motilidade e a secreção de substâncias (SZULÍNSKA *et al.*, 2018). Esse cenário complexo envolve interações entre o sistema nervoso central, o eixo intestino-cérebro e o microbioma intestinal, conhecido como o eixo intestino-cérebro-microbiota (REHMAN *et al.*, 2023).

A microbiota intestinal produz uma série de neurotransmissores e metabólitos que podem afetar o sistema nervoso central e o humor do indivíduo (SONG *et al.*, 2020). Além disso, a inflamação sistêmica associada à disbiose pode afetar negativamente o funcionamento do sistema nervoso central, contribuindo para o desenvolvimento de transtornos de humor, como transtornos mentais, ansiedade e depressão. Da mesma forma, o cérebro também pode enviar sinais ao intestino,

afetando sua função e a composição da microbiota (HUR, LEE, 2015; RAMOS, MARTÍN, 2021).

O intestino é considerado uma parte essencial do sistema nervoso do corpo e desempenha papel importante não apenas na digestão, mas também na regulação do humor, as emoções e outras funções cognitivas (KODAIRA *et al.*, 2021). Além disso, a microbiota intestinal desempenha papel crítico na regulação do sistema imunológico e na produção de neurotransmissores, como serotonina, dopamina e ácido gama-aminobutírico (GABA), que são cruciais para a função cerebral e o equilíbrio emocional (DURANTI *et al.*, 2017).

A disbiose intestinal pode levar à produção anormal de metabólitos bacterianos, como lipopolissacarídeos, que desencadeiam resposta inflamatória sistêmica, conhecida como inflamação de baixo grau, capaz de afetar o funcionamento do cérebro (FONTANÉ *et al.*, 2018; CAI *et al.*, 2023;). O eixo intestino-cérebro-microbiota é uma via de comunicação bidirecional, na qual o cérebro e o intestino se comunicam constantemente por meio de sinais neurais, hormonais e imunológicos. Alterações na microbiota intestinal podem influenciar a função cerebral e vice-versa, em um ciclo de retroalimentação (REHMAN *et al.*, 2023). A correlação entre ansiedade, depressão e maior ingestão alimentar está relacionada aos diferentes mecanismos biológicos e psicológicos que podem levar à alterações no padrão de alimentação. Tanto a ansiedade quanto a depressão podem influenciar diretamente o comportamento alimentar, levando ao aumento da ingestão de alimentos, especialmente os ricos em açúcares e gorduras (COX *et al.*, 2015).

Em indivíduos com ansiedade, o ato de comer pode funcionar como uma forma de aliviar temporariamente o desconforto emocional, o que pode levar ao consumo excessivo de alimentos, principalmente os chamados "comfort foods" (alimentos reconfortantes), que geralmente são altamente calóricos e palatáveis. Além disso, a ansiedade pode levar à alteração na regulação hormonal, aumentando os níveis de cortisol, conhecido como o "hormônio do estresse", que também pode influenciar o apetite e levar ao maior consumo alimentar (ACHARYA *et al.*, 2023).

## PROBIÓTICOS

Além dos ajustes de hábitos positivos no estilo de vida, há o crescente corpo de evidências de que os probióticos melhoram, mantêm ou restauram a microbiota intestinal, abrindo assim a porta para manobras inovadoras direcionadas à arquitetura e diversidade da microbiota (CERDÓ *et al.*, 2019). Os probióticos são microrganismos vivos, como bactérias e leveduras, que quando administrados em quantidades adequadas, conferem benefícios à saúde do hospedeiro. Esses microrganismos têm sido amplamente estudados na medicina moderna devido às suas diversas finalidades terapêuticas (AGUILERA *et al.*, 2022). Assim, a utilização estratégica de probióticos na abordagem da medicina moderna pode oferecer uma alternativa promissora e complementar no tratamento de patologias complexas como a obesidade e a depressão, com potencial para melhorar a qualidade de vida dos pacientes (BARENGOLTS, 2016).

Diversos mecanismos de ação estão envolvidos na atuação dos probióticos no organismo. Primeiramente, estes atuam na diminuição da inflamação, reduzindo a resposta inflamatória crônica associada à disbiose intestinal (BUI, DE VOS, 2021), podendo reduzir a produção de citocinas inflamatórias e aumentar a produção de citocinas anti-inflamatórias (ARORA *et al.*, 2013; ARMET *et al.*, 2022). Além disso, os probióticos são capazes de reduzir a abundância de patógenos oportunistas através da produção de bacteriocinas e de metabólitos prejudiciais (VALLIANOU *et*



al., 2023).

Outro mecanismo importante é a ação dos probióticos na melhoria da barreira intestinal, reforçando as junções estreitas (tight junctions) e aumentando a produção de mucina, o que ajuda a proteger o intestino contra a invasão de patógenos e substâncias prejudiciais. Essa maior renovação de enterócitos também contribui para um ambiente mais saudável e funcional no intestino (WANG *et al.*, 2019). Os probióticos também podem atuar em nível endócrino e neurológico, aumentando a produção de neuropeptídeos e peptídeos gastrointestinais, o que tem efeitos positivos no controle do apetite e da saciedade, auxiliando na redução do acúmulo de gordura e inflamação associada ao lipopolissacarídeo (LPS) presente na microbiota desequilibrada (WANG *et al.*, 2023). Ainda mecanismos de ação dos probióticos incluem a melhoria da sensibilidade à insulina nos adipócitos e órgãos periféricos, o que pode ser benéfico para pacientes obesos com resistência à insulina. Além disso, os probióticos têm a capacidade de aumentar a proporção de bactérias produtoras de AGCC através da fermentação de fibras dietéticas, o que está associado aos benefícios metabólicos, como a regulação do peso e melhoria da função intestinal (WICIŃSKI *et al.*, 2020).

Uma das maneiras pelas quais essas cepas probióticas podem contribuir para a perda de peso é por meio da regulação do metabolismo energético (ACHARYA *et al.*, 2023). Também, as cepas probióticas podem atuar na regulação da saciedade e do apetite (SIVAMARUTHI *et al.*, 2019). As bactérias probióticas podem influenciar a produção de hormônios reguladores do apetite, como a grelina e a leptina, que desempenham função importante no controle da fome e da saciedade. Essas cepas probióticas podem aumentar a produção de peptídeos intestinais, como o GLP-1, que estão associados à sensação de saciedade e ao controle da ingestão de alimentos (SANKARARAMAN *et al.*, 2023).

Essa proporção pode estar associada ao maior aproveitamento energético a partir dos alimentos ingeridos. A administração de probióticos, especialmente cepas de *Bifidobacterium* e *Lactobacillus*, tem mostrado resultados promissores na redução da gordura corporal e no controle do peso, possivelmente por meio de efeitos na regulação do metabolismo, saciedade e metabolização de gorduras (ATAEY *et al.*, 2020). Nesse contexto, as cepas de bactérias probióticas, como *Bifidobacterium longum*, *Lacticaseibacillus casei*, *Levilactobacillus brevis*, *Lacticaseibacillus rhamnosus*, *Lactobacillus delbrueckii*, *Lactobacillus helveticus*, *Lactococcus lactis* e *Streptococcus thermophilus*, têm sido alvo de interesse por seus potenciais efeitos no auxílio ao emagrecimento de indivíduos obesos (ASEMI *et al.*, 2013; CERDÓ, 2019; AGUILERA *et al.*, 2022).

A combinação de probióticos com práticas de vida saudáveis, incluindo atividade física consistente, ingestão correta de fibras, sono reparador, controle do estresse e dieta balanceada, tem se consolidado como uma poderosa tática para fortalecer a saúde intestinal. Esta combinação favorece o equilíbrio da microbiota, contribuindo no enfrentamento da obesidade e dos desafios decorrentes da disbiose intestinal (ABEVANOLI *et al.*, 2019).

Ao abordar a obesidade, é crucial adotar uma perspectiva integral, que não apenas contemple alterações no estilo de vida, mas também incorpore monitoramento médico e a introdução de métodos terapêuticos (VIJAY; VALDES, 2022). Esta perspectiva holística analisa o indivíduo em sua complexidade, desde análise genética da microbiota intestinal até os padrões alimentares e ritmos de sono (ZHANG *et al.*, 2021). Ao harmonizar todas estas estratégias, a abordagem no combate à obesidade torna-se mais eficiente e completa.

## CONSIDERAÇÕES FINAIS

A microbiota intestinal comensal passa por diversas alterações ao longo da vida do ser humano, culminando em quadros favoráveis, protegendo e contribuindo com a saúde do organismo. Assim como, está associada à situações prejudiciais, ao passo em que estão em desequilíbrio, facilitando a disseminação e instalação de microrganismos patógenos.

A diversidade de filos bacterianos de carácter comensal no trato gastrointestinal, como algumas espécies de Firmicutes, Bacteroidetes, Proteobacteria, Actinobacteria e Verrucomicrobia, desempenham diversas funções necessárias para manter a homeostase do ambiente intestinal. Dessa forma, possuindo gêneros envolvidos na ação imunomoduladora, na degradação de macronutrientes e regulação do peso corporal. Entretanto, a disbiose desse ecossistema afeta diretamente o funcionamento do organismo humano.

Os probióticos são precursores na proteção do intestino, assim como estão intrinsecamente ligados à atuação no sistema neural e endócrino, afetando o depósito de gordura, principalmente em situações de desequilíbrio intestinal. Com base nos resultados encontrados através desta revisão bibliográfica, é notável a importância e associação do microbioma intestinal e o uso de probióticos na saúde metabólica e na obesidade dos indivíduos.

## REFERÊNCIAS

- ABENAVOLI, L. ; SCARPELLINI, E. ; COLICA, C.; BOCCUTO, L.; SALEHI, B. *et al.* Gut microbiota and obesity: a role for probiotics. **Nutrients**, v. 11, n. 11, p. 2690, 2019. URL: <https://www.mdpi.com/2072-6643/11/11/2690>. DOI: <https://doi.org/10.3390/nu11112690>
- ABUQWIDER, J. N.; MAURIELLO, G.; ALTAMIMI, M. *et al.* *Akkermansia muciniphila*, a New Generation of Beneficial Microbiota in Modulating Obesity: a systematic review. **Microorganisms**, [S.L.], v. 9, n. 5, p. 1098, 20 maio 2021. MDPI AG. URL: <https://www.mdpi.com/2076-2607/9/5/1098>. DOI: <http://dx.doi.org/10.3390/microorganisms9051098>
- ACHARYA, K. D.; GRAHAM, M.; RAMAN, H.; PARAKOYI, E. R. A.; CORCORAN, A. *et al.* Estradiol-mediated protection against high-fat diet induced anxiety and obesity is associated with changes in the gut microbiota in female mice. **Scientific Reports**, v. 13, n. 1, p. 4776, 2023. URL: <https://www.nature.com/articles/s41598-023-31783-6>. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41598-023-31783-6>
- ADAK, A.; KHAN, M. R. An insight into gut microbiota and its functionalities. **Cellular and Molecular Life Sciences**, v. 76, p. 473-493, 2019. URL: <https://link.springer.com/article/10.1007/s00018-018-2943-4>. DOI: <https://doi.org/10.1007/s00018-018-2943-4>
- ARUMUGAM, M., RAES, J., PELLETIER, E. Enterotypes of the human gut microbiome. **Nature**, V.473, P. 174-180, 2011. URL: <https://www.nature.com/articles/nature09944>. DOI: <https://doi.org/10.1038/nature09944>
- AFZALL, M., SAEED, F., SHAH, Y. A., HUSSAIN, M., RABAIL, R., SOCOL., *et al.* Human gut microbiota in health and disease: Unveiling the relationship. **Frontiers**

in **microbiology**, v. 13, p. 999001, 2022. URL: <https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fmicb.2022.999001/full> . DOI: <https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.999001>

AGUILERA XEL, MANZANO A, PIRELA D, BERMÚDEZ V. Probiotics and Gut Microbiota in Obesity: Myths and Realities of a New Health Revolution. **J Pers Med**. 2022 Aug 4;12(8):1282. URL: Probiotics and Gut Microbiota in Obesity: Myths and Realities of a New Health Revolution - PubMed (nih.gov) DOI: 10.3390/jpm12081282. PMID: 36013231.

AGGARWAL, V.; SUNDER, S.t; VERMA, S. R. Disease-associated dysbiosis and potential therapeutic role of *Akkermansia muciniphila*, a mucus degrading bacterium of gut microbiome. **Folia Microbiologica**, v. 67, n. 6, p. 811-824, 2022. URL: Disease-associated dysbiosis and potential therapeutic role of Akkermansia muciniphila, a mucus degrading bacteria of gut microbiome | SpringerLink. DOI:<https://doi.org/10.1007/s12223-022-00973-6>

ANDERSON, J. R., CARROLL, I., AZCARATE-PERIL, M. A., ROCHETTE, A. D., HEINBERG, L. J., PEAT, C. *et al*. A preliminary examination of gut microbiota, sleep, and cognitive flexibility in healthy older adults. **Sleep medicine**, v. 38, p. 104-107, 2017.

URL:<https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S1389945717303179?via%3Dihub>. DOI:<https://doi.org/10.1016/j.sleep.2017.07.018>

AOUN, A.; DARWISH, F.; HAMOD, N. The influence of the gut microbiome on obesity in adults and the role of probiotics, prebiotics, and synbiotics for weight loss. **Preventive nutrition and food science**, v. 25, n. 2, p. 113, 2020. URL: [https://www.dbpia.co.kr/journal/articleDetail?nodeId=NODE09362120&language=ko\\_KR&hasTopBanner=true](https://www.dbpia.co.kr/journal/articleDetail?nodeId=NODE09362120&language=ko_KR&hasTopBanner=true). DOI:<https://doi.org/10.3746/pnf.2020.25.2.113>

ARMET, A. M., DEEHAN, E. C., O'SULLIVAN, A. F., MOTA, J. F., FIELD, C. J. *et al*. Rethinking healthy eating in light of the gut microbiome. **Cell Host & Microbe**, v. 30, n. 6, p. 764-785, 2022. URL: [https://www.cell.com/cell-host-microbe/fulltext/S1931-3128\(22\)00222-](https://www.cell.com/cell-host-microbe/fulltext/S1931-3128(22)00222-0?_returnURL=https%3A%2F%2Flinkinghub.elsevier.com%2Fretrieve%2Fpii%2FS1931312822002220%3Fshowall%3Dtrue)

[0?\\_returnURL=https%3A%2F%2Flinkinghub.elsevier.com%2Fretrieve%2Fpii%2FS1931312822002220%3Fshowall%3Dtrue](https://www.cell.com/cell-host-microbe/fulltext/S1931-3128(22)00222-0?_returnURL=https%3A%2F%2Flinkinghub.elsevier.com%2Fretrieve%2Fpii%2FS1931312822002220%3Fshowall%3Dtrue).

DOI: <https://doi.org/10.1016/j.chom.2022.04.016>

ARORA, T.; SINGH, S.; SHARMA, R. K. Probiotics: interaction with gut microbiome and antiobesity potential. **Nutrition**, v. 29, n. 4, p. 591-596, 2013. URL: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0899900712003218?via%3Dihub>. DOI:<https://doi.org/10.1016/j.nut.2012.07.017>

ASEMI, Z., ZARE, Z., SHAKERI, H., SABIHI, S. S., & ESMAILLZADEH, A. Effect of multispecies probiotic supplements on metabolic profiles, hs-CRP, and oxidative stress in patients with type 2 diabetes. **Annals of nutrition and metabolism**, v. 63, n. 1-2, p. 1-9, 2013. URL: <https://karger.com/anm/article-abstract/63/1-2/1/41777/Effect-of-Multispecies-Probiotic-Supplements-on?redirectedFrom=fulltext>. DOI: <http://dx.doi.org/10.1159/000349922>

ATAEY, A., JAFARVAND, E., ADHAM, D., & MORADI-ASL, E. The relationship between obesity, overweight, and the human development index in world health organization eastern mediterranean region countries. **Journal of Preventive Medicine and Public Health**, v. 53, n. 2, p. 98, 2020. URL: <https://www.jpmp.org/journal/view.php?doi=10.3961/jpmp.19.100>. DOI: <https://doi.org/10.3961/jpmp.19.100>

AYA, V., FLÓREZ, A., PEREZ, L., & RAMÍREZ, J. D. Association between physical activity and changes in intestinal microbiota composition: A systematic review. **PLoS One**, v. 16, n. 2, p. e0247039, 2021. URL: <https://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0247039>. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0247039>

BARENGOLTS, E. Gut microbiota, prebiotics, probiotics, and synbiotics in management of obesity and prediabetes: review of randomized controlled trials. **Endocrine Practice**, v. 22, n. 10, p. 1224-1234, 2016. URL: [https://www.endocrinepractice.org/article/S1530-891X\(20\)35570-1/fulltext](https://www.endocrinepractice.org/article/S1530-891X(20)35570-1/fulltext). DOI: <https://doi.org/10.4158/ep151157.ra>

BENEDICT, C., VOGEL, H., JONAS, W., WOTING, A., BLAUT, M., SCHÜRMAN, A., & CEDERNAES, J. Gut microbiota and glucometabolic alterations in response to recurrent partial sleep deprivation in normal-weight young individuals. **Molecular metabolism**, v. 5, n. 12, p. 1175-1186, 2016. URL: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S2212877816301934?via%3Dihub>. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.molmet.2016.10.003>

BOULANGÉ, C. L., NEVES, A. L., CHILLOUX, J., NICHOLSON, J. K., & DUMAS, M. E. Impact of the gut microbiota on inflammation, obesity, and metabolic disease. **Genome medicine**, v. 8, p. 1-12, 2016. URL: <https://genomemedicine.biomedcentral.com/articles/10.1186/s13073-016-0303-2>. DOI: <https://doi.org/10.1186/s13073-016-0303-2>

BRETON, J.; GALMICHE, M.; DÉCHELOTTE, P. Dysbiotic gut bacteria in obesity: an overview of the metabolic mechanisms and therapeutic perspectives of next-generation probiotics. **Microorganisms**, v. 10, n. 2, p. 452, 2022. URL: <https://www.mdpi.com/2076-2607/10/2/452>. DOI: <https://doi.org/10.3390/microorganisms10020452>

BUI, T. P. N.; DE VOS, W. M. Next-generation therapeutic bacteria for treatment of obesity, diabetes, and other endocrine diseases. **Best Practice & Research Clinical Endocrinology & Metabolism**, v. 35, n. 3, p. 101504, 2021. URL: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S1521690X2100021X?via%3Dihub>. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.beem.2021.101504>

CAI, Y., LIU, P., ZHOU, X., YUAN, J., & CHEN, Q. Probiotics therapy show significant improvement in obesity and neurobehavioral disorders symptoms. **Frontiers in Cellular and Infection Microbiology**, v. 13, p. 533, 2023. URL: <https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fcimb.2023.1178399/full>. DOI: <https://doi.org/10.3389/fcimb.2023.1178399>

CERDÓ, T., GARCÍA-SANTOS, J. A., G. BERMÚDEZ, M., & CAMPOY, C. The role of probiotics and prebiotics in the prevention and treatment of obesity. **Nutrients**, v. 11, n. 3, p. 635, 2019. URL: <https://www.mdpi.com/2072-6643/11/3/635>. DOI: <https://doi.org/10.3390%2Fnu11030635>

CHANG, C.; LIN, H. Dysbiosis in gastrointestinal disorders. **Best practice & research Clinical gastroenterology**, v. 30, n. 1, p. 3-15, 2016. URL: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S1521691816000056?via%3Dihub>. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.bpg.2016.02.001>

CHATTOPADHYAY, A.; MYTHILI, S. The journey of gut microbiome—An introduction and its influence on metabolic disorders. **Frontiers in Biology**, v. 13, p. 327-341, 2018. URL: <https://link.springer.com/article/10.1007/s11515-018-1490-6>. DOI: <https://doi.org/10.1007/s11515-018-1490-6>

CHOOI, Y. C.; DING, C.; MAGKOS, F. The epidemiology of obesity. **Metabolism**, v. 92, p. 6-10, 2019. URL: [https://www.metabolismjournal.com/article/S0026-0495\(18\)30194-X/fulltext](https://www.metabolismjournal.com/article/S0026-0495(18)30194-X/fulltext). DOI: <https://doi.org/10.1016/j.metabol.2018.09.005>

COLELLA, M., CHARITOS, I. A., BALLINI, A., CAFIERO, C., TOPI, S., PALMIROTTA, R., *et al.* Microbiota revolution: How gut microbes regulate our lives. **World Journal of Gastroenterology**, v. 29, n. 28, p. 4368-4383, 2023. URL: <https://www.wjgnet.com/1007-9327/full/v29/i28/4368.htm>. DOI: <http://dx.doi.org/10.3748/wjg.v29.i28.4368>

CORB ARON, R. A., ABID, A., VESA, C. M., NECHIFOR, A. C., BEHL, T., *et al.* Recognizing the benefits of pre-/probiotics in metabolic syndrome and type 2 diabetes mellitus considering the influence of *Akkermansia muciniphila* as a key gut bacterium. **Microorganisms**, v. 9, n. 3, p. 618, 2021. URL: <https://www.mdpi.com/2076-2607/9/3/618>. DOI: <https://doi.org/10.3390/microorganisms9030618>

COX, A. J.; WEST, N. P.; CRIPPS, A. W. Obesity, inflammation, and the gut microbiota. **The lancet Diabetes & endocrinology**, v. 3, n. 3, p. 207-215, 2015. URL: [https://www.thelancet.com/journals/landia/article/PIIS2213-8587\(14\)70134-2/fulltext](https://www.thelancet.com/journals/landia/article/PIIS2213-8587(14)70134-2/fulltext). DOI: [https://doi.org/10.1016/s2213-8587\(14\)70134-2](https://doi.org/10.1016/s2213-8587(14)70134-2)

DEPOMMIER, C., EVERARD, A., DRUART, C., PLOVIER, H., VAN HUL, M., *et al.* Supplementation with *Akkermansia muciniphila* in overweight and obese human volunteers: a proof-of-concept exploratory study. **Nature Medicine**, [S.L.], v. 25, n. 7, p. 1096- 1103, jul. 2019. Springer Science and Business Media LLC. URL: <https://www.nature.com/articles/s41591-019-0495-2>. DOI: <http://dx.doi.org/10.1038/s41591-019-0495-2>

DI PIERRO, F. Special Issue “Gut Microbioma Structure and Functions in Human Health and Disease”. **Microorganisms**, v. 11, n. 5, p. 1220, 2023. URL: <https://www.mdpi.com/2076-2607/11/5/1220>. DOI: <https://doi.org/10.3390/Microorganisms11051220>

Duranti, S., Ferrario, C., Van Sinderen, D., Ventura, M., Turrone, F. Obesity and

microbiota: an example of an intricate relationship. **Genes & nutrition**, v. 12, n. 1, p. 1-15, 2017. URL: <https://genesandnutrition.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12263-017-0566-2>. DOI: <https://doi.org/10.1186/s12263-017-0566-2>

FAN, Y.; PEDERSEN, O. Gut microbiota in human metabolic health and disease. **Nature Reviews Microbiology**, v. 19, n. 1, p. 55-71, 2021. URL: <https://www.nature.com/articles/s41579-020-0433-9>. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41579-020-0433-9>

FITCH, A. K.; BAYS, H. E. Obesity definition, diagnosis, bias, standard operating procedures (SOPs), and telehealth: an Obesity Medicine Association (OMA) Clinical Practice Statement (CPS) 2022. **Obesity Pillars**, v. 1, p. 100004, 2022. URL: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S2667368121000048?via%3Dihub>. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.obpill.2021.100004>

FONTANÉ, L., BENAIGES, D., GODAY, A., LLAURADÓ, G., & PEDRO-BOTET, J. Influencia de la microbiota y de los probióticos en la obesidad. **Clínica e Investigación en Arteriosclerosis**, v. 30, n. 6, p. 271-279, 2018. URL: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0214916818300482?via%3Dihub>. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.arteri.2018.03.004>

GARCIA, K., FERREIRA, G., REIS, F., & VIANA, S. Impact of Dietary Sugars on Gut Microbiota and Metabolic Health. **Diabetology**, v. 3, n. 4, p. 549-560, 2022. URL: <https://www.mdpi.com/2673-4540/3/4/42>. DOI: <http://dx.doi.org/10.3390/diabetology3040042>

GOMMA, E. Z. Human gut microbiota/microbiome in health and diseases: a review. **Antonie Van Leeuwenhoek**, v. 113, n. 12, p. 2019-2040, 2020. URL: <https://link.springer.com/article/10.1007/s10482-020-01474-7>. DOI: <https://doi.org/10.1007/s10482-020-01474-7>

HADI, A., SEPANDI, M., MARX, W., MORADI, S., & PARASTOUEI, K. Clinical and psychological responses to synbiotic supplementation in obese or overweight adults: A randomized clinical trial. **Complementary Therapies in Medicine**, v. 47, p. 102216, 2019. URL: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S096522991931115X?via%3Dihub>. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.ctim.2019.102216>

HEINSEN, F. A., FANGMANN, D., MÜLLER, N., SCHULTE, D. M., RÜHLEMANN, *et al.* Beneficial effects of a dietary weight loss intervention on human gut microbiome diversity and metabolism are not sustained during weight maintenance. **Obesity facts**, v. 9, n. 6, p. 379-391, 2017. URL: <https://karger.com/ofa/article/9/6/379/240212/Beneficial-Effects-of-a-Dietary-Weight-Loss>. DOI: <https://doi.org/10.1159/000449506>

HUGHES, R. L., PINDUS, D. M., KHAN, N. A., BURD, N. A., & HOLSCHER, H. D., *et al.* Associations between accelerometer-measured physical activity and fecal microbiota in adults with overweight and obesity. **Medicine and Science in Sports and Exercise**, v. 55, n. 4, p. 680, 2023. URL: <https://journals.lww.com/acsm->

msse/fulltext/2023/04000/associations\_between\_accelerometer\_measured.9.aspx.  
DOI: <https://doi.org/10.1249/mss.0000000000003096>

HUR, K. Y.; LEE, M. S. Gut microbiota and metabolic disorders. **Diabetes & metabolism journal**, v. 39, n. 3, p. 198-203, 2015. URL: <https://www.e-dmj.org/journal/view.php?doi=10.4093/dmj.2015.39.3.198>.  
DOI: <https://doi.org/10.4093/dmj.2015.39.3.198>

JAMI, M., GHANBARI, M., KNEIFEL, W., & DOMIG, K. J. Phylogenetic diversity and biological activity of culturable Actinobacteria isolated from freshwater fish gut microbiota. **Microbiological research**, v. 175, p. 6-15, 2015. URL: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0944501315000117?via%3Dihub>.  
DOI: <https://doi.org/10.1016/j.micres.2015.01.009>

JUGE, N. Relationship between mucosa-associated gut microbiota and human diseases. **Biochemical Society Transactions**, v. 50, n. 5, p. 1225-1236, 2022. URL: <https://portlandpress.com/biochemsoctrans/article/50/5/1225/231920/Relationship-between-mucosa-associated-gut>. DOI: <https://doi.org/10.1042/bst20201201>

KANG, S. S., JERALDO, P. R., KURTI, A., MILLER, M. E. B., COOK, M. D. *et al.* Diet and exercise orthogonally alter the gut microbiome and reveal independent associations with anxiety and cognition. **Molecular neurodegeneration**, v. 9, n. 1, p. 1-12, 2014. URL: <https://moleculareurodegeneration.biomedcentral.com/articles/10.1186/1750-1326-9-36>. DOI: <https://doi.org/10.1186/1750-1326-9-36>

KERN, T., BLOND, M. B., HANSEN, T. H., ROSENKILDE, M., QUIST, J. S. *et al.* Structured exercise alters the gut microbiota in humans with overweight and obesity—A randomized controlled trial. **International journal of obesity**, v. 44, n. 1, p. 125-135, 2020. URL: <https://www.nature.com/articles/s41366-019-0440-y>. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41366-019-0440-y>

KIM, S. K., GUEVARRA, R. B., KIM, Y. T., KWON, J., KIM, H. *et al.* Role of Probiotics in Human Gut Microbiome-Associated Diseases. **Journal of Microbiology and Biotechnology**, v.29, n.9, p.1335-1340, 2019. URL: <https://www.jmb.or.kr/journal/view.html?doi=10.4014/jmb.1906.06064>. DOI: <https://doi.org/10.4014/jmb.1906.06064>

KO, C. Y., LIU, Q. Q., SU, H. Z., ZHANG, H. P., FAN, J. M. *et al.* Gut microbiota in obstructive sleep apnea–hypopnea syndrome: disease-related dysbiosis and metabolic comorbidities. **Clinical Science**, v. 133, n. 7, p. 905-917, 2019. URL: <https://portlandpress.com/clinsci/article/133/7/905/218850/Gut-microbiota-in-obstructive-sleep-apnea-hypopnea>. DOI: <https://doi.org/10.1042/cs20180891>

KOBYLIAK, N., FALALYEYeva, T., BOYKO, N., TSYRYUK, O., BEREGOVA, T., OSTAPCHENKO, L. Probiotics and nutraceuticals as a new frontier in obesity prevention and management. **Diabetes research and clinical practice**, v. 141, p. 190-199, 2018. URL: [https://www.diabetesresearchclinicalpractice.com/article/S0168-8227\(18\)30394-2/fulltext](https://www.diabetesresearchclinicalpractice.com/article/S0168-8227(18)30394-2/fulltext). DOI: <https://doi.org/10.1016/j.diabres.2018.05.005>

KOBYLIAK, N., CONTE, C., CAMMAROTA, G., HALEY, A. P., STYRIAK, I., GASPAR.*et al.* Probiotics in prevention and treatment of obesity: a critical view. **Nutrition & metabolism**, v. 13, n. 1, p. 1-13, 2016. URL: <https://nutritionandmetabolism.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12986-016-0067-0>. DOI: <https://doi.org/10.1186/s12986-016-0067-0>

KODAIRA, K., ABE, F. C., GALVÃO, T. F., & SILVA, M. T. Time-trend in excess weight in Brazilian adults: A systematic review and meta-analysis. **Plos one**, v. 16, n. 9, p. e0257755, 2021. URL: <https://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0257755>. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0257755>

KUVAT, N.; TANRIVERDI, H.; ARMUTCU, F. The relationship between obstructive sleep apnea syndrome and obesity: A new perspective on the pathogenesis in terms of organ crosstalk. **The clinical respiratory journal**, v. 14, n. 7, p. 595-604, 2020. URL: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/crj.13175>. DOI: <https://doi.org/10.1111/crj.13175>

LAKES, J. E.; RICHARDS, C. I.; FLYTHE, M. D. Inhibition of Bacteroidetes and Firmicutes by select phytochemicals. **Anaerobe**, v. 61, p. 102145, 2020. URL: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S1075996419302173?via%3Dihub>. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.anaerobe.2019.102145>

LEO, E. E. M., PEÑAFIEL, A. M., ESCALANTE, V. M. H., & ARAUJO, Z. M. C. Ultra-processed diet, systemic oxidative stress, and breach of immunologic tolerance. **Nutrition**, v. 91, p. 111419, 2021. URL: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0899900721002811?via%3Dihub>. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.nut.2021.111419>

LI, J., SI, H., DU, H., GUO, H., DAI, H., XU, S., & WAN, J. Comparison of gut microbiota structure and Actinobacteria abundances in healthy young adults and elderly subjects: a pilot study. **BMC microbiology**, v. 21, p. 1-10, 2021. URL: <https://bmcmicrobiol.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12866-020-02068-z>. DOI: <https://doi.org/10.1186/s12866-020-02068-z>

MA, J., LIU, Z., GAO, X., BAO, Y., HONG, Y., HE, X., LI, H. Gut microbiota remodeling improves natural aging-related disorders through *Akkermansia muciniphila* and its derived acetic acid. **Pharmacological Research**, v. 189, p. 106687, 2023. URL: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1043661823000439?via%3Dihub>. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.phrs.2023.106687>

MAGNE, F., GOTTELAND, M., GAUTHIER, L., ZAZUETA, A., PESOA, S.*et al.* The firmicutes/bacteroidetes ratio: a relevant marker of gut dysbiosis in obese patients? **Nutrients**, v. 12, n. 5, p. 1474, 2020. URL: <https://www.mdpi.com/2072-6643/12/5/1474>. DOI: <https://doi.org/10.3390/nu12051474>

MAIOLI, T. U., BORRAS-NOGUES, E., TORRES, L., BARBOSA, S. C., MARTINS, V. D. *et al.* Possible benefits of *Faecalibacterium prausnitzii* for obesity-associated gut disorders. **Frontiers in Pharmacology**, v. 12, p. 740636, 2021. URL: <https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fphar.2021.740636>



<https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fphar.2021.740636/full>. DOI:  
<https://doi.org/10.3389/fphar.2021.740636>

MASOOD, A., ALSHEDDI, L., ALFAYADH, L., BUKHARI, B., ELAWAD, R.A. *et al.* Dietary and lifestyle factors serve as predictors of successful weight loss maintenance postbariatric surgery. **Journal of Obesity**, v. 2019, 2019. URL: <https://www.hindawi.com/journals/job/2019/7295978/>. DOI: <https://doi.org/10.1155/2019/7295978>

MAZLOOM, K.; SIDDIQI, I.; COVASA, M. Probiotics: how effective are they in the fight against obesity? **Nutrients**, v. 11, n. 2, p. 258, 2019. URL: <https://www.mdpi.com/2072-6643/11/2/258>. DOI: <https://doi.org/10.3390/nu11020258>

MITHIEUX, G. Gut microbiota and host metabolism: what relationship. **Neuroendocrinology**, v. 106, n. 4, p. 352-356, 2018. URL: <https://karger.com/nen/article/106/4/352/220401/Gut-Microbiota-and-Host-Metabolism-What>. DOI: <https://doi.org/10.1159/000484526>

MOHAJAN, D.; MOHAJAN, H. K. Obesity and Its Related Diseases: A New Escalating Alarming in Global Health. **Journal of Innovations in Medical Research**, v. 2, n. 3, p. 12-23, 2023. URL: <https://www.paradigmexpress.org/jimr/article/view/505>. DOI: <http://dx.doi.org/10.56397/JIMR/2023.03.04>

MORAES, A. C. F. D., SILVA, I. T. D., ALMEIDA-PITITTO, B. D., & FERREIRA, S. R. G. Microbiota intestinal e risco cardiometabólico: mecanismos e modulação dietética. **Arquivos Brasileiros de Endocrinologia & Metabologia**, v. 58, p. 317-327, 2014. URL: <https://www.scielo.br/j/abem/a/SGBSN5QjMxhM68xg6sbgcfJ/?lang=pt>. DOI: <https://doi.org/10.1590/0004-2730000002940>

MOLLAYEVA, T., THURAIRAJAH, P., BURTON, K., MOLLAYEVA, S., SHAPIRO, C. M. *et al.* The Pittsburgh sleep quality index as a screening tool for sleep dysfunction in clinical and non-clinical samples: A systematic review and meta-analysis. **Sleep medicine reviews**, v. 25, p. 52-73, 2016. URL: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S1087079215000210?via%3Dihub>. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.smrv.2015.01.009>

NARMAKI, E., BORAZJANI, M., ATAIE-JAFARI, A., HARIRI, N., DOOST, A. *et al.* The combined effects of probiotics and restricted calorie diet on the anthropometric indices, eating behavior, and hormone levels of obese women with food addiction: a randomized clinical trial. **Nutritional Neuroscience**, v. 25, n. 5, p. 963-975, 2022. URL: <https://www.tandfonline.com/doi/full/10.1080/1028415X.2020.1826763>. DOI: <https://doi.org/10.1080/1028415x.2020.1826763>

NIE, Q., CHEN, H., HU, J., TAN, H., NIE, S., & XIE, M. Effects of nondigestible oligosaccharides on obesity. **Annual Review of Food Science and Technology**, v. 11, p. 205-233, 2020. URL: <https://www.annualreviews.org/doi/10.1146/annurev-food-032519-051743>. DOI: <https://doi.org/10.1146/annurev-food-032519-051743>

PARK, S.; BAE, J. H. Probiotics for weight loss: a systematic review and meta-analysis. **Nutrition Research**, v. 35, n. 7, p. 566-575, 2015. URL: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0271531715001037?via%3Di> hub. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.nutres.2015.05.008>

PARKAR, S. G.; KALSBECK, A.; CHEESEMAN, J. F. Potential role for the gut microbiota in modulating host circadian rhythms and metabolic health. **Microorganisms**, v. 7, n. 2, p. 41, 2019. URL: <https://www.mdpi.com/2076-2607/7/2/41>. DOI: <https://doi.org/10.3390/microorganisms7020041>

PUSHPANATHAN, P., MATHEW, G. S., SELVARAJAN, S., SESHADRI, K. G., & SRIKANTH, P. Gut microbiota and its mysteries. **Indian Journal of Medical Microbiology**, v. 37, n. 2, p. 268-277, 2019. URL: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0255085720302668?via%3Di> hub. DOI: [https://doi.org/10.4103/ijmm.ijmm\\_19\\_373](https://doi.org/10.4103/ijmm.ijmm_19_373)

PERNA, S., ILYAS, Z., GIACOSA, A., GASPARRI, C., PERONI, G. *et al.* Is probiotic supplementation useful for the management of body weight and other anthropometric measures in adults affected by overweight and obesity with metabolic related diseases? A systematic review and meta-analysis. **Nutrients**, v. 13, n. 2, p. 666, 2021. URL: <https://www.mdpi.com/2072-6643/13/2/666>. DOI: <https://doi.org/10.3390/nu13020666>

PERUMPAIL, B. J., LI, A. A., JOHN, N., SALLAM, S., SHAH, N. D. *et al.* The therapeutic implications of the gut microbiome and probiotics in patients with NAFLD. **Diseases**, v. 7, n. 1, p. 27, 2019. URL: <https://www.mdpi.com/2079-9721/7/1/27>. DOI: <https://doi.org/10.3390/diseases7010027>

PROCHÁZKOVÁ, N., FALONY, G., DRAGSTED, L. O., LICHT, T. R., RAES, J. *et al.* Advancing human gut microbiota research by considering gut transit time. **Gut**, v. 72, n. 1, p. 180-191, 2023. URL: <https://gut.bmj.com/content/72/1/180>. DOI: <https://doi.org/10.1136/gutjnl-2022-328166>

QUIROGA, R., NISTAL, E., ESTÉBANEZ, B., PORRAS, D., JUÁREZ-FERNÁNDEZ, M. *et al.* Exercise training modulates the gut microbiota profile and impairs inflammatory signaling pathways in obese children. **Experimental & Molecular Medicine**, v. 52, n. 7, p. 1048-1061, 2020. URL: <https://www.nature.com/articles/s12276-020-0459-0>. DOI: <https://doi.org/10.1038/s12276-020-0459-0>

QUAN, Y.; ZHANG, K. X.; ZHANG, H.Y. The gut microbiota links disease to human genome evolution. **Trends in Genetics**, 2023. URL: [https://www.cell.com/trends/genetics/fulltext/S0168-9525\(23\)00032-X?\\_returnURL=https%3A%2F%2Flinkinghub.elsevier.com%2Fretrieve%2Fpii%2FS016895252300032X%3Fshowall%3Dtrue](https://www.cell.com/trends/genetics/fulltext/S0168-9525(23)00032-X?_returnURL=https%3A%2F%2Flinkinghub.elsevier.com%2Fretrieve%2Fpii%2FS016895252300032X%3Fshowall%3Dtrue). DOI: <https://doi.org/10.1016/j.tig.2023.02.006>

RAMOS, S.; MARTÍN, M. A. Impact of diet on gut microbiota. **Current Opinion in Food Science**, v. 37, p. 83-90, 2021. URL: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S2214799320300734?via%3Di>

hub. DOI: <http://dx.doi.org/10.1016/j.cofs.2020.09.006>

REHMAN, A., TYREE, S. M., FEHLBAUM, S., DUNNGALVIN, G., PANAGOS, C. G.*et al.* A water-soluble tomato extract rich in secondary plant metabolites lowers trimethylamine-n-oxide and modulates gut microbiota: A randomized, double-blind, placebo-controlled cross-over study in overweight and obese adults. **The Journal of Nutrition**, v. 153, n. 1, p. 96-105, 2023. URL: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0022316622131275?via%3Dihub>. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.tjnut.2022.11.009>

ROUXINOL-DIAS, A. L., PINTO, A. R., JANEIRO, C., RODRIGUES, D., MOREIRA, M.*et al.* Probiotics for the control of obesity—Its effect on weight change. **Porto Biomedical Journal**, v. 1, n. 1, p. 12-24, 2016. URL: [https://journals.lww.com/pbj/fulltext/2016/03000/probiotics\\_for\\_the\\_control\\_of\\_obesity\\_\\_\\_its\\_effect.5.aspx](https://journals.lww.com/pbj/fulltext/2016/03000/probiotics_for_the_control_of_obesity___its_effect.5.aspx). DOI: <https://doi.org/10.1016/j.pbj.2016.03.005>

ROSHANRAVAN, N., BASTANI, S., TUTUNCHI, H., KAFIL, B., NIKPAYAM, O.*et al.* A comprehensive systematic review of the effectiveness of *Akkermansia muciniphila*, a member of the gut microbiome, for the management of obesity and associated metabolic disorders. **Archives of Physiology and Biochemistry**, v. 129, n. 3, p. 741-751, 2023. URL: <https://www.tandfonline.com/doi/full/10.1080/13813455.2021.1871760>. DOI: <https://doi.org/10.1080/13813455.2021.1871760>

ROWLAND, I., GIBSON, G., HEINKEN, A., SCOTT, K., SWANN, J.*et al.* Gut microbiota functions: metabolism of nutrients and other food components. **European Journal of Nutrition**, v. 57, p. 1-24, 2018. URL: <https://link.springer.com/article/10.1007/s00394-017-1445-8>. DOI: <https://doi.org/10.1007/s00394-017-1445-8>

SALIM, F., MIZUTANI, S., ZOLFO, M., & YAMADA, T. Recent advances of machine learning applications in human gut microbiota study: from observational analysis toward causal inference and clinical intervention. **Current Opinion in Biotechnology**, v. 79, p. 102884, 2023. URL: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S095816692200218X?via%3Dihub>. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.copbio.2022.102884>

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. URL: <https://link.springer.com/article/10.1007/s11894-022-00859-0>. DOI: <https://doi.org/10.1007/s11894-022-00859-0>

SEN, P., MOLINERO-PEREZ, A., O'RIORDAN, K. J., MCCAFFERTY, C. P., O'HALLORAN, K. D.*et al.* Microbiota and sleep: awakening the gut feeling. **Trends in Molecular Medicine**, v. 27, n. 10, p. 935-945, 2021. URL: [https://www.cell.com/trends/molecular-medicine/fulltext/S1471-4914\(21\)00185-4?\\_returnURL=https%3A%2F%2Flinkinghub.elsevier.com%2Fretrieve%2Fpii%2FS1471491421001854%3Fshowall%3Dtrue](https://www.cell.com/trends/molecular-medicine/fulltext/S1471-4914(21)00185-4?_returnURL=https%3A%2F%2Flinkinghub.elsevier.com%2Fretrieve%2Fpii%2FS1471491421001854%3Fshowall%3Dtrue). DOI: <https://doi.org/10.1016/j.molmed.2021.07.004>

SHIRVANI-RAD, S., TABATABAEI-MALAZY, O., MOHSENI, S., HASANI-RANJBAR, S., SOROUSH, A. R. *et al.* Probiotics as a complementary therapy for management of obesity: a systematic review. **Evidence-Based Complementary and Alternative Medicine**, v. 2021, 2021. URL: <https://www.hindawi.com/journals/ecam/2021/6688450/>. DOI: <https://doi.org/10.1155/2021/6688450>

SIVAMARUTHI, B. S., KESIKA, P., SUGANTHY, N., & CHAIYASUT, C. A review on role of microbiome in obesity and antiobesity properties of probiotic supplements. **BioMed Research International**, v. 2019, 2019. URL: <https://www.hindawi.com/journals/bmri/2019/3291367/>. DOI: <https://doi.org/10.1155/2019/3291367>

SOHAIL, M. U., YASSINE, H. M., SOHAIL, A., & THANI, A. A. Impact of physical exercise on gut microbiome, inflammation, and the pathobiology of metabolic disorders. **Review of Diabetic Studies**, v. 15, n. 1, p. 35-48, 2019. URL: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/31380886/>. DOI: <https://doi.org/10.1900/rds.2019.15.35>

SONG, E. J., HAN, K., LIM, T. J., LIM, S., CHUNG, M. J. *et al.* Effect of probiotics on obesity-related markers per enterotype: a double-blind, placebo-controlled, randomized clinical trial. **EPMA Journal**, v. 11, p. 31-51, 2020. URL: <https://link.springer.com/article/10.1007/s13167-020-00198-y>. DOI: <https://doi.org/10.1007/s13167-020-00198-y>

STOJANOV, S.; BERLEC, A.; ŠTRUKELJ, B. The influence of probiotics on the firmicutes/bacteroidetes ratio in the treatment of obesity and inflammatory bowel disease. **Microorganisms**, v. 8, n. 11, p. 1715, 2020. URL: <https://www.mdpi.com/2076-2607/8/11/1715>. DOI: <https://doi.org/10.3390/microorganisms8111715>

SUZUKI, T. A., FITZSTEVENS, J. L., SCHMIDT, V. T., ENAV, H., HUUS, K. E. *et al.* Codiversification of gut microbiota with humans. **Science**, v. 377, n. 6612, p. 1328-1332, 2022. URL: <https://www.science.org/doi/10.1126/science.abm7759>. DOI: <https://doi.org/10.1126/science.abm7759>

SZULIŃSKA, M., ŁONIEWSKI, I., VAN HEMERT, S., SOBIESKA, M., & BOGDAŃSKI, P. Dose-dependent effects of multispecies probiotic supplementation on the lipopolysaccharide (LPS) level and cardiometabolic profile in obese postmenopausal women: A 12-week randomized clinical trial. **Nutrients**, v. 10, n. 6, p. 773, 2018. URL: <https://www.mdpi.com/2072-6643/10/6/773>. DOI: <https://doi.org/10.3390/nu10060773>

VALENTINI, F., EVANGELISTI, M., ARPINELLI, M., DI NARDO, G., BORRO, M. *et al.* Gut microbiota composition in children with obstructive sleep apnoea syndrome: a pilot study. **Sleep Medicine**, v. 76, p. 140-147, 2020. URL: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S1389945720304731?via%3Dihub>. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.sleep.2020.10.017>

VALLIANOU, N. G., KOUNATIDIS, D., TSILINGIRIS, D., PANAGOPOULOS, F.,  
ENCICLOPÉDIA BIOSFERA, Centro Científico Conhecer – Jandaia-GO, v.20 n.46; p. 351 2023

CHRISTODOULATOS, G. S.*et al.* The Role of Next-Generation Probiotics in Obesity and Obesity-Associated Disorders: Current Knowledge and Future Perspectives. **International Journal of Molecular Sciences**, v. 24, n. 7, p. 6755, 2023. URL: <https://www.mdpi.com/1422-0067/24/7/6755>. DOI: <https://doi.org/10.3390/ijms24076755>

VIJAY, A.; VALDES, A. M. Role of the gut microbiome in chronic diseases: a narrative review. **European Journal of Clinical Nutrition**, v. 76, n. 4, p. 489-501, 2022. URL: <https://www.nature.com/articles/s41430-021-00991-6>. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41430-021-00991-6>

WANG, K., MEHTA, R. S., MA, W., NGUYEN, L. H., WANG, D. D.*et al.* The gut microbiome modifies the associations of short-and long-term physical activity with body weight changes. **Microbiome**, v. 11, n. 1, p. 1-17, 2023. URL: <https://microbiomejournal.biomedcentral.com/articles/10.1186/s40168-023-01542-w>. DOI: <https://doi.org/10.1186/s40168-023-01542-w>

WANG, Z. B., XIN, S. S., DING, L. N., DING, W. Y., HOU, Y. L.*et al.* The potential role of probiotics in controlling overweight/obesity and associated metabolic parameters in adults: a systematic review and meta-analysis. **Evidence-based Complementary and Alternative Medicine**, v. 2019, 2019. URL: <https://www.hindawi.com/journals/ecam/2019/3862971/>. DOI: <https://doi.org/10.1155/2019/3862971>

WICIŃSKI, M., GĘBALSKI, J., GOŁĘBIEWSKI, J., & MALINOWSKI, B. Probiotics for the treatment of overweight and obesity in humans—a review of clinical trials. **Microorganisms**, v. 8, n. 8, p. 1148, 2020. URL: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/32751306/>. DOI: <https://doi.org/10.3390/microorganisms8081148>

ZHANG, J., NI, Y., QIAN, L., FANG, Q., ZHENG, T.*et al.* Decreased abundance of *Akkermansia muciniphila* leads to the impairment of insulin secretion and glucose homeostasis in lean type 2 diabetes. **Advanced Science**, v. 8, n. 16, p. 2100536, 2021. URL: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1002/advs.202100536>. DOI: <https://doi.org/10.1002/advs.202100536>