

Microbiota intestinal e doenças cardiovasculares: influências dos padrões alimentares no eixo intestino coração

Intestinal microbiota and cardiovascular diseases: influence of dietary patterns on the gut heart axis

Microbiota intestinal y enfermedades cardiovasculares: influencia de los patrones alimentarios en el eje intestino corazón

Recebido: 11/12/2025 | Revisado: 23/12/2025 | Aceitado: 24/12/2025 | Publicado: 25/12/2025

Wilson Mateus Dias Ferreira

ORCID: <https://orcid.org/0009-0006-8074-5775>

Universidade Federal do Pará, Brasil

E-mail: wmdias9@gmail.com

Alicia Rebeca Barbosa de Sousa

ORCID: <https://orcid.org/0009-0008-4997-8858>

Universidade Federal do Pará, Brasil

E-mail: Vanbarbosa2009@gmail.com

Juliana Calábria Rodrigues dos Santos

ORCID: <https://orcid.org/0009-0006-6215-8921>

Universidade Federal do Pará, Brasil

E-mail: julianacalabriadrigues@gmail.com

Luisa Margareth Carneiro da Silva

ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-9065-7879>

Universidade Federal do Pará, Brasil

E-mail: lmcarneiro@ufpa.br

Nina Nayara Ferreira Martins

ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-5194-9676>

Universidade Federal do Pará, Brasil

E-mail: nnmartinsnutricao@gmail.com

Resumo

Introdução: A microbiota intestinal participa de processos essenciais para a saúde metabólica e imunológica, e sua desregulação tem sido associada ao risco aumentado de doenças cardiovasculares. Metabólitos como o TMAO favorecem processos ateroscleróticos, enquanto ácidos graxos de cadeia curta possuem efeitos protetores. Nesse contexto, os padrões alimentares surgem como o principal modulador da composição microbiana. **Objetivo:** O objetivo desta revisão foi analisar como a microbiota intestinal influencia o desenvolvimento de doenças cardiovasculares e avaliar o papel dos padrões alimentares na modulação dessa relação. **Metodologia:** O estudo é uma revisão sistemática, e foi realizada nas bases PubMed, Lilacs e Medline, incluindo artigos publicados entre 2023 e novembro de 2025. Após aplicar critérios de inclusão e exclusão, 11 estudos foram selecionados. **Resultados:** Os resultados mostraram que dietas mediterrâneas e baseadas em plantas aumentam a diversidade microbiana e a abundância de bactérias produtoras de ácidos graxos de cadeia curta, o que melhora marcadores cardiometabólicos. Vários estudos identificaram espécies específicas, como *Oscillibacter*, associadas a níveis mais baixos de colesterol não-HDL, sugerindo papel direto no metabolismo lipídico. Metabólitos microbianos como PAGln e TMAO foram consistentemente relacionados ao aumento da inflamação e de eventos cardiovasculares. Fatores como sexo, etnia e idade também influenciaram o perfil microbiano associado ao risco cardiovascular. Além disso, intervenções com *Lactobacillus plantarum* demonstraram redução significativa dos níveis de TMAO. **Conclusão:** Conclui-se que padrões alimentares saudáveis são fundamentais para otimizar a microbiota intestinal e reduzir o risco cardiovascular.

Palavras-chave: Doenças cardiovasculares; Microbiota; Padrões alimentares; Eixo intestino coração.

Abstract

Introduction: The gut microbiota plays an essential role in metabolic and immune health, and its dysregulation has been associated with an increased risk of cardiovascular diseases. Metabolites such as TMAO promote atherosclerotic processes, whereas short-chain fatty acids exert protective effects. In this context, dietary patterns emerge as the main modulator of microbial composition. **Objective:** The aim of this review was to analyze how the gut microbiota influences the development of cardiovascular diseases and to evaluate the role of dietary patterns in modulating this relationship. **Methodology:** This study is a systematic review conducted in the PubMed, Lilacs, and Medline databases, including

articles published between 2023 and November 2025. After applying the inclusion and exclusion criteria, 11 studies were selected. Results: The results showed that Mediterranean and plant-based diets increase microbial diversity and the abundance of bacteria that produce short-chain fatty acids, which improve cardiometabolic markers. Several studies identified specific species, such as *Oscillibacter*, associated with lower non-HDL cholesterol levels, suggesting a direct role in lipid metabolism. Microbial metabolites such as PAGln and TMAO were consistently linked to increased inflammation and cardiovascular events. Factors such as sex, ethnicity, and age also influenced the microbial profile associated with cardiovascular risk. In addition, interventions using *Lactobacillus plantarum* demonstrated a significant reduction in TMAO levels. Conclusion: It is concluded that healthy dietary patterns are essential for optimizing the gut microbiota and reducing cardiovascular risk.

Keywords: Cardiovascular diseases; Microbiota; Dietary patterns; Gut–heart axis.

Resumen

Introducción: La microbiota intestinal desempeña un papel esencial en la salud metabólica e inmunológica, y su desregulación se ha asociado con un mayor riesgo de enfermedades cardiovasculares. Metabolitos como el TMAO favorecen procesos ateroscleróticos, mientras que los ácidos grasos de cadena corta ejercen efectos protectores. En este contexto, los patrones alimentarios surgen como el principal modulador de la composición microbiana. Objetivo: El objetivo de esta revisión fue analizar cómo la microbiota intestinal influye en el desarrollo de enfermedades cardiovasculares y evaluar el papel de los patrones alimentarios en la modulación de esta relación. Metodología: Este estudio es una revisión sistemática realizada en las bases de datos PubMed, Lilacs y Medline, e incluyó artículos publicados entre 2023 y noviembre de 2025. Tras aplicar los criterios de inclusión y exclusión, se seleccionaron 11 estudios. Resultados: Los resultados mostraron que las dietas mediterráneas y basadas en plantas aumentan la diversidad microbiana y la abundancia de bacterias productoras de ácidos grasos de cadena corta, lo que mejora los marcadores cardiometabólicos. Varios estudios identificaron especies específicas, como *Oscillibacter*, asociadas a niveles más bajos de colesterol no-HDL, lo que sugiere un papel directo en el metabolismo lipídico. Metabolitos microbianos como PAGln y TMAO se relacionaron consistentemente con un aumento de la inflamación y de los eventos cardiovasculares. Factores como el sexo, la etnia y la edad también influyeron en el perfil microbiano asociado al riesgo cardiovascular. Además, intervenciones con *Lactobacillus plantarum* demostraron una reducción significativa de los niveles de TMAO. Conclusión: Se concluye que los patrones alimentarios saludables son fundamentales para optimizar la microbiota intestinal y reducir el riesgo cardiovascular.

Palabras clave: Enfermedades cardiovasculares; Microbiota; Patrones alimentarios; Eje intestino-corazón.

1. Introdução

A microbiota intestinal vem sendo reconhecida como um pilar essencial na manutenção da homeostase corporal humana, desempenhando funções metabólicas, imunológicas e protetoras que influenciam diretamente em diversas manifestações fisiológicas (Sekirov *et al.*, 2010). Alterações em sua composição, fenômeno conhecido como disbiose, vem sendo associadas ao desenvolvimento de patologias crônicas, incluindo Diabetes Mellitus tipo 2 (DM2), Hipertensão Arterial Sistêmica (HAS), e doenças cardiovasculares (Santos *et al.*, 2025).

Nesse contexto, torna-se evidente que o intestino e o sistema cardiovascular possuem interação direta por meio de mecanismos metabólicos e imuno inflamatórios, constituindo assim o eixo intestino-coração. Dentre os principais mediadores desse eixo, se destacam os metabólitos produzidos pela microbiota intestinal, como a trimetilamina N óxido (TMAO), produzida a partir do metabolismo de compostos presentes em alimentos de origem animal.

Evidências clínicas demonstram que níveis elevados de TMAO estão associadas a um maior risco de doenças cardiovasculares, incluindo o infarto agudo do miocárdio e de mortalidade (Tang *et al.*; 2013).

Em contrapartida, alguns metabólitos benéficos com ácidos graxos de cadeia curta, que são originados a partir da fermentação das fibras alimentares, exercem efeito antiinflamatório e cardioprotetor, modulando a função endotelial e a resposta imunológica (Koh *et al.*, 2016).

Nesse cenário, os padrões alimentares desempenham papel importantíssimo na modulação da microbiota intestinal e consequentemente na saúde cardiovascular. Dietas ricas em gorduras saturadas, açúcares simples, aditivos alimentares e uma baixa ingestão de fibras, promovem redução na diversidade microbiana, aumento na permeabilidade intestinal e maior produção de metabólitos pró inflamatórios (Schroeder & Backhed., 2016; Zheng *et al.*, 2020)). Em contraste, padrões como a dieta

Mediterrânea e dietas baseadas em plantas favorecem maior diversidade microbiana e aumento de SCFAs, contribuindo para efeitos cardioprotetores (Estruch *et al.*, 2013; De Filippo *et al.*, 2010).

Além disso, o consumo frequente de carnes vermelhas e processadas eleva a disponibilidade de colina e L carnitina, favorecendo a formação do TMAO por vias dependentes da microbiota, fator que contribui para a progressão da aterosclerose e para a disfunção endotelial do intestino (Lavelle & Sokol 2020).

Em contraste, alguns padrões alimentares como a dieta mediterrânea e a dieta baseada em plantas (Plant based), caracterizadas por uma ingestão de frutas, vegetais, leguminosas dentre outros componentes, estimulam o crescimento de bactérias produtoras de ácidos graxos de cadeia curta, melhorando a resposta sistêmica e os marcadores cardiometabólicos (Garcia *et al.*, 2022).

Considerando que as doenças cardiovasculares permanecem como uma das principais causas de mortalidade no mundo, compreender como a alimentação influencia na microbiota e como esta por sua vez modula o risco cardiovascular é essencial para desenvolvimento de intervenções nutricionais eficazes (Roth *et al.*, 2020).

Alguns estudos destacam que essa relação é extremamente dinâmica, sensível a mudanças alimentares de curto prazo e modulada por fatores como idade, estado inflamatório e composição corporal. Evidências publicadas depois de 2020 reforçam que o uso de alimentos ricos em fibras, uso de prebióticos e probióticos auxiliam na redução da quantidade circulante de TMAO, melhorar função vascular, modular a pressão arterial e impactar diretamente nos desfechos clínicos vasculares (Chen *et al.*, 2022; Wu *et al.*, 2024).

Assim, é importante que sejam sintetizadas as evidências de forma crítica, contribuindo para o avanço científico e para desenvolvimento de estratégias nutricionais de prevenção das doenças cardiovasculares, baseadas na integração de microbiota intestinal e metabolismo cardiovascular. O objetivo desta revisão foi analisar como a microbiota intestinal influencia o desenvolvimento de doenças cardiovasculares e avaliar o papel dos padrões alimentares na modulação dessa relação

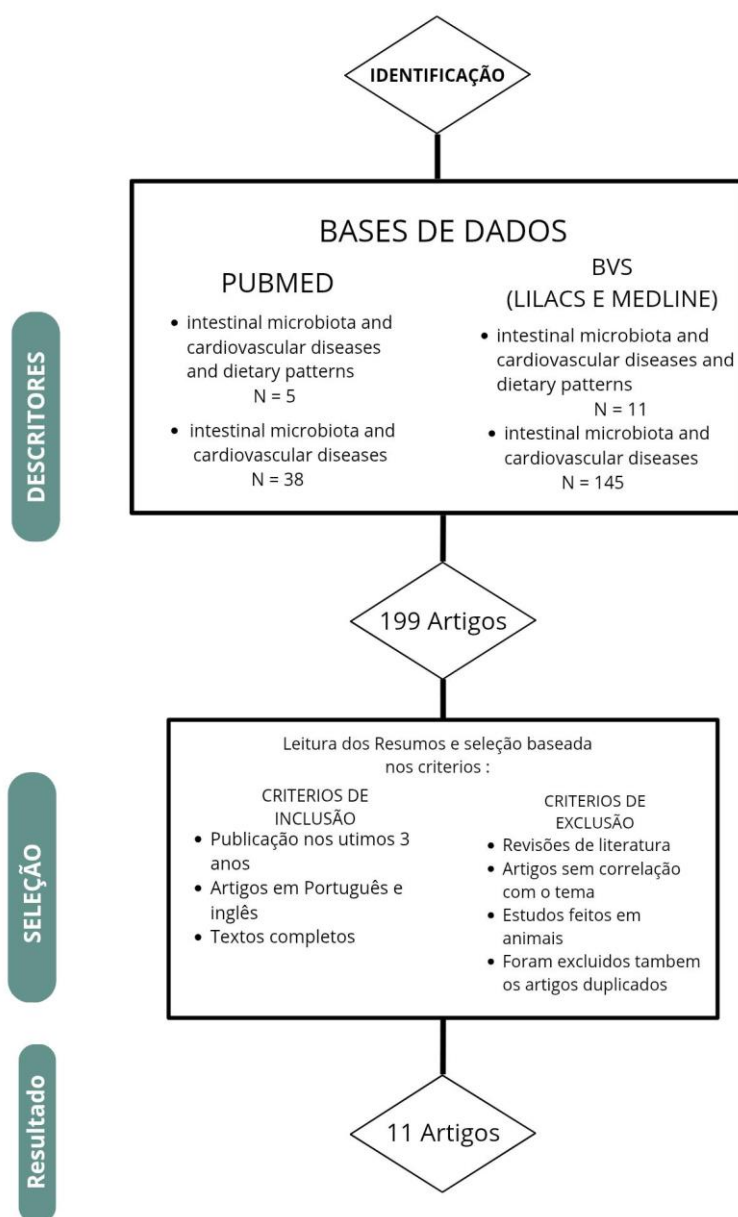
2. Metodologia

O presente estudo consiste em uma revisão bibliográfica integrativa (Snyder, 2019; Crosseti, 2012) de natureza quantitativa em relação a quantidade de 11 (onze) artigos selecionados para compor o “corpus” da pesquisa e, natureza qualitativa em relação a discussão realizada sobre os artigos selecionados (Pereira et al., 2018). O estudo trata-se de uma revisão sistemática, na qual foram utilizadas as seguintes bases de dados: PubMed; Portal Regional da Biblioteca Virtual de Saúde (Lilacs e Medline), para localizar artigos publicados no período de 2023 a novembro de 2025. Para as buscas, foram utilizados os seguintes descritores “intestinal microbiota” “cardiovascular diseases” “eating patterns” sendo articulados pelo operador booleano “AND”.

A seleção dos artigos foi pautada em critérios de inclusão e de exclusão, sendo os critérios de inclusão: Artigos publicados nos últimos 3 anos; Artigos em português e inglês; Artigos completos. Enquanto os critérios de exclusão foram: revisões de literatura, artigos onde não houvesse nenhuma relação com doenças cardiovasculares e microbiota intestinal, além de artigos que utilizaram animais ao invés de humanos.

Utilizando os descritores “intestinal microbiota and cardiovascular diseases” foram encontrados 183 artigos, já utilizando os descritores “intestinal microbiota and cardiovascular diseases and dietary patterns” foram encontrados 16 artigos, totalizando assim 199 artigos, e destes foram selecionados 11 para compor o estudo, e isso é mostrado na Figura 1, seguinte.

Figura 1 – Processo de seleção dos estudos.



Fonte: Autores (2025).

3. Resultados e Discussão

Os 11 artigos selecionados para compor o “corpus” do estudo estão presentes no quadro 1 a seguir, em ordem crescente de publicação

Quadro 1— Artigos selecionados para compor o estudo.

Autor/ Ano/ Título	Objetivo E Método	Resultados	Conclusão
Romano <i>et al</i> 2023 Fenilacetilglutamina gerada pela microbiota intestinal e em insuficiências cardíacas	Analisar a influência da Fenilacetilglutamina no desenvolvimento de IC. Estudo clínico randomizado	Tanto a PAGln quanto seu análogo murino, a fenilacetilglicina, promoveu diretamente fenótipos relevantes para a insuficiência cardíaca, incluindo a redução da contração do sarcômero dos cardiomiócitos e a diminuição da expressão do gene do peptídeo natriurético tipo B em cardiomiócitos cultivados e em tecido atrial murino.	O estudo revela que o metabólito microbiano intestinal PAGln está clinicamente ligado à presença e gravidade de insuficiência cardíaca. A modulação do microbioma intestinal, em geral, e a produção de PAGln, em particular, podem representar um alvo terapêutico potencial para a modulação da insuficiência cardíaca.
Atzeni <i>et al.</i> 2023 Qualidade dos carboidratos, microbiota fecal e saúde cardiometabólica em adultos idosos: um estudo de coorte	Investigar se amostras fecais e sanguíneas refletem de maneira diferente as associações entre a microbiota intestinal e doenças cardiometabólicas, comparando metabólitos presentes em ambos os compartimentos. Estudo de coorte	Aumento do CQI ao longo de um ano correlacionou-se com melhorias nos fatores cardiometabólicos e alterações favoráveis na microbiota.	Melhor qualidade de carboidratos na dieta melhora a diversidade e a composição da microbiota fecal, promovendo um perfil microbiano associado a melhor saúde cardiometabólica. Intervenções dietéticas focadas em carboidratos de maior qualidade podem modular a microbiota e reduzir risco cardiovascular
Peters <i>et al</i> 2023 Padrões alimentares saudáveis estão associados ao microbioma intestinal em Estudo de Saúde da Comunidade Hispânica/Estudo dos Latinos	O estudo buscou examinar as relações entre 3 padrões alimentares saudáveis — a dieta mediterrânea alternativa Coorte comunitária multicêntrica	Algumas espécies de Clostridia associadas a padrões alimentares saudáveis foram relacionadas a características cardiometabólicas mais favoráveis, como níveis mais baixos de triglicerídeos e menor relação cintura-quadril.	Padrões alimentares saudáveis nessa população estão associados a uma maior abundância de espécies de Clostridia fermentadoras de fibras no intestino.
Xue <i>et al.</i> , 2024 Perfil do microbioma intestinal e do metaboloma na Framingham Heart Study revela bactérias envolvidas no metabolismo do colesterol	Analisar a composição da microbiota intestinal e do metaboloma fecal em relação a marcadores lipídicos e fatores de risco cardiovascular na coorte da Framingham Heart Study. Coorte observacional	Identificaram vias microbianas associadas ao metabolismo do colesterol, flavonoides e γ -butyrobetaina; descobriram que espécies do gênero Oscillibacter se correlacionam com menores níveis de colesterol fecal e plasmático	Bactérias do gênero Oscillibacter podem ter papel funcional no metabolismo do colesterol humano, oferecendo potencial terapêutico para homeostase lipídica e redução de risco cardiovascular.
Warmbrunn <i>et al</i> 2024 Redes de bactérias intestinais relacionadas a doenças cardiovasculares em uma população multiétnica: o estudo HELIUS	Avaliar a relação entre as redes tróficas da microbiota intestinal e os fenótipos de DCV. Estudo prospectivo	Foi identificada uma forte associação inversa entre os níveis de lipídios no sangue, o risco de doenças cardiovasculares e a abundância combinada dos microrganismos correlacionados Christenseniaceae Methanobrevibacter–Ruminococcus (CMR)	Certos microrganismos intestinais podem ter uma relação potencialmente causal com eventos cardiovasculares, com possíveis efeitos específicos de cada etnia.

Garcia-Hernandez <i>et al.</i> 2024 Diferenças específicas de sexo na microbiota intestinal associadas a doenças cardiovasculares	Avaliar as variações na microbiota intestinal entre homens e mulheres com DCA e compará-las com um grupo controle sem DCV. Ensaio Clínico	resultados mostraram uma variação específica por sexo (diversidade beta) na microbiota intestinal, enquanto a diversidade alfa... A prevalência de doença cardiovascular (DCV) permaneceu consistente em ambos os sexos	Os resultados sugerem uma disbiose específica por sexo na microbiota intestinal associada à doença coronariana, potencialmente relacionada contribuindo para a disparidade entre os sexos observada na incidência de doenças cardiovasculares.
Zhou <i>et al.</i> 2024 A Relação Causal entre Microbiota Intestinal e Fibrilação Atrial: Um Estudo de Randomização Mendeliana de Duas Amostras	O presente estudo utilizou dados públicos de estudos de associação genômica ampla para explorar a causalidade entre MI e FA. Ensaio clínico randomizado	O método de ponderação de variância inversa indicou que Actinobacteria, Firmicutes, Alloprevotella, Bifidobacterium, Blautia, Eggerthella, Howardella, Ruminococcaceae UCG004 e Ruminococcus 1 foram negativamente correlacionados com FA, ao passo que Pasteurellales, Pasteurellaceae, Oxalobacter, Ruminiclostridium5 e Tricobacter foram positivamente correlacionados	Este estudo fornece evidências da existência de causalidade favorável e desfavorável da MI no risco de FA.
Spasova <i>et al.</i> 2024 Efeito da suplementação com <i>Lactobacillus plantarum</i> nos níveis de trimetilamina-N-óxido em 30 pacientes com doença cardiovascular aterosclerótica: um ensaio clínico randomizado duplo-cego.	O objetivo do presente estudo foi investigar o efeito da suplementação com <i>Lactobacillus plantarum</i> GLP3 nos níveis de TMAO em 30 pacientes com histórico de doença cardiovascular aterosclerótica após 12 semanas de tratamento. Ensaio clínico randomizado	Os pacientes que receberam tratamento com probióticos apresentaram uma diminuição significativa nos níveis de TMAO	A suplementação com o probiótico <i>Lactobacillus plantarum</i> GLP3 reduziu os níveis de TMAO em pacientes com altíssimo risco de doenças cardiovasculares.
Zhou <i>et al.</i> 2025 O metabolismo da microbiota intestinal está ligado a variações nos níveis circulantes de colesterol não-HDL (lipoproteína de alta densidade).	Analisar a relação da microbiota intestinal com os níveis circulantes de colesterol não-HDL Ensaio clínico randomizado	A diminuição de Eubacterium rectale, mas o aumento de Clostridium sp CA G 299, estiveram causalmente relacionados a um nível mais elevado de colesterol não-HDL. Um total de 16 capacidades microbianas foram consideradas independentemente e associadas ao colesterol não-HDL após correção para idade, sexo, dados demográficos, estilo de vida e comorbidades, com a associação mais forte observada para o ciclo do ácido tricarboxílico (TCA). Além disso, a diminuição do ácido 3-indolpropiónico e da N-metiltryptamina, resultante da supressão da capacidade microbiana de redução do ciclo do TCA, funcionou como um importante efêtor microbiano para a elevação do colesterol não-HDL circulante.	De modo geral, nossas descobertas forneceram informações sobre os efeitos causais dos micróbios intestinais no colesterol não-HDL e revelaram uma nova ligação entre o colesterol não-HDL e o metabolismo microbiano, destacando a possibilidade de regular o colesterol não-HDL por meio de intervenções que modificam a microbiota.
Jin <i>et al.</i> 2025 Associação do índice dietético da microbiota intestinal com o risco de doença cardiovascular: novas	investigar a associação entre o DI-GM e a prevalência de DCV. Ensaio Clínico Randomizado	o grupo com o escore DIGM mais alto (6–12) apresentou um risco 13% menor de DCV em comparação ao grupo com o escore DI-GM mais baixo (Uma pontuação mais alta no DI-GM protege contra doenças cardiovasculares, fornecendo suporte empírico crucial para estratégias de intervenção dietética baseadas na modulação da microbiota intestinal.

evidências do NHANES 2007–2018			
Atzeni <i>et al.</i> , 2025 Relação entre o consumo de alimentos ultraprocessados, a microbiota fecal e os perfis metabólicos em idosos mediterrâneos com alto risco cardiovascular.	Explorar as associações transversais e longitudinais entre o consumo de alimentos ultraprocessados classificados pelo NOVA a microbiota fecal em idosos mediterrâneos com alto risco cardiovascular. Ensaio clínico randomizado com delineamento transversal longitudinal e observacional	Na avaliação inicial um maior consumo de alimentos ultraprocessados foi associado a uma menor abundância de Ruminococcaceae sedis e a menores concentrações de propionilcarnitina e ácido pipecólico	O alto consumo de alimentos ultraprocessados foi associado a uma microbiota e perfis metabólicos menos favoráveis, sugerindo uma possível ligação a redução da produção de ácidos graxos de cadeia curta

Fonte: Autores (2025).

Os estudos analisados apresentam achados consistentes demonstrando que os padrões alimentares modulam profundamente a microbiota intestinal e que essa modulação repercute em vias metabólicas, inflamatórias e hemodinâmicas diretamente relacionadas ao risco cardiovascular. Embora cada estudo utilize metodologias distintas, desde coortes populacionais até ensaios clínicos, observa-se convergência em três eixos principais: diversidade microbiana, produção de metabólitos microbianos e impacto fisiopatológico cardiovascular.

Peters *et al.* (2023), ao avaliar diferentes padrões alimentares em adultos hispânicos/latinos, demonstraram que dietas de melhor qualidade nutricional aumentam a diversidade microbiana e a abundância de bactérias fermentadoras de fibras, como (*Eubacterium*) eligens e *Butyrivibrio crossotus*. Esses achados dialogam diretamente com os resultados observados por Atzeni *et al.* (2023), cujo foco foi a qualidade dos carboidratos. Ambos mostram que alimentos ricos em fibras e carboidratos complexos promovem espécies produtoras de ácidos graxos de cadeia curta (AGCC), especialmente butirato, indicando um mecanismo comum: padrões alimentares saudáveis convergem para uma microbiota com maior capacidade fermentativa e anti-inflamatória.

Quando comparados, percebe-se que Peters *et al.* (2023) analisam padrões alimentares globais (como dieta mediterrânea e HEI-2015), enquanto Atzeni *et al.* (2023) isolam um componente específico da qualidade dos carboidratos. Apesar da diferença metodológica, ambos revelam que a alimentação atua como principal determinante da diversidade e composição microbiana, sendo que dietas pobres em fibras reduzem marcadamente a abundância de bactérias benéficas. Esse paralelismo reforça a robustez da relação dieta–microbiota–coração.

Além da dieta, fatores demográficos modulam esses efeitos. Warmbrunn *et al.* (2024), ao comparar grupos étnicos distintos, revelam que a resposta microbiana à dieta não é uniforme: diferenças persistem mesmo após ajuste para ingestão alimentar e estilo de vida. De forma complementar, García-Fernández *et al.* (2024) mostraram que homens e mulheres com doença arterial coronariana apresentam perfis de disbiose significativamente diferentes, sugerindo que fatores hormonais e imunológicos modulam a interação entre dieta e microbioma. A combinação desses dois estudos evidencia que a microbiota é sensível tanto ao ambiente nutricional quanto às características individuais, o que ajuda a explicar a variabilidade observada entre populações.

Um ponto crítico emergente é a influência dos metabólitos derivados da microbiota. Romano *et al.* (2022) demonstraram que a fenilacetilglutamina (PAGln), produto microbiano da metabolização da fenilalanina, aumenta a reatividade plaquetária e está associada a disfunção cardíaca. Esse achado estabelece um elo direto entre microbiota e hiperatividade simpática cardiovascular. O estudo de Spasova *et al.* (2024) reforça essa perspectiva metabólica ao mostrar que a suplementação com *Lactobacillus plantarum* reduz significativamente níveis plasmáticos de TMAO em pacientes com doença aterosclerótica

estabelecida. Quando comparados, esses estudos demonstram que a microbiota pode produzir tantos metabólitos protetores (AGCC) quanto nocivos (TMAO e PAGln), dependendo da composição bacteriana, que por sua vez depende da dieta.

No campo do metabolismo lipídico, Xue *et al.* (2024) trouxeram evidências altamente inovadoras ao mostrar que espécies do gênero *Oscillibacter* se associam inversamente aos níveis de colesterol total e colesterol não-HDL, além de possuírem capacidade de metabolizar colesterol *in vitro*.

Esse estudo complementa os achados de Peters *et al.* (2023) e Atzeni *et al.* (2023), ao sugerir que a dieta não apenas modela a microbiota, mas também influencia vias lipídicas através de espécies bacterianas específicas que metabolizam colesterol. Assim, tanto a diversidade microbiana quanto a presença de bactérias funcionais são essenciais para um perfil cardiometabólico saudável.

Enquanto isso, Zhou *et al.* (2024) avançam para um domínio ainda pouco explorado: a relação entre microbiota e arritmias. Utilizando randomização mendeliana, os autores demonstraram que certos gêneros bacterianos exercem efeito causal sobre o risco de fibrilação atrial, com *Bifidobacterium* apresentando efeito protetor e *Erysipelatoclostridium* aumentando o risco. Esse estudo amplia a compreensão do eixo intestino-coração ao indicar que o impacto microbiano não se limita à aterosclerose, mas envolve também modulação autonômica, inflamatória e elétrica cardíaca.

Por fim, o estudo HELIUS (Warmbrunn *et al.*, 2024) evidencia que a microbiota não atua como espécies isoladas, mas como redes tróficas integradas, onde grupos bacterianos codependentes modulam fenótipos cardiometabólicos. Ao comparar com Xue *et al.* (2024), que identificam espécies isoladas com papel funcional no metabolismo do colesterol, fica evidente que ambos os níveis de espécie e rede ecológica são fundamentais na modulação do risco cardiovascular.

A relação entre os estudos é clara: padrões alimentares saudáveis favorecem uma microbiota anti-inflamatória e metabolicamente benéfica, enquanto dietas ocidentais favorecem a disbiose, aumento de metabólitos tóxicos e piora de vias cardiometabólicas. A comparação entre intervenções dietéticas (Peters; Atzeni), análises sociodemográficas (Warmbrunn; García-Fernández), estudos metabólicos (Romano; Spasova), investigações funcionais (Xue) e análises genéticas (Zhou) revela que o eixo intestino-coração é um fenômeno multifacetado, mas com a alimentação como principal determinante modificável.

Em síntese, os estudos analisados demonstram de forma integrada que a dieta é o fator mais poderoso na modulação da microbiota intestinal e que essa modulação influencia diretamente o risco cardiovascular por meio de mudanças em espécies bacterianas-chave, redes microbianas, metabolômica intestinal e sistêmica e ativação de vias fisiopatológicas relevantes. A consistência dos resultados reforça que intervenções alimentares bem estruturadas são uma estratégia central e altamente eficaz para prevenir e mitigar doenças cardiovasculares a partir da modulação do eixo intestino-coração

4. Conclusão

Os achados desta revisão sistemática demonstram que a microbiota intestinal desempenha papel importantíssimo na fisiopatologia das doenças cardiovasculares e que os padrões alimentares são o principal modulador ambiental, capaz de influenciar diretamente essa relação. Dietas caracterizadas pela ingestão de alimentos que favoreçam a microbiota como carboidratos complexos, fibras, e alimentos de origem vegetal, auxiliam aumentando a diversidade microbiana e favorecendo o crescimento de bactérias benéficas, que por sua vez resultam em uma maior produção de metabólitos anti-inflamatórios, se traduzindo assim em um menor risco cardiovascular. Em contrapartida, padrões alimentares ocidentais, com grande atividade de gordura saturada, promovem a disbiose e favorecem a produção de metabólitos tóxicos, aumentando o risco do aparecimento de doenças cardiovasculares, além de que outras variáveis como sexo, etnia, idade e condições clínicas também são determinantes. Nesse contexto, é necessário que as intervenções alimentares sejam feitas de forma personalizada, com estratégias específicas

para a condição de cada indivíduo, buscando uma modulação positiva dessa microbiota tanto para prevenção quanto para manejo das doenças cardiovasculares, promovendo a saúde do eixo intestino coração e o bem-estar do paciente.

Referências

- Atzeni, A., Hernández-Cacho, A., Khoury, N., Babio, N., Belzer, C., Vioque, J., Corella, D., Fitó, M., Clish, C., Vidal, J., Konstanti, P., Gonzales-Palacios, S., Coltell, O., Goday, A., Moreno-Indias, I., Carlos-Chillerón, S., Ruiz-Canela, M., Tinahones, F. J., Hu, F. B., & Salas-Salvadó, J. (2025). The link between ultra-processed food consumption, fecal microbiota, and metabolomic profiles in older Mediterranean adults at high cardiovascular risk. *Nutrition Journal*, 24, 62.
- Atzeni, A., Babio, N., Muriel-Gómez, C., König, J., Mendaña, M. X., Tondo, M., Salas-Salvadó, J., & Farràs, M. (2023). Long-term modulations of human gut microbiota following improvements in carbohydrate quality. *Scientific Reports*, 13, 12345.
- Crossetti, M. G. O. (2012). Revisão integrativa de pesquisa na enfermagem o rigor científico que lhe é exigido. *Rev Gaúcha Enferm.* 33(2):8-9.
- Chen, M.-L., Yi, L., Zhang, Y., Zhou, X., Ran, L., Yang, J., Zhu, J.-D., Zhang, Q.-Y., Mi, M.-T. (2022). Gut microbiota-derived metabolites and cardiovascular diseases: Therapeutic potential. *Pharmacology & Therapeutics*, 230, 107–135.
- De Filippo, C., Cavalieri, D., Di Paola, M., Ramazzotti, M., Poulet, J.-B., Massart, S., Collini, S., Pieraccini, G., & Lionetti, P. (2010). Impact of diet in shaping gut microbiota revealed by a comparative study in children from Europe and rural Africa. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 107(33), 14691–14696.
- Estruch, R., Ros, E., Salas-Salvadó, J., Covas, M. I., Corella, D., Arós, F., Gómez-Gracia, E., Ruiz-Gutiérrez, V., Fiol, M., Lapetra, J., Lamuela-Raventós, R. M., Serra-Majem, L., Pintó, X., Basora, J., Muñoz, M. A., Sorlí, J. V., Martínez, J. A., & Martínez-González, M. A. (2013). Primary prevention of cardiovascular disease with a Mediterranean diet. *New England Journal of Medicine*, 368(14), 1279–1290.
- Garcia, A., Hernández, L., López-Moreno, J., Rubio, L., Martín-Peláez, S., & Pérez, M. (2022). Diet, gut microbiota and cardiovascular health: Insights from clinical and experimental studies. *Journal of Nutritional Science*, 11, 1–14.
- García-Hernández, I., Martínez-Rodríguez, C., Sánchez-Romero, A., Pérez-Navarro, L., Rivas-Santiago, C., Rosas-de León, A., & Hernández-Vera, M. (2024). Sex-specific gut microbiota signatures associated with coronary artery disease. *Biology of Sex Differences*, 15, 1–14.
- Jin, J., Sun, X., & Wang, L. (2025). Association of the gut microbiota dietary index with cardiovascular disease risk: New evidence from NHANES 2007–2018. *Nutrients*, 16, 1–12.
- Koh, A., De Vadder, F., Kovatcheva-Datchary, P., & Bäckhed, F. (2016). From dietary fiber to host physiology: Short-chain fatty acids as key bacterial metabolites. *Cell*, 165(6), 1332–1345.
- Lavelle, A., & Sokol, H. (2020). Gut microbiota-derived metabolites as key modulators of immunity and disease. *Nature Reviews Gastroenterology & Hepatology*, 17, 459–471.
- Pereira, A. S. et al. (2018). Metodologia da pesquisa científica. [free ebook]. Santa Maria. Editora da UFSM
- Peters, B. A., Xing, J., Chen, G.-C., Usyk, M., Wang, Z., McClain, A. C., Thyagarajan, B., Daviglius, M. L., Sotres-Alvarez, D., Hu, F. B., Knight, R., Burk, R. D., Kaplan, R. C., & Qi, Q. (2023). Healthy dietary patterns are associated with the gut microbiome in Hispanic/Latino adults (HCHS/SOL Study). *American Journal of Clinical Nutrition*, 118(3), 512–523.
- Romano, K. A., Martinez-Del Campo, A., Kasahara, K., Chittim, C. L., Vivas, E. D., Amador-Noguez, D., Balskus, E. P., & Rey, F. E. (2023). Gut microbiota-generated phenylacetylglutamine and heart failure. *Cell*, 185(2), 291–305.
- Roth, G. A., Mensah, G. A., Johnson, C. O., Addolorato, G., Ammirati, E., Baddour, L. M., Barengo, N. C., Beaton, A. Z., Birgitte, L., Bolliger, R., Buse, J. B., Cho, I.-J., Cooper, L., Criqui, M. H., Cullis, J., Desai, R., Ding, D., Doros, G., Estep, J. D., & Murray, C. J. L. (2020). Global burden of cardiovascular diseases and risk factors, 1990–2019. *Journal of the American College of Cardiology*, 76(25), 2982–3021.
- Santos, B. S., Araújo Junior, J. P., Santos, A. S. C., Leal, J. A., Santos, L. A., Santana, U. S., & Santana do Sacramento, M. (2025). Atualização sobre microbiota intestinal e doenças cardiovasculares. *Revista dos Seminários de Iniciação Científica*
- Schroeder, B. O., & Bäckhed, F. (2016). Signals from the gut microbiota to distant organs in physiology and disease. *Nature Medicine*, 22(10), 1079–1089.
- Sekirov, I., Russell, S. L., Antunes, L. C. M., & Finlay, B. B. (2010). Gut microbiota in health and disease. *Physiological Reviews*, 90(3), 859–904
- Spasova, N., Somleva, D., Krastev, B., Tropcheva, R., Svinarov, D., Kundurzhiev, T., Kinova, E., & Goudev, A. (2024). Daily intake of *Lactobacillus plantarum* reduces plasma TMAO levels in adults: A randomized, double-blind, placebo-controlled clinical trial. *Folia Medica*, 66(5),
- Snyder, H. (2019). Literature review as a research methodology: An overview and guidelines. *Journal of Business Research*, Elsevier. 104(C), 333-9.
- Tang, W. H. W., Wang, Z., Levison, B. S., Koeth, R. A., Britt, E. B., Fu, X., Wu, Y., Hazen, J. E., DiDonato, J. A., & Hazen, S. L. (2013). Intestinal microbial metabolism of phosphatidylcholine and cardiovascular risk. *New England Journal of Medicine*, 368(17), 1575–1584.
- Warmbrunn, M. V., Boulund, U., Aron-Wisniewsky, J., Goffau, M., Abeka, R. E., Davids, M., Bresser, L. R. F., Levin, E., Clement, K., Galenkamp, H., Ferwerda, B., van den Born, B.-J. H., Kurilshikov, A., Fu, J., Zwinderman, A. H., Soeters, M. R., van Raalte, D. H., Herrema, H., Groen, A. K., & Nieuwdorp, M. (2024). Networks of gut bacteria relate to cardiovascular disease in a multiethnic population: The HELIUS study. *Cardiovascular Research*, 120, 1–12.

Wu, X., Zhang, C., Li, T., Huang, Q., Zhao, Y., Wang, Y., Zhou, L., Chen, M., Sun, X., Liu, R., & Liu, C. (2024). Dietary modulation of gut microbiota and metabolic markers in cardiovascular disease: A randomized controlled trial. *Gut Microbes*, 16(1), 2271290.

Yu, J., Wu, Y., Zhu, Z., & Lu, H. (2025). Dietary patterns and modulation of gut microbiota in cardiometabolic diseases: Evidence from clinical trials. *Journal of Nutritional Science*, 14, 1–12.

Xue, M., Zheng, Y., Zhang, J., Liang, C., Yan, S., Wang, F., Zhao, H., Liu, Y., Dong, Y., & Li, X. (2024). Gut bacterial species *Oscillibacter* is negatively associated with non-HDL cholesterol levels in adults and metabolizes cholesterol in vitro. *Nature Communications*, 15, 1234.

Zheng, D., Liwinski, T., & Elinav, E. (2020). Western diet-induced alterations in gut microbiota and inflammation. *Nutrients*, 12(6), 1706.