



ALIMENTOS ULTRAPROCESSADOS E MICROBIOTA INTESTINAL EM ADULTOS: INFLUÊNCIA DA INGESTÃO DE FIBRAS E POSSÍVEIS IMPLICAÇÕES METABÓLICAS

EMERSON FRANCISCO MATOS CÂMARA

RESUMO

O consumo de alimentos ultraprocessados tem sido associado a diferentes desfechos adversos à saúde, enquanto alterações da microbiota intestinal são investigadas como possível interface biológica dessa relação. A interpretação dessas associações é dificultada pelo fato de padrões alimentares com maior participação de ultraprocessados frequentemente apresentarem menor ingestão de fibras e menor qualidade global da dieta. Esta revisão de escopo teve como objetivo mapear as evidências disponíveis em adultos sobre a relação entre consumo de alimentos ultraprocessados e microbiota intestinal, examinando a influência da ingestão de fibras e possíveis implicações metabólicas. Foram pesquisadas PubMed/MEDLINE, Biblioteca Virtual em Saúde/LILACS e SciELO até 28 de agosto de 2026, além de rastreamento complementar de referências. Foram incluídos estudos originais em adultos com avaliação do consumo ou restrição de ultraprocessados e mensuração direta da microbiota intestinal. Onze estudos compuseram o corpus analítico, com predomínio de desenhos observacionais; nove utilizaram sequenciamento do gene 16S do RNA ribossômico e dois empregaram metagenômica shotgun. As associações ocorreram principalmente em grupos taxonômicos específicos e variaram entre populações, sem caracterizar assinatura microbiana uniforme. Os achados sobre diversidade global também foram heterogêneos. A consideração da ingestão de fibras foi desigual entre os estudos; algumas associações foram atenuadas após ajustes nutricionais, enquanto outras persistiram. Um ensaio clínico randomizado identificou alterações específicas da microbiota após intervenção destinada à redução de ultraprocessados. Apesar da coexistência de alterações microbiológicas e metabólicas em alguns estudos, não foi demonstrada mediação causal da microbiota. A literatura atual sustenta associação entre ultraprocessados e características do ecossistema intestinal, mas ainda não permite separar completamente os efeitos do processamento daqueles relacionados à composição e à qualidade global da dieta.

Palavras-chave: Dieta; Nutrição; Saúde Pública.

1 INTRODUÇÃO

Os alimentos ultraprocessados correspondem ao grupo 4 da classificação NOVA, que organiza os alimentos segundo a natureza, a extensão e a finalidade do processamento industrial. Esses produtos consistem, em geral, em formulações produzidas a partir de substâncias derivadas de alimentos e ingredientes de uso predominantemente industrial, frequentemente associados a aditivos destinados a modificar propriedades sensoriais e tecnológicas (Monteiro et al., 2019). No Brasil, o Guia Alimentar para a População Brasileira recomenda que alimentos in natura ou minimamente processados constituam a base da alimentação e orienta evitar o consumo de ultraprocessados (Brasil, 2014). A temática

apresenta, portanto, relevância direta para a promoção da alimentação adequada e saudável e para a Saúde Pública.

A literatura epidemiológica que relaciona a exposição a ultraprocessados a desfechos adversos cresceu substancialmente. Uma revisão guarda-chuva publicada em 2024 reuniu 45 análises agregadas, correspondentes a 9.888.373 participantes, identificando associações entre maior exposição e diversos desfechos, particularmente cardiometabólicos, mortalidade e saúde mental. Entretanto, a qualidade e a força das evidências variaram entre os desfechos avaliados, e grande parte da literatura permanece observacional (Lane et al., 2024).

A microbiota intestinal tem sido proposta como uma possível interface biológica entre o padrão alimentar e esses desfechos. Entretanto, dietas com maior participação de ultraprocessados podem apresentar simultaneamente menor ingestão de fibras, menor consumo de alimentos vegetais, diferenças na matriz alimentar e alterações na composição nutricional. Além disso, embora aditivos alimentares sejam investigados como possíveis moduladores do ambiente intestinal, parte relevante da evidência mecanística ainda deriva de modelos animais ou in vitro, sendo mais limitada a evidência intervencionista em humanos (Whelan et al., 2024).

Essa sobreposição dificulta determinar se alterações da microbiota estão relacionadas especificamente ao grau de processamento ou ao conjunto de características do padrão alimentar. Assim, esta revisão teve como objetivo mapear e sintetizar as evidências disponíveis em adultos sobre a associação entre consumo de alimentos ultraprocessados e composição ou função da microbiota intestinal, examinando a influência da ingestão de fibras e da qualidade global da dieta e identificando possíveis implicações metabólicas.

2 MATERIAL E MÉTODOS

Foi realizada uma revisão de escopo orientada pelas recomendações metodológicas do Joanna Briggs Institute (JBI) e pelo PRISMA-ScR, Preferred Reporting Items for Systematic Reviews and Meta-Analyses Extension for Scoping Reviews, para organização e relato do processo de identificação e seleção das evidências (Peters et al., 2024; Tricco et al., 2018). O PRISMA-ScR constitui extensão específica para revisões de escopo.

A pergunta foi estruturada segundo a estratégia PCC, correspondente a População, Conceito e Contexto. A população compreendeu adultos com idade igual ou superior a 18 anos; o conceito correspondeu à relação entre consumo ou restrição de alimentos ultraprocessados e características da microbiota intestinal, considerando adicionalmente ingestão de fibras, qualidade global da dieta e possíveis implicações metabólicas; e o contexto compreendeu estudos humanos independentemente da localização geográfica.

Foram consideradas as bases PubMed/MEDLINE, Biblioteca Virtual em Saúde (BVS)/LILACS e SciELO, desde o início de sua indexação até 28 de agosto de 2026. As estratégias foram estruturadas em dois blocos conceituais principais, correspondentes a alimentos ultraprocessados e microbiota intestinal, utilizando descritores controlados e termos livres, com adaptações terminológicas para cada base. Fibras e marcadores metabólicos não foram utilizados como termos obrigatórios, com a finalidade de preservar a sensibilidade da busca. Foram considerados estudos em português, inglês e espanhol. A busca foi complementada pelo rastreamento das referências dos estudos selecionados e por buscas de

sensibilidade destinadas à identificação de publicações potencialmente não recuperadas pela estratégia principal.

Foram elegíveis estudos originais realizados em adultos que avaliassem consumo ou restrição de alimentos ultraprocessados como exposição principal ou como componente dietético explicitamente quantificado e que realizassem mensuração direta da microbiota intestinal. A classificação dos ultraprocessados deveria utilizar o sistema NOVA ou metodologia compatível com o grupo 4. Foram considerados estudos observacionais e de intervenção.

Excluíram-se estudos pediátricos, modelos animais ou *in vitro*, pesquisas de microbiota não intestinal, revisões, editoriais, protocolos sem resultados microbiológicos e intervenções direcionadas exclusivamente a aditivos alimentares isolados. Também foram excluídas do núcleo principal populações com condições gastrointestinais capazes de modificar intensamente a microbiota e comprometer a comparabilidade dos achados.

A seleção ocorreu em duas etapas, mediante avaliação de títulos e resumos e posterior leitura dos textos completos potencialmente elegíveis. O processo foi conduzido por um único revisor, com nova conferência dos critérios de elegibilidade e dos dados extraídos. Essa característica foi considerada limitação metodológica.

Foram extraídos autor, ano, população, tamanho amostral, desenho do estudo, método de avaliação dietética, classificação dos ultraprocessados, técnica microbiológica, diversidade alfa e beta, alterações taxonômicas ou funcionais, ingestão de fibras, qualidade global da dieta, ajustes estatísticos, marcadores metabólicos, principais resultados e limitações.

Não foi realizada avaliação formal de risco de viés como critério de exclusão, considerando a finalidade de mapeamento da revisão. Entretanto, características metodológicas relevantes, como desenho, tamanho amostral, controle de confundidores, técnica microbiológica e avaliação da exposição dietética, foram consideradas na interpretação narrativa.

Em razão da heterogeneidade clínica e metodológica, foi realizada síntese narrativa e descritiva, sem meta-análise.

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Onze estudos primários em adultos constituíram o corpus analítico. Sete apresentaram desenho predominantemente transversal (63,6%), três incluíram componente longitudinal ou avaliações repetidas (27,3%) e um correspondeu a ensaio clínico randomizado (9,1%). O sequenciamento do gene 16S do RNA ribossômico foi empregado em nove estudos (81,8%), enquanto dois utilizaram metagenômica shotgun (18,2%).

Os estudos observacionais identificaram predominantemente associações com grupos taxonômicos específicos, sem uma configuração microbiana uniformemente reproduzida entre as populações. Cuevas-Sierra et al. (2021), em 359 adultos espanhóis, observaram diferenças relacionadas ao sexo, com menor riqueza e diversidade alfa entre homens com maior consumo de ultraprocessados, achado não reproduzido de maneira uniforme na amostra total.

Em 645 adultos mais velhos com sobrepeso ou obesidade e síndrome metabólica, Atzeni et al. (2022) identificaram associações entre maior consumo de ultraprocessados e determinados grupos microbianos. Maior exposição também coincidiu com menor adesão à dieta mediterrânea e maior ingestão energética. Os achados taxonômicos requerem cautela por seu caráter exploratório e pelo limiar relativamente permissivo empregado após correção para múltiplas comparações.

Fernandes et al. (2023), avaliando 59 mulheres, observaram nove espécies associadas ao consumo de ultraprocessados e relação positiva entre a exposição e níveis de leptina ajustados pela massa gorda. Em 362 pessoas com diabetes mellitus tipo 2, Ichikawa et al. (2024) observaram associações ajustadas modestas, negativas para *Ruminococcus* e positivas para *Roseburia*. Esses resultados ilustram a dificuldade de classificar grupos microbianos de forma rígida como universalmente benéficos ou prejudiciais, pois suas associações dependem do contexto alimentar, metabólico e populacional.

A ingestão de fibras mostrou-se particularmente relevante para a interpretação dos resultados. García-Vega et al. (2020), em 441 adultos colombianos, observaram maior presença de comunidades relacionadas à produção de ácidos graxos de cadeia curta em padrões alimentares ricos em fibras e alimentos vegetais. Em contraste, padrões de menor qualidade combinavam maior participação de ultraprocessados, maior consumo de alimentos de origem animal e menor ingestão de fibras. O estudo demonstra a forte sobreposição entre processamento e qualidade global da dieta, mas não permite isolar o efeito específico dos ultraprocessados.

Moreno-Altamirano et al. (2024) também encontraram associações entre a microbiota e tanto o consumo de fibras quanto a participação de ultraprocessados, reforçando a possibilidade de contribuição simultânea dessas exposições.

A análise de Atzeni et al. (2025), envolvendo 385 adultos acompanhados por um ano, acrescentou informação sobre temporalidade. Maior consumo basal de ultraprocessados associou-se a menor abundância de *Ruminococcaceae incertae sedis* e a menores concentrações de determinados metabólitos fecais, enquanto o aumento da exposição durante o seguimento se associou a menor abundância de *Parabacteroides*. Como os modelos incluíram ajuste explícito por fibras e outros componentes dietéticos, a ingestão de fibras isoladamente não parece explicar todos os resultados. Entretanto, o desenho observacional impede inferência causal.

Lengelé et al. (2026), em 20 adultos avaliados em três ocasiões, não identificaram diferenças significativas de diversidade alfa ou beta, embora tenham observado alterações em gêneros específicos e associações com marcadores inflamatórios salivares. Algumas relações foram sensíveis ao ajuste nutricional, reforçando a necessidade de considerar fibras e demais características da dieta. O pequeno tamanho amostral limita a generalização dos achados.

A evidência experimental diretamente voltada à modulação da microbiota por ultraprocessados permanece escassa. Oliveira et al. (2025) randomizaram adultos com obesidade para restrição energética convencional ou restrição energética associada à limitação de ultraprocessados durante seis meses. Entre os 34 participantes com dados microbiológicos completos, *Ruminococcaceae* e *Faecalibacterium* apresentaram aumento superior no grupo com restrição específica. Entretanto, alterações de diversidade e redução da adiposidade

também ocorreram no grupo controle, impedindo separar completamente o efeito do processamento das demais modificações alimentares.

Os trabalhos com metagenômica shotgun ampliaram a resolução taxonômica e funcional. Segev et al. (2026), em 10.068 participantes, demonstraram que diferentes características dietéticas estavam associadas à riqueza, diversidade, abundância de centenas de espécies e numerosas vias funcionais do microbioma. O grau de processamento integrou esses padrões dietéticos, mas o estudo constituiu uma análise ampla da relação dieta-microbioma, e não uma intervenção específica com ultraprocessados. Seu grande tamanho amostral aumenta a precisão das associações, mas não estabelece causalidade.

Abuqwider et al. (2026), em 253 adultos com diabetes mellitus tipo 1, observaram associação entre maior ingestão de ultraprocessados, concentrações mais elevadas de triglicerídeos e menores níveis de colesterol HDL. No subgrupo de 103 participantes analisados por metagenômica shotgun, foram identificadas diferenças na diversidade beta e associações entre triglicerídeos e determinadas vias metabólicas microbianas. A coexistência desses achados aproxima exposição alimentar, microbioma e metabolismo, mas não demonstra que as alterações microbianas sejam responsáveis pelas alterações metabólicas.

A predominância do sequenciamento 16S constitui uma limitação importante da literatura identificada. Essa técnica permite caracterização principalmente taxonômica, enquanto diferenças de composição não implicam necessariamente alterações equivalentes na atividade metabólica microbiana. Estudos que integram metagenômica, metabolômica e marcadores do hospedeiro podem, portanto, oferecer maior capacidade para investigar mecanismos.

Nesse sentido, Seethaler et al. (2026), embora não elegível para o corpus principal por não avaliar especificamente ultraprocessados, fornece evidência mecanística complementar. Em 50 adultos com obesidade submetidos a uma intervenção estruturada de perda de peso durante um ano, alterações da microbiota foram acompanhadas por mudanças metabólicas e de função da barreira intestinal. A maior abundância de Lachnospiraceae associou-se à melhora de marcador de barreira, e a relação foi mediada por butirato e propionato fecais. Esses resultados não podem ser extrapolados diretamente para ultraprocessados, mas ilustram como análises integrando microbiota, metabólitos e marcadores clínicos podem testar possíveis vias de mediação.

Em conjunto, os resultados não sustentam uma assinatura microbiana única associada aos ultraprocessados. Alterações de diversidade global também foram inconsistentes. Essa heterogeneidade provavelmente reflete diferenças populacionais, métodos de avaliação dietética, técnicas microbiológicas, tamanho amostral e estratégias estatísticas.

A ingestão de fibras constitui um dos principais fatores de interpretação. Os dados disponíveis indicam que sua consideração pode modificar determinadas associações, mas não permitem quantificar quanto da relação entre ultraprocessados e microbiota é explicado pela menor ingestão de fibras, pela substituição de alimentos minimamente processados, pela matriz alimentar ou por outras características relacionadas ao processamento.

Além disso, nenhum dos onze estudos incluídos demonstrou formalmente uma cadeia causal na qual o consumo de ultraprocessados provoque uma alteração da microbiota que, por sua vez, determine um desfecho metabólico. A microbiota deve ser considerada, no estágio

atual da evidência, uma possível interface biológica, e não um mecanismo causal estabelecido.

A presente revisão também apresenta limitações. A busca formal concentrou-se em três bases bibliográficas, podendo não recuperar a totalidade das publicações indexadas exclusivamente em outras fontes. A seleção e a extração foram conduzidas por um único revisor, aumentando a suscetibilidade a erros de seleção. A predominância de estudos transversais limita a avaliação da temporalidade, e a ampla heterogeneidade entre populações, exposições e técnicas microbiológicas inviabilizou síntese quantitativa. Apesar dessas limitações, a inclusão de estudos longitudinais, um ensaio randomizado e investigações recentes com metagenômica e metabolômica permitiu identificar tendências e, principalmente, as principais lacunas da literatura humana.

4 CONCLUSÃO

As evidências disponíveis em adultos indicam associação entre maior consumo de alimentos ultraprocessados e características da microbiota intestinal, principalmente alterações na abundância de grupos taxonômicos específicos. Entretanto, os resultados são heterogêneos, não caracterizam uma assinatura microbiana uniforme e não demonstram redução consistente da diversidade global.

A ingestão de fibras e a qualidade global da dieta influenciam a interpretação dessas associações. Alguns achados são modificados após ajustes nutricionais, enquanto outros persistem, não sendo possível determinar quanto da relação é atribuível à menor ingestão de fibras, ao grau de processamento ou às demais características do padrão alimentar.

A interpretação é limitada pela predominância de estudos observacionais, pela heterogeneidade metodológica e pelo uso majoritário do sequenciamento 16S. A evidência experimental diretamente voltada à modulação da microbiota por ultraprocessados permanece escassa.

Embora alterações microbiológicas e metabólicas coexistam em alguns estudos, não foi demonstrado que a microbiota intestinal medeia causalmente os efeitos metabólicos associados aos ultraprocessados. Estudos controlados que integrem grau de processamento, matriz alimentar, ingestão de fibras, metagenômica, quantificação direta de metabólitos microbianos e marcadores metabólicos são necessários para esclarecer se a microbiota participa efetivamente dessa relação ou constitui predominantemente um marcador associado ao padrão alimentar.

REFERÊNCIAS

ABUQWIDER, J. et al. Ultra-processed food intake and its associations with atherogenic dyslipidemia, glycemic control, and gut microbiome features in adults with type 1 diabetes from Southern Italy. *Diabetes Research and Clinical Practice*, v. 238, p. 113373, 2026. DOI: 10.1016/j.diabres.2026.113373.

ATZENI, A. et al. Association between ultra-processed food consumption and gut microbiota in senior subjects with overweight/obesity and metabolic syndrome. *Frontiers in Nutrition*, v. 9, p. 976547, 2022. DOI: 10.3389/fnut.2022.976547.

ATZENI, A. et al. The link between ultra-processed food consumption, fecal microbiota, and metabolomic profiles in older Mediterranean adults at high cardiovascular risk. *Nutrition Journal*, v. 24, n. 1, p. 62, 2025. DOI: 10.1186/s12937-025-01125-5.

BRASIL. Ministério da Saúde. Guia alimentar para a população brasileira. 2. ed. Brasília, DF: Ministério da Saúde, 2014.

CUEVAS-SIERRA, A. et al. Gut microbiota differences according to ultra-processed food consumption in a Spanish population. *Nutrients*, v. 13, n. 8, p. 2710, 2021. DOI: 10.3390/nu13082710.

FERNANDES, A. E. et al. Differences in the gut microbiota of women according to ultra-processed food consumption. *Nutrition, Metabolism and Cardiovascular Diseases*, v. 33, n. 1, p. 84-89, 2023. DOI: 10.1016/j.numecd.2022.09.025.

GARCÍA-VEGA, Á. S. et al. Diet quality, food groups and nutrients associated with the gut microbiota in a nonwestern population. *Nutrients*, v. 12, n. 10, p. 2938, 2020. DOI: 10.3390/nu12102938.

ICHIKAWA, T. et al. Association between gut microbiota and ultra-processed foods consumption among the patients with type 2 diabetes: a cross-sectional study. *Nutrition & Metabolism*, v. 21, p. 110, 2024. DOI: 10.1186/s12986-024-00884-y.

LANE, M. M. et al. Ultra-processed food exposure and adverse health outcomes: umbrella review of epidemiological meta-analyses. *BMJ*, v. 384, e077310, 2024. DOI: 10.1136/bmj-2023-077310.

LENGELÉ, L. et al. Link between ultra-processed foods and drinks intake, gut microbiota and inflammation: an exploratory analysis in adult volunteers. *Nutrition Journal*, v. 25, n. 1, p. 88, 2026. DOI: 10.1186/s12937-026-01340-8.

MONTEIRO, C. A. et al. Ultra-processed foods: what they are and how to identify them. *Public Health Nutrition*, v. 22, n. 5, p. 936-941, 2019. DOI: 10.1017/S1368980018003762.

MORENO-ALTAMIRANO, L. et al. Gut microbiota: association with fiber intake, ultra-processed food consumption, sex, body mass index, and socioeconomic status in medical students. *Nutrients*, v. 16, n. 23, p. 4241, 2024. DOI: 10.3390/nu16234241.

OLIVEIRA, A. D. S. et al. Effects of dietary energy restriction of ultra-processed foods compared to a generic energy restriction on the intestinal microbiota of individuals with obesity: a secondary analysis of a randomized clinical trial. *Food & Function*, v. 16, n. 20, p. 7990-8003, 2025. DOI: 10.1039/D5FO02449H.

PETERS, M. D. J. et al. Scoping reviews. In: AROMATARIS, E. et al. (ed.). *JBIM Manual for Evidence Synthesis*. Adelaide: JBI, 2024. DOI: 10.46658/JBIMES-24-09.

SEETHALER, B. et al. Baseline gut microbiome and metabolome profiles predict weight loss after a structured lifestyle intervention. *Microbiome*, v. 14, art. 207, 2026. DOI: 10.1186/s40168-026-02501-x.

SEGEV, T. et al. Diet-microbiome associations in 10,068 individuals from the Human Phenotype Project to guide personalized nutrition. *Nature Medicine*, v. 32, n. 5, p. 1884-1894, 2026. DOI: 10.1038/s41591-026-04312-x.

TRICCO, A. C. et al. PRISMA Extension for Scoping Reviews (PRISMA-ScR): checklist and explanation. *Annals of Internal Medicine*, v. 169, n. 7, p. 467-473, 2018. DOI: 10.7326/M18-0850.

WHELAN, K. et al. Ultra-processed foods and food additives in gut health and disease. *Nature Reviews Gastroenterology & Hepatology*, v. 21, n. 6, p. 406-427, 2024. DOI: 10.1038/s41575-024-00893-5.