



Microbioma e sua relevância nas diversas patologias pediátricas: Uma revisão sistemática



<https://doi.org/10.56238/levv15n40-029>

Isabela Malafaya Rosa

Graduada em medicina pela Universidade de Franca (UNIFRAN), Franca - SP e residente em pediatria pela Santa Casa da Misericórdia de Franca
E-mail: isabelamalafayar@hotmail.com

Maria Eduarda Ferreira Paiva Carvalho

Graduada de medicina pela Universidade de Franca (UNIFRAN), Franca – SP

Túlio Vilela Oliveira

Graduada de medicina pela Universidade de Franca (UNIFRAN), Franca – SP

Raira Delalata de Castro Meira

Graduada de medicina pela Universidade de Franca (UNIFRAN), Franca – SP

Maria Eugênia Alves Martins de Araújo Tristão

Médica pela Universidade de Franca (UNIFRAN), Franca - SP
Pediatria especializada em Cuidados paliativos pediátricos, UTI pediátrica e neonatal e Nutrição pediátrica

RESUMO

Objetivo: Analisar a produção científica sobre o papel do microbioma intestinal nas patologias pediátricas, identificando manifestações clínicas e métodos de tratamento. Metodologia: Revisão sistemática guiada pela pergunta: “Qual é o mecanismo biológico e imunológico referente à interação entre o microbioma na suscetibilidade e no desenvolvimento de diferentes patologias em pacientes pediátricos?”. Foram realizadas buscas na base de dados PubMed Central (PMC) usando os descritores: Intestinal Microbiome, Dysbiosis e Children. Foram encontrados 210 artigos, dos quais 31 foram selecionados após aplicação dos critérios de inclusão e exclusão e 14 artigos foram escolhidos para compor a coletânea. Resultados: O microbioma intestinal é crucial no desenvolvimento de patologias pediátricas, como doenças inflamatórias intestinais, alergias e distúrbios metabólicos. As manifestações clínicas variam de sintomas gastrointestinais a complicações sistêmicas. Os tratamentos incluem intervenções dietéticas, probióticos e transplante de microbiota fecal. A prevenção e manejo dessas condições requerem uma abordagem multidisciplinar. Conclusão: A interação entre a microbiota intestinal e o desenvolvimento de condições de saúde, como doenças alérgicas, respiratórias, metabólicas, neurodesenvolvimentais e psiquiátricas, evidencia seu papel central na regulação imunológica, metabólica e cognitiva desde a infância. A disbiose está associada a doenças como asma, fibrose cística, obesidade, síndrome metabólica, autismo e depressão. Intervenções precoces, como dietas equilibradas, são promissoras para prevenção e manejo. Estudos futuros devem focar em terapias microbiológicas direcionadas para prevenir e tratar patologias associadas à disbiose.

Palavras-chave: Microbioma intestinal, Disbiose, Patologias pediátricas.

1 INTRODUÇÃO

O ser humano mantém uma relação simbiótica profunda com microrganismos. O corpo humano abriga de 10 a 100 trilhões de células microbianas. A maior parte desses microrganismos reside no intestino, o que proporciona um ambiente quente, estável e rico em nutrientes. Existe uma variação significativa na composição microbiana em diferentes áreas do corpo, com uma distinção notável entre estados de saúde e de doença. Embora o termo microbiota seja ocasionalmente utilizado de forma intercambiável com microbioma, a microbiota refere-se a organismos que vivem em um ambiente específico, enquanto o microbioma se refere a microrganismos e seus genes presentes em determinado ambiente. O microbioma contém cerca de 3,3 milhões de genes ativos, em comparação com os 22.000 genes humanos. A microbiota intestinal consiste em organismos que vivem no intestino, representando cerca de 60% do peso seco das fezes; 99% são bactérias anaeróbicas. Embora as bactérias formem a maior parte do microbioma, vírus, arqueas e eucariotos estão presentes em menor número, mas não devemos ignorar sua presença (SAEED et al., 2022).

A colonização microbiana, com mais de 1000 espécies diferentes, desempenha um papel crucial no desenvolvimento e maturação do intestino. Há evidências de que essa colonização começa ainda no útero, com a presença de bactérias bloqueadas no mecônio, no líquido amniótico e na placenta de bebês saudáveis nascidos a termo. Após o nascimento, a microbiota dos recém-nascidos de parto vaginal se assemelha à vagina da mãe, enquanto nos nascidos por cesariana, a microbiota se assemelha à pele materna. Com o tempo, a microbiota infantil passa por mudanças conforme a alimentação evolui, de uma microbiota neonatal simples dominada por bactérias anaeróbicas facultativas, como Enterobacterias, Enterococos e Estreptococos, para uma microbiota mais complexa, característica do adulto, nos primeiros anos de vida, com maior diversidade e capacidade de sintetizar vitaminas e digerir polissacarídeos. No entanto, a microbiota infantil continua a se desenvolver durante a infância e a adolescência. Embora seja semelhante ao adulto em termos de número de espécies bloqueadas, a microbiota intestinal de crianças e adolescentes pode diferir nas proporções relativas aos gêneros bacterianos. As crianças possuem maior abundância de *Bifidobacterium* spp., *Faecalibacterium* spp. e membros da família *Lachnospiraceae* em comparação aos adultos, cuja microbiota é dominada por *Bacteroides* spp (SAEED et al., 2022).

O microbioma também se diferencia em crianças, com mais genes envolvidos na manipulação de aminoácidos, síntese de vitaminas, ativação de inflamação da mucosa e fosforilação oxidativa, em contraste com os adultos, que apresentam mais genes associados à inflamação e obesidade. Assim, como era esperado, tanto a microbiota quanto o microbioma intestinal passam por um desenvolvimento contínuo ao longo da vida (SAEED et al., 2022).

A microbiota intestinal influencia fortemente o desenvolvimento fisiológico normal do intestino, auxiliando na maturação e diferenciação da mucosa intestinal, bem como do sistema

imunológico. Ela limita o crescimento de microrganismos patogênicos e ambientais patogênicos, competindo com eles e inibindo sua capacidade de invasão e estabelecimento no ecossistema. Algumas cepas da microbiota são capazes de secretar bacteriocinas, substâncias antimicrobianas que impedem a hidratação de outras bactérias (SAEED et al., 2022).

O microbioma intestinal exerce um papel essencial no desenvolvimento infantil. Esse desenvolvimento engloba as transformações biológicas, psicológicas e emocionais que ocorrem desde o nascimento até o fim da adolescência. Existem marcos específicos que garantem que o progresso do desenvolvimento esteja dentro do esperado, e cada área é cuidadosamente monitorada. Além disso, os indicadores antropométricos geralmente seguem curvas de crescimento pré-estabelecidas. A cada visita ao pediatra, são avaliados o crescimento físico, o desenvolvimento motor amplo, o desenvolvimento motor fino, o desenvolvimento social e emocional, o desenvolvimento da linguagem e o desenvolvimento cognitivo. O desenvolvimento infantil pode ser dividido em quatro fases distintas: infância, anos pré-escolares, infância média e adolescência. Desvios em relação aos marcos predefinidos podem ser sinais precoces de doenças, seja por desnutrição ou obesidade, atraso no desenvolvimento social em casos de Transtorno do Espectro Autista (TEA), ou condições como alergias alimentares e asma. Em cada uma dessas questões, o microbioma intestinal tem um papel relevante. A conexão sugerida entre o microbioma intestinal e o desenvolvimento infantil oferece uma oportunidade única para novas abordagens de prevenção em saúde, um dos pilares da medicina pediátrica. (RONAN et al., 2021)

O objetivo deste artigo é analisar a complexa interação sinérgica entre o papel do microbioma intestinal no desenvolvimento de diversas patologias pediátricas, explorando as implicações clínicas e epidemiológicas do quadro. A análise aprofundada das evidências pretende ser um recurso útil para profissionais de saúde, pesquisadores e acadêmicos, contribuindo para a melhoria das abordagens diagnósticas e terapêuticas.

2 METODOLOGIA

Trata-se de uma revisão sistemática que busca compreender os principais aspectos acerca do papel do microbioma intestinal nas diversas patologias pediátricas, bem como demonstrar os principais métodos utilizados no tratamento dessas condições, objetivando garantir uma maior elucidação clínica deste tema. Para o desenvolvimento dessa pesquisa foi elaborada uma questão norteadora por meio da estratégia PVO (população, variável e objetivo): “Qual é o mecanismo biológico e imunológico referente à interação entre o microbioma na suscetibilidade e no desenvolvimento de diferentes patologias em pacientes pediátricos?”

As buscas foram realizadas por meio de pesquisas nas bases de dados PubMed Central (PMC). Foram utilizados três descritores em combinação com o termo booleano “AND”: Intestinal

Microbiome, Dysbiosis e Children. A estratégia de busca utilizada na base de dados PMC foi: Intestinal Microbiome AND Dysbiosis AND Children. Desta busca foram encontrados 210 artigos, posteriormente submetidos aos critérios de seleção. Os critérios de inclusão foram: artigos nos idiomas inglês, português e espanhol; publicados no período de 2019 a 2024 e que abordavam as temáticas propostas para esta pesquisa, além disso, estudos de revisão, observacionais e experimentais, disponibilizados na íntegra. Os critérios de exclusão foram: artigos duplicados, disponibilizados na forma de resumo, que não abordavam diretamente a proposta estudada e que não atendiam aos demais critérios de inclusão.

Após a associação dos descritores utilizados nas bases pesquisadas foram encontrados um total de 210 artigos. Após a aplicação dos critérios de inclusão e exclusão foram selecionados 31 artigos na base de dados PubMed, sendo utilizados um total de 14 estudos para compor a coletânea.

3 DISCUSSÃO

No corpo humano, mais de 40 trilhões de bactérias de cerca de 1000 espécies habitam os intestinos, cavidade oral, sistema respiratório, pele e trato geniturinário. Há microbiota bacteriana em cada região, porém a maior parte das bactérias está localizada nos intestinos. A microbiota intestinal codifica mais de três milhões de genes que são capazes de gerar diversos metabólitos. Pesquisas focadas na microbiota intestinal demonstraram que ela exerce um papel crucial na saúde humana ao ajustar as defesas imunológicas do hospedeiro, além do metabolismo regular e a função cerebral do mesmo. O desequilíbrio na microbiota intestinal, conhecido como disbiose, durante o início da vida está relacionado ao surgimento de várias doenças, como doenças alérgicas, doenças inflamatórias intestinais (DII), síndrome do intestino irritável, enterocolite necrosante, diabetes, obesidade, doenças cardiovasculares, transtorno espectro autista entre outros (AKAGAWA; KANEKO, 2022)

A microbiota intestinal fermenta fibras alimentares e produz ácidos graxos de cadeia curta (AGCC) no intestino. AGCC são ácidos graxos com menos de seis carbonos, como ácido butírico, ácido acético e ácido propiônico. Os AGCC são absorvidos pelo cólon. O ácido butírico serve como fonte de energia para as células epiteliais do cólon, enquanto o ácido acético e o ácido propiônico são absorvidos pela veia porta, ocorrendo como substratos para a produção de energia e lipídios. AGCC são considerados nutrientes importantes para a geração de energia no corpo humano, porém análises químicas recentes revelaram que eles também têm efeitos positivos no metabolismo e no sistema imunológico do hospedeiro. Existem vários receptores que regulam AGCC e regulam o metabolismo humano: acessórios adaptados à proteína G (GPRs) (GPR41, GPR43 e GPR109A); receptor olfativo 78 (Olf78), que também é identificado como GPR; e o receptor de hidrocarboneto arila. Além disso, a microbiota intestinal influencia o metabolismo de vitaminas, aminoácidos (como metionina e

triptofano), melatonina, ácido gama-aminobutírico, ácidos biliares, ureia, colesterol e fármacos (AKAGAWA; KANEKO, 2022).

O papel do genótipo do hospedeiro na determinação da composição das bactérias intestinais foi recentemente reconhecido. Para estudar os fatores genéticos envolvidos, a abordagem clássica utilizada é a comparação de dados entre gêmeos monozigóticos (MZ) e dizigóticos (DZ). Um amplo estudo realizado com mulheres (n = 416) mostrou que mulheres monozigóticas possuem uma composição de microbiota intestinal mais semelhante à das mulheres dizigóticas, destacando a influência dos fatores genéticos no microbioma intestinal. Além disso, o estudo inclui diversas espécies bacterianas hereditárias, sendo a maioria delas pertencentes à família dos gêmeos. Outro fator relevante que impacta o desenvolvimento do microbioma é o tipo de parto. Bebês nascidos por parto vaginal adquirem espécies bacterianas da região vaginal e perianal, como *Lactobacillus*, *Prevotella* ou *Sneathia* spp., enquanto aqueles nascidos por cesárea apresentam menor exposição a essas bactérias, resultando em uma composição diferente de microbioma (PANTAZI et al., 2023).

A idade gestacional é outro fator importante; o intestino de bebês prematuros é colonizado majoritariamente por *Enterobacter*, *Staphylococcus* e *Enterococcus*, ao passo que em bebês a termo, a colonização é dominada por *Bacteroides*, *Bifidobacterium*, *Parabacteroides* e *Escherichia*. A amamentação também desempenha um papel vital na formação do microbioma dos bebês. O leite materno contém vários prebióticos, como oligossacarídeos do leite humano, que promovem seletivamente o crescimento de bactérias benéficas, como *Bifidobacterium* e *Lactobacillus*. Entretanto, bebês alimentados com fórmulas lácteas apresentam microbiomas compostos por *Roseburia*, *Clostridium* e *Anaerostipes*. Fatores dietéticos também influenciam o microbioma, como dietas ricas em fibras, que estimulam o desenvolvimento de bactérias capazes de degradar fibras, resultando em um microbioma mais diverso e estável (PANTAZI et al., 2023).

A concentração de bactérias (como ampicilina, cefalotina e clindamicina) no sangue do cordão umbilical atinge seu pico dentro de 1 hora após o pico sérico materno durante a gravidez. Devido à atividade limitada das enzimas hepáticas fetais responsáveis pelo metabolismo de medicamentos, em comparação com adultos, o medicamento não metabolizado se acumula em tecidos fetais. A exposição a antibióticos durante o parto, tanto para prevenir a sepse por estreptococos do grupo B quanto devido à cesariana, é bastante comum e impacta a microbiota intestinal neonatal. Além dos antibióticos, outros medicamentos frequentemente administrados às mães e/ou lactentes que afetam a microbiota intestinal incluem bloqueadores de ácido, inibidores seletivos da recaptação de serotonina, metformina e laxantes. Estudos recentes também evidenciaram que a microbiota infantil pode ser alterada pela exposição às toxinas ambientais e ao tabagismo materno (UNDERWOOD et al., 2020) (WANG et al., 2020).

A disbiose, caracterizada como um desequilíbrio ou inadequação na microbiota, é cada vez mais reconhecida como um fator relevante no surgimento de alergias em crianças. A microbiota intestinal saudável auxilia em processos fisiológicos fundamentais, como digestão, metabolismo e modulação do sistema imunológico. A interação complexa entre a disbiose intestinal e o desenvolvimento de doenças alérgicas recentemente emergiu como um tópico de grande interesse científico (PANTAZI et al., 2023).

A constituição da microbiota intestinal é considerada intrinsecamente relacionada à maturação e regulação do sistema imune do hospedeiro; portanto, quaisquer alterações nesse delicado equilíbrio, como as provocadas pela disbiose, podem potencialmente resultar em respostas imunológicas anormais e, conseqüentemente, em doenças alérgicas. A “hipótese da higiene” sugere que a menor exposição a microrganismos comensais e patogênicos nos primeiros anos de vida pode resultar em estimulação e maturação inadequadas do sistema imunológico. Nesse cenário, a disbiose pode ser um fator determinante no aumento das alergias. Além disso, certas espécies bacterianas, como Bifidobactérias e Lactobacilos, têm um papel crucial na manutenção da homeostase imunológica. Elas contribuem para a ativação de células T reguladoras, capazes de reduzir respostas alérgicas, além de promover citocinas anti-inflamatórias, como a IL-10 (PANTAZI et al., 2023).

Ademais, uma hipótese inovadora sugeriu que a disbiose, causada por fatores como cesárea e uso de antibióticos, diminui as bactérias produtoras de ácido butírico (BAPB), o que reduz os níveis intestinais de ácido butírico. Essa redução pode inibir a diferenciação de células T em células T reguladoras (Tregs). A menor quantidade de Tregs compromete a capacidade do sistema imunológico de controlar respostas imunes exacerbadas, contribuindo, assim, para o aparecimento de doenças alérgicas (PANTAZI et al., 2023).

A asma é uma doença respiratória crônica e heterogênea com muitos fatores de risco, que geralmente se manifestam na infância. A interação entre fatores ambientais e predisposição genética é vista como determinante na formação do microbioma pulmonar e intestinal nos primeiros anos de vida. Estudos apontam que mudanças na abundância de microrganismos (disbiose microbiana) e menor diversidade microbiana estão associadas ao desenvolvimento da asma, ao desregular o eixo intestino-vias aéreas. Diversos mecanismos explicam a relação entre a disbiose microbiana e o desenvolvimento da asma infantil. Por exemplo, infecções bacterianas nas vias aéreas de bebês podem desregular vias inflamatórias, contribuindo para broncoconstrição e hiperresponsividade brônquica. A disbiose intestinal infantil também pode influenciar a diferenciação imunológica, resultando em desequilíbrio entre imunidade inata e adaptativa, e predispondo à inflamação crônica das vias aéreas e, posteriormente, à asma (LIU et al., 2022).

A fibrose cística (FC) é uma doença genética de herança autossômica recessiva, resultante de mutações no gene que codifica a proteína reguladora de condutância transmembrana da fibrose cística

(CFTR). A proteína CFTR regula a secreção de líquidos e a hidratação do muco nas células epiteliais das vias respiratórias, intestino, pâncreas e sistema hepatobiliar. A doença respiratória crônica supurativa, decorrente da dificuldade de eliminação de secreções desidratadas das vias aéreas, é a principal causa de mortalidade. Contudo, a maioria (>90%) dos indivíduos com FC também apresenta sintomas gastrointestinais. A disfunção da CFTR no sistema digestivo leva a baixos níveis de pH intestinal, muco espesso, ausência de enzimas pancreáticas, motilidade reduzida e possível imunidade inata deficiente. Esses fatores são apontados como causas de inflamação gastrointestinal e aumentam o risco de câncer no trato digestivo em adultos jovens. Desde o início da vida, crianças com FC apresentam disbiose intestinal, menor diversidade de espécies e funcionalidade alterada quando comparadas a crianças saudáveis, agravando os efeitos inflamatórios da doença (TAM et al., 2022) (VAN DORST et al., 2022).

A configuração da microbiota intestinal durante a infância pode influenciar consideravelmente o crescimento e o desenvolvimento corporal. Crianças com baixo peso corporal tendem a ter uma microbiota intestinal menos diversa em comparação com as saudáveis. Pesquisadores sugerem que a menor diversidade da microbiota pode prejudicar a absorção de nutrientes, resultando em crescimento deficiente. Indivíduos com obesidade apresentam uma microbiota com maior capacidade de fermentar polissacarídeos alimentares, aumentando a absorção de monossacarídeos e ácidos graxos de cadeia curta, o que promove a conversão hepática de lipídios complexos e a subsequente formação de adipócitos (PANTAZI et al., 2023).

A síndrome metabólica (SM) tornou-se um tema relevante globalmente, já que está associada ao desenvolvimento de doenças como diabetes tipo 2 (DM2) e problemas cardiovasculares. A prevalência da SM em crianças e adolescentes tem crescido de forma alarmante. Embora a condição seja reversível e prevenível, o diagnóstico e tratamento precoces são essenciais para evitar complicações futuras. Recentemente, intervenções baseadas no microbioma vêm ganhando popularidade para tratar e prevenir distúrbios metabólicos, pois estudos sugerem uma possível relação entre a microbiota intestinal e a DM2 (CARRIZALES-SÁNCHEZ et al., 2021).

A relação entre a microbiota intestinal e a obesidade é bem documentada em adultos, mas ainda pouco investigada na infância. A obesidade se correlaciona com uma microbiota intestinal alterada, caracterizada pelo aumento de Firmicutes e redução de Bacteroidetes. Essa correlação ocorre devido aos efeitos metabólicos e imunológicos da microbiota. Crianças obesas apresentam níveis mais elevados de SCFAs, que estreitam a ligação entre a microbiota e a obesidade. Os padrões de maturação da microbiota na infância podem influenciar o risco de sobrepeso e obesidade. Mulheres grávidas com alto IMC têm maior carga de bacteroides, o que pode influenciar a microbiota do recém-nascido e aumentar o risco de obesidade infantil (SAEED et al., 2022).

A microbiota intestinal pode influenciar a obesidade através da regulação metabólica e digestiva. A microbiota tem efeitos fora do intestino, afetando o cérebro, fígado e tecido adiposo, ligando-se à obesidade, resistência à insulina, diabetes tipo 2 e doenças cardiovasculares. Ela também pode influenciar a ingestão alimentar e a saciedade através da sinalização de peptídeos intestinais, impactando a regulação energética e a inflamação sistêmica, ambos fatores críticos para a obesidade. A modulação precoce da microbiota intestinal pode ser uma estratégia promissora para combater distúrbios metabólicos, incluindo obesidade infantil (SAEED et al., 2022).

O sistema imunológico e o sistema nervoso são os principais reguladores da homeostase, interagindo para garantir o bom funcionamento do organismo. A microglia, um componente do sistema imunológico, desempenha um papel essencial no desenvolvimento do sistema nervoso, monitorando sinapses e influenciando seu desenvolvimento. Assim, um sistema imunológico saudável na infância é crucial para o desenvolvimento cognitivo e neurogênese. A interrupção da microbiota intestinal pode impactar o sistema imunológico e, conseqüentemente, o sistema nervoso e as funções cognitivas. Manter uma microbiota saudável pode contribuir para o desenvolvimento adequado do sistema imune e cognitivo (KARTJITO et al., 2023).

Há evidências de que o microbioma intestinal influencia transtornos psiquiátricos. Ele está correlacionado com condições como transtorno do espectro autista (TEA) e depressão. Os transtornos do neurodesenvolvimento são caracterizados por déficits que afetam habilidades motoras, sociais e cognitivas. Pesquisas iniciais sugeriram que crianças com TEA apresentam disbiose intestinal, com maior quantidade de Bacteroidetes e menor de Firmicutes, em comparação com crianças neurotípicas. Essa disbiose correlaciona-se com citocinas e homeostase do triptofano, afetando tanto o sistema gastrointestinal quanto a intensidade dos sintomas do TEA. Essas descobertas baseiam o conceito do "eixo intestino-cérebro", que sugere uma interação bidirecional entre a microbiota e o cérebro. Embora essa comunicação ocorra por neurotransmissores liberados pelo sistema endócrino intestinal, os mecanismos exatos ainda não estão completamente esclarecidos (LIGEZKA et al., 2021) (DI GESÙ et al., 2021).

A existência do eixo cérebro-intestino é amplamente discutida na literatura. O modelo de comunicação é bidirecional: o cérebro influencia as funções motoras e secretoras do trato gastrointestinal, enquanto a microbiota intestinal afeta áreas do cérebro, como a amígdala e o hipotálamo. Metabólitos produzidos pela microbiota funcionam como neurotransmissores, incluindo serotonina, dopamina e GABA. A microglia, essencial para o neurodesenvolvimento, também coordena a neuroinflamação e interage com a inflamação sistêmica (RONAN et al., 2021).

A microbiota intestinal tem um impacto significativo no desenvolvimento físico e mental da criança. O cérebro humano apresenta uma taxa de crescimento acelerada durante todo o período perinatal, correspondendo às mudanças marcantes na microbiota da mãe e da criança. A microbiota

tem um papel fundamental no desenvolvimento cerebral através de seus efeitos na produção de ácido gama-aminobutírico e serotonina a partir do triptofano, além de neurotransmissores modificados, como a noradrenalina e a dopamina. A serotonina é vital para o desenvolvimento do cérebro. A redução da serotonina no cérebro compromete a sinaptogênese e a conectividade cerebral, resultando em déficits neurodesenvolvimentais de longo prazo. Cerca de 95% da serotonina do corpo é produzida pela microbiota intestinal, influenciando o humor e a função gastrointestinal. Contudo, os cientistas descobriram que a serotonina não é capaz de atravessar a barreira hematoencefálica. Portanto, ela age predominantemente no sistema nervoso entérico periférico, funcionando como um hormônio que afeta diversos tecidos, incluindo aqueles responsáveis pela regulação da homeostase metabólica (SAEED et al., 2022).

A microbiota intestinal desempenha um papel essencial na saúde e no bem-estar de uma criança em crescimento. Uma combinação de comportamentos, como o estilo de vida e os padrões alimentares, pode afetar sua riqueza e diversidade no início da vida. De maneira geral, uma alimentação variada e balanceada parece promover uma modulação positiva da microbiota intestinal. Durante a infância, o ambiente alimentar é crucial para formar hábitos alimentares adequados, que podem influenciar positivamente a microbiota intestinal e a saúde do organismo. É amplamente aceito que certos padrões alimentares protegem contra doenças crônicas não transmissíveis (DCNTs). Crianças saudáveis, que não necessitam de restrições especiais, adotam os hábitos alimentares do ambiente em que são criadas (DI PROFIO et al., 2022).

4 CONCLUSÃO

A interação entre a microbiota intestinal e o desenvolvimento de diversas condições de saúde, incluindo doenças alérgicas, respiratórias, metabólicas, neurodesenvolvimentais e psiquiátricas, evidencia o papel central desse ecossistema na regulação imunológica, metabólica e cognitiva, desde a primeira infância. A disbiose, caracterizada por um desequilíbrio na composição microbiana, está fortemente associada à predisposição e evolução de doenças como asma, fibrose cística, obesidade, síndrome metabólica, transtornos do espectro autista e depressão. A literatura revisada destaca a importância de intervenções precoces, como a modulação da microbiota por meio de dietas equilibradas e saudáveis, especialmente durante os primeiros anos de vida, como uma estratégia promissora para a prevenção e manejo dessas condições. Assim, estudos futuros devem focar no desenvolvimento de terapias microbiológicas direcionadas, com potencial para atuar preventivamente e terapêuticamente em diversas patologias associadas à disbiose.



REFERÊNCIAS

- AKAGAWA, Shohei; KANEKO, Kazunari. Gut microbiota and allergic diseases in children. *Allergology International*, v. 71, n. 3, p. 301-309, 2022.
- CARRIZALES-SÁNCHEZ, Ana K. et al. Gut microbiota associations with metabolic syndrome and relevance of its study in pediatric subjects. *Gut Microbes*, v. 13, n. 1, p. 1960135, 2021.
- DI GESÙ, Claudia M.; MATZ, Lisa M.; BUFFINGTON, Shelly A. Diet-induced dysbiosis of the maternal gut microbiome in early life programming of neurodevelopmental disorders. *Neuroscience Research*, v. 168, p. 3-19, 2021.
- DI PROFIO, Elisabetta et al. Special diets in infants and children and impact on gut microbioma. *Nutrients*, v. 14, n. 15, p. 3198, 2022.
- KARTJITO, Melissa Stephanie et al. Defining the relationship of gut microbiota, immunity, and cognition in early life—a narrative review. *Nutrients*, v. 15, n. 12, p. 2642, 2023.
- LIGEZKA, Anna N. et al. A systematic review of microbiome changes and impact of probiotic supplementation in children and adolescents with neuropsychiatric disorders. *Progress in Neuro-Psychopharmacology and Biological Psychiatry*, v. 108, p. 110187, 2021.
- LIU, Conglin et al. Microbial dysbiosis and childhood asthma development: Integrated role of the airway and gut microbiome, environmental exposures, and host metabolic and immune response. *Frontiers in Immunology*, v. 13, p. 1028209, 2022.
- PANTAZI, Alexandru Cosmin et al. Relationship between gut microbiota and allergies in children: A literature review. *Nutrients*, v. 15, n. 11, p. 2529, 2023.
- RONAN, Victoria; YEASIN, Rummanu; CLAUD, Erika C. Childhood development and the microbiome—the intestinal microbiota in maintenance of health and development of disease during childhood development. *Gastroenterology*, v. 160, n. 2, p. 495-506, 2021.
- SAEED, Nermin Kamal et al. Gut microbiota in various childhood disorders: Implication and indications. *World Journal of Gastroenterology*, v. 28, n. 18, p. 1875, 2022.
- TAM, Rachel Y. et al. Intestinal inflammation and alterations in the gut microbiota in cystic fibrosis: a review of the current evidence, pathophysiology and future directions. *Journal of Clinical Medicine*, v. 11, n. 3, p. 649, 2022.
- UNDERWOOD, Mark A. et al. Neonatal intestinal dysbiosis. *Journal of Perinatology*, v. 40, n. 11, p. 1597-1608, 2020.
- VAN DORST, Josie M.; TAM, Rachel Y.; OOI, Chee Y. What do we know about the microbiome in cystic fibrosis? Is there a role for probiotics and prebiotics? *Nutrients*, v. 14, n. 3, p. 480, 2022.
- WANG, Shaopu et al. A good start in life is important—perinatal factors dictate early microbiota development and longer term maturation. *FEMS Microbiology Reviews*, v. 44, n. 6, p. 763-781, 2020.