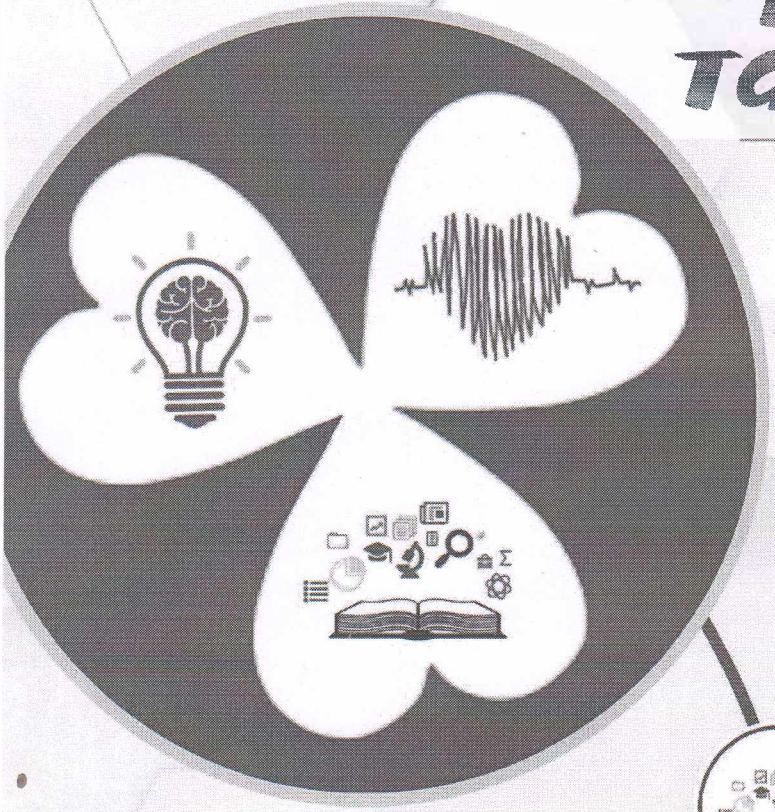
Наукові перспективи
Видавнича група

Перспективи та інновації науки



СЕРІЯ "ПЕДАГОГІКА"

СЕРІЯ "ПСИХОЛОГІЯ"

СЕРІЯ "МЕДИЦИНА"

№11(57) 2025

Тернопільський національний медичний університет імені І. Я. Горбачевського

Видавнича група «Наукові перспективи»

Луганський державний медичний університет

Громадська наукова організація «Система здорового довголіття в мегаполісі»

Християнська академія педагогічних наук України

Всеукраїнська асоціація педагогів і психологів з духовно-морального виховання

за сприяння КНП "Клінічна лікарня №15 Подільського району м.Києва", Центру дієтології Наталії Калиновської

«Перспективи та інновації науки»

(Серія «Педагогіка», Серія «Психологія», Серія «Медицина»)

Випуск № 11(57) 2025

Київ – 2025

ISSN 2786-4952 Online

УДК 001.32:1/3](477)(02)

DOI: https://doi.org/10.52058/2786-4952-2025-11(57)

«Перспективи та інновації науки (Серія «Педагогіка», Серія «Психологія», Серія «Медицина»)»: журнал. 2025. № 11(57) 2025. С. 3866

Згідно наказу Міністерства освіти і науки України від 27.09.2021 № 1017 журналу присвоєно категорію "Б" із психології та педагогіки

Згідно наказу Міністерства освіти і науки України від 27.04.2023 № 491 журналу присвоєно категорію "Б" із медицини: спеціальність 222

Рекомендовано до видавництва Президією громадської наукової організації «Всеукраїнська Асамблея докторів наук з державного управління» (Рішення від 17.11.2025, № 6/11-25)

Журнал видається за підтримки КНП "Клінічна лікарня №15 Подільського району м.Києва", Центру дієтології Наталії Калиновської.

Журнал заснований з метою розвитку наукового потенціалу та реалізації кращих традицій науки в Україні, за кордоном. Журнал висвітлює історію, теорію, механізми формування та функціонування, а, також, інноваційні питання розвитку медицини, психології, педагогіки та. Видання розраховано на науковців, викладачів, педагогів-практиків, представників органів державної влади та місцевого самоврядування, здобувачів вищої освіти, громадсько-політичних діячів.

Журнал включено до міжнародної наукометричної бази Index Copernicus (IC), Research Bible, міжнародної пошукової системи Google Scholar.

Голова редакційної колегії:

Жукова Ірина Віталіївна — кандидат наук з державного управління, доцент, Лауреат премії Президента України для молодих вчених, Лауреат премії Верховної Ради України молодим ученим, директор Видавничої групи «Наукові перспективи», директор громадської наукової організації «Всеукраїнська асамблея докторів наук з державного управління» (Київ, Україна)

Головний редактор: Чернуха Надія Миколаївна — доктор педагогічних наук, професор, професор кафедри соціальної реабілітації та соціальної педагогіки Київського національного університету імені Тараса Шевченка (Київ, Україна).

Заступник головного редактора: Торяник Інна Іванівна - доктор медичних наук, старший науковий співробітник, провідний науковий співробітник лабораторії вірусних інфекцій Державної установи «Інститут мікробіології та імунології імені І.І. Мечникова Національної академії медичних наук України» (Харків, Україна);

Заступник головного редактора: Сіданіч Ірина Леонідівна — доктор педагогічних наук, професор, завідувач кафедри педагогіки, адміністрування і спеціальної освіти Навчально-наукового інституту менеджменту та психології ДЗВО «Університет менеджменту освіти» НАПН України (Київ, Україна);

Заступник головного редактора: Жуковський Василь Миколайович — доктор педагогічних наук, професор, професор кафедри англійської мови Національного університету "Острозька академія" (Рівне, Україна).

Редакційна колегія:

1. Бабова Ірина Костянтинівна - доктор медичних наук, професор, старший науковий співробітник відділу економічного регулювання природокористування, ДУ "Інститут ринку і економіко-екологічних досліджень Національної академії наук України",, лікар ФРМ (фізичної та реабілітаційної медицини) ДУ "Територіальне медичне об'єднання МВС України по Одеській області" (Одеса, Україна)
2. Бабчук Олена Григоріївна – кандидат психологічних наук, доцент, завідувач кафедри сімейної та спеціальної педагогіки і психології Державного закладу «Південноукраїнський національний педагогічний університет імені К.Д. Ушинського» (Одеса, Україна)
3. Бахов Іван Степанович — доктор педагогічних наук, професор, завідувач кафедри іноземної філології та перекладу Міжрегіональної академії управління персоналом (Київ, Україна)
4. Балахтар Катерина Сергіївна - здобувач ступеня доктора філософії (PhD) за спеціальністю 053. Психологія, старший викладач кафедри іноземних мов в Національному університеті ім. О. О. Богомольця (Київ, Україна)
5. Бартєнєва Ірина Олександрівна - кандидат педагогічних наук, доцент, доцент кафедри педагогіки Державного закладу «Південноукраїнський національний педагогічний університет імені К.Д. Ушинського» (Одеса, Україна)
6. Біляковська Ольга Орестівна – доктор педагогічних наук, професор кафедри загальної педагогіки та педагогіки вищої школи Львівського національного університету імені Івана Франка (м. Львів, Україна)
7. Вадзюк Степан Нестерович - доктор медичних наук, професор, Заслужений діяч науки і техніки України,почесний академік Національної академії педагогічних наук України , завідувач кафедри фізіології з основами біоетики та біобезпеки Тернопільського національного медичного університету імені І.Я Горбачевського України (Тернопіль, Україна)
8. Вовк Вікторія Миколаївна - кандидат економічних наук, доцент кафедри економіки Державного університету ім. Станіслава Сташіца в Пілі (м. Піла, Польща)
9. Гвожьджевіч Сильвія — кандидат наук, Державна професійна вища школа ім. Якуба з Парадижу в Гожуві-Великопольському (Польща)
10. Гетманенко Людмила Миколаївна - старша викладачка кафедри природничо-математичної освіти і технологій Інституту післядипломної освіти Київського столичного університету імені Бориса Грінченка (Київ, Україна)

Fomina L.V., Bondarchuk H.O. 2625
RELATIONSHIP BETWEEN GUT MICROBIOTICS COMPOSITION AND ANTHROPOMETRIC INDICATORS OF OBESITY IN ADULTS: A LITERATURE REVIEW

Karatieieva S.Yu. 2637
DYNAMIC COMPARISON OF THE UPPER LIMBS LENGTH OF STUDENTS OF HIGHER EDUCATION INSTITUTIONS

Kozar O.M. 2647
ACE GENE POLYMORPHISM AND ITS ASSOCIATION WITH DOPPLER, ULTRASOUND, AND CLINICAL PARAMETERS IN PREGNANCIES BEYOND 40 WEEKS

Kyliushyk K.S. 2657
BIOSAFETY OF THE NAIL TECHNICIAN'S WORKSPACE IN THE CONTEXT OF PREVENTING CONTACT DERMATITIS AND ALLERGIC REACTIONS

Kyrychenko V.I., Kyrychenko Yu.V., Horodetska O.O., Dus S.V., Bandurka N.M. 2672
MODERN ASPECTS OF REHABILITATION AFTER UPPER LIMB AMPUTATION

Levkiv M.O., Ostrovskyi P.Yu., Zaliznyak M.S. 2685
EXPERIMENTAL MODELS OF PERIODONTITIS IN ANIMALS

Masliuk Yu.Yu. 2696
STRUCTURAL AND FUNCTIONAL STATE OF THE MYOCARDIUM ACCORDING TO ECHOCARDIOGRAPHY IN HYPERTENSION PATIENTS RELATED TO CONCOMITANT CHRONIC CORONARY DISEASE AND FREQUENT PREMATURE VENTRICULAR CONTRACTIONS

Patskan L.O., Pohoretska Kh.V. 2706
MODERN ENDODONTIC PRINCIPLES: A NEW ERA IN TOOTH PRESERVATION

Perebetiuk A.M., Hel A.P. 2717
TRACE ELEMENT DEPOSITS FROM FIREARM SHOTS: MODERN APPROACHES TO DETECTION AND INTERPRETATION

Ratsyborynska-Polyakova N.V., Chorna T.S. 2727
PSYCHOEDUCATION AS A MEANS OF DEVELOPING SELF-CONTROL AND INCREASING STRESS RESISTANCE OF UKRAINIAN HIGHER EDUCATION STUDENTS

Rovetska A.B., Kamyshna I.I., Pavlovych L.B. 2738
CLINICAL REHABILITATION MANAGEMENT OF PAIN AND MOVEMENT DISORDERS IN PATIENTS WITH LUMBOSACRAL RADICULOPATHY

Журнал «Перспективи та інновації науки»
(Серія «Педагогіка», Серія «Психологія», Серія «Медицина»)
№ 11(57) 2025

UDC 616-056.52:612.67:579.61(048.8)

https://doi.org/10.52058/2786-4952-2025-11(57)-2625-2636

Fomina Lyudmyla Vasylivna Professor of the Department of Human Anatomy, National Pirogov Memorial Medical University, Vinnytsia, https://orcid.org/0000-0002-1695-3442

Bondarchuk Hanna Olehivna Anatomy Demonstrator of the Peninsula Medical School, University of Plymouth; Drake Circus, Plymouth, Devon, PL4 8AA; https://orcid.org/0000-0003-1485-3795

RELATIONSHIP BETWEEN GUT MICROBIOTICS COMPOSITION AND ANTHROPOMETRIC INDICATORS OF OBESITY IN ADULTS: A LITERATURE REVIEW

Abstract. In turn, the human gut microbiota (GM) has emerged as a major regulator of digestion and metabolism, immunity and intestinal barrier maintenance, and it is altered in metabolic disorders associated with obesity. Emerging evidence shows associations between specific microbiota compositions and anthropometric measures of adiposity, such as BMI, waist circumference and body fat distribution. Concurrently, age, early-life exposures, diet, lifestyle and ethnicity strongly modify both gut microbiota composition and obesity risk, making this relationship highly entangled and context-specific. The objective of this article was to summarise recent literature regarding the association between gut microbiota composition and anthropometric markers of obesity in adults. Materials and methods. Articles published in the last 10 years in PubMed, Scopus and Google Scholar were reviewed using a narrative review approach; based on the relevance of their content and keywords, studies focusing on gut microbiota–anthropometry associations in humans were selected. The studies examined consistently show relationships between the abundance of specific bacterial taxa, overall microbiota diversity and anthropometric measurements such as BMI, waist circumference, waist-to-hip ratio and body fat percentage. Beyond body weight, diet quality is a major determinant of both microbiota composition and adiposity, with healthier dietary patterns being associated with more favourable microbial profiles, independent of body size. Evidence on metabolically healthy obesity suggests that people with similar anthropometric measures yet markedly different microbiota profiles may exhibit highly contrasting metabolic phenotypes. Data from extreme nutritional states (anorexia nervosa, athletes and overweight/obesity) demonstrate that microbiota status reflects more than total body weight; it captures deeper aspects of body composition, such as the relative proportions of lean and fat mass. Studies from different regions of the world show that national and ethnic background, traditional diet and social determinants contribute to shaping

Журнал «Перспективи та інновації науки»
(Серія «Педагогіка», Серія «Психологія», Серія «Медицина»)
№ 11(57) 2025

"regional" microbiota signatures of obesity, while fungal–bacterial interactions and physical activity further add to this complexity. Methodological heterogeneity (including different sequencing platforms, analytical pipelines and definitions of obesity), together with the predominance of cross-sectional designs, challenges comparability of results and does not allow confirmation of causality. In summary, available evidence suggests a consistent yet heterogeneous relationship between gut microbiota and obesity in adults, substantially moderated by age, sex, dietary type and quality, metabolic profile, ethnicity and lifestyle characteristics. Additional robust prospective and interventional studies with standardised microbiota assessment and detailed anthropometric phenotyping are essential to elucidate causal pathways and to identify valid, reliable, population-specific microbial biomarkers for obesity and its cardiometabolic risk.

Keywords: intestine, intestinal morphometry, population differences, gut microbiota, anthropometric factors.

Фоміна Людмила Василівна професор кафедри анатомії людини, Вінницький національний медичний університет ім. М. І. Пирогова, м. Вінниця, https://orcid.org/0000-0002-1695-3442

Бондарчук Ганна Олегівна анатомічний демонстратор Медичної школи Пенінсула, Плімутський університет; Дрейк Серкус, Плімут, Девон, PL4 8AA; https://orcid.org/0000-0003-1485-3795

ЗВ'ЯЗОК СКЛАДУ КИШКОВОЇ МІКРОБІОТИ З АНТРОПОМЕТРИЧНИМИ ПОКАЗНИКАМИ ОЖИРІННЯ У ДОРОСЛИХ: ОГЛЯД ЛІТЕРАТУРИ

Анотація. У свою чергу, кишкова мікробіота (КМ) людини розглядається як один із провідних регуляторів травлення й метаболізму, імунної відповіді та підтримання цілісності кишкового бар'єра, і зазнає змін при метаболічних порушеннях, пов'язаних з ожирінням. Сучасні дані демонструють наявність асоціацій між певними варіантами складу мікробіоти та антропометричними показниками жирової маси, такими як індекс маси тіла (ІМТ), окружність талії та розподіл жирової тканини. Водночас вік, вплив факторів раннього періоду життя, харчування, спосіб життя та етнічна належність істотно модифікують як склад кишкової мікробіоти, так і ризик ожиріння, що робить цей взаємозв'язок надзвичайно складним і контекст-залежним. Метою цієї статті було узагальнити сучасну літературу щодо асоціації між складом кишкової мікробіоти та антропометричними маркерами ожиріння у дорослих. Матеріали та методи. За допомогою наративного огляду проаналізовано статті, опубліковані за останні 10 років у базах PubMed, Scopus та Google Scholar; на підставі відповідності змісту й ключових слів були відібрані дослідження, присвячені взаємозв'язкам

між кишковою мікробіотою та антропометричними показниками у людини. Проаналізовані роботи послідовно демонструють зв'язки між кількісним вмістом окремих бактеріальних таксонів, загальним різноманіттям мікробіоти та антропометричними показниками, такими як ІМТ, окружність талії, співвідношення талія/стегна і відсоток жирової маси. Окрім маси тіла, якість дієти є одним із провідних чинників, що визначають і склад мікробіоти, і вираженість ожиріння: більш «здорові» харчові патерни асоціюються зі сприятливішими мікробіотичними профілями незалежно від розмірів тіла. Дані щодо метаболічно здорового ожиріння свідчать, що в осіб з подібними антропометричними показниками, але виразно відмінними профілями мікробіоти можуть спостерігатися різко контрастні метаболічні фенотипи. Інформація про крайні стани харчового статусу (нервова анорексія, високий рівень тренованості в спортсменів, надмірна маса тіла/ожиріння) демонструє, що стан мікробіоти відображає не лише загальну масу тіла, а й глибші характеристики складу тіла, зокрема співвідношення м'язової та жирової тканини. Дослідження з різних регіонів світу показують, що національне та етнічне походження, традиційні особливості харчування та соціальні детермінанти істотно впливають на формування «регіональних» мікробіотичних підписів ожиріння, тоді як взаємодія бактеріальних і грибкових спільнот та рівень фізичної активності додатково підвищують складність цієї картини. Методологічна неоднорідність (зокрема використання різних платформ секвенування, підходів до аналізу даних та визначень ожиріння), а також переважання перехресних дизайнів ускладнюють порівняння результатів і не дозволяють робити переконливі висновки щодо причинно-наслідкових зв'язків. Отже, наявні дані свідчать про стійкий, але гетерогенний зв'язок між складом кишкової мікробіоти та ожирінням у дорослих, який істотно модулюється віком, статтю, типом і якістю харчування, метаболічним профілем, етнічною належністю та особливостями способу життя. Необхідні подальші добре сплановані проспективні та інтервенційні дослідження зі стандартизованою оцінкою мікробіоти та детальною антропометричною характеристикою, щоб уточнити причинні шляхи й ідентифікувати валідні, надійні та популяційно-специфічні мікробні біомаркери ожиріння та пов'язаного з ним кардіометаболічного ризику.

Ключові слова: кишечник, морфометрія кишечника, популяційні відмінності, мікробіота кишечника, антропометричні фактори.

Statement of the problem. To date, the human gut microbiota is recognised as a complex and dynamic "organ" that consists of trillions of micro-organisms involved in digestion, metabolism, immune responses and intestinal barrier integrity. Normal microbiota confers protection against pathogens and supports immune system development, provides vitamins and bioactive metabolites, regulates local and systemic inflammation, and modulates energetic homeostasis. Perturbation of the structure and function of the gut microbiota, termed "dysbiosis", has been implicated

in a host of pathological conditions, such as inflammatory bowel disease (IBD), metabolic syndrome, obesity, cardiovascular diseases and others, emphasising the importance of the gut microbiota for maintaining health in adults [1].

Nowadays, the gut microbiota is envisaged as a complex ecosystem composed mostly of bacteria belonging to several major phyla (Firmicutes, Bacteroidetes, Actinobacteria, Proteobacteria), which are able to interact with one another and with epithelial and immune cells of the host. Individual "microbiome signatures" are determined by genetic makeup, dietary patterns, lifestyle behaviours and medication use, among other factors, with the impact of antibiotic treatment considered critical. The normal microbiota and the host coexist in a state of relative equilibrium, in which microbial communities are involved in optimal digestion of nutrients, production of short-chain fatty acids and maintenance of immune tolerance [2], but loss of this equilibrium can promote chronic inflammation, insulin resistance and alterations in anthropometric parameters linked to obesity.

The age-dependent dynamics of the gut microbiota is another characteristic that should not be neglected: throughout life both quantitative and qualitative features of microbial communities undergo modifications. Reduced microbial diversity, altered relative abundances of dominant taxa and increased prevalence of pro-inflammatory microbiota profiles have been observed in older adults and are linked to sarcopenia, frailty, greater cardiometabolic risk, as well as altered body composition. These events may ultimately affect anthropometric measures, e.g. body mass index (BMI), waist circumference, waist-to-hip ratio and differentiation between visceral and subcutaneous fat, which is relevant in the analysis of obesity in older individuals [3].

Meanwhile, the foundations of an adult's microbiota profile are established in early childhood. In the first 2 years of life, the gastrointestinal tract is colonised in a stepwise manner depending on mode of delivery, type of feeding, environmental exposure, infections and antibiotic therapy. The paediatric microbiome demonstrates relatively high plasticity, and the developmental trajectory of this still-adapting ecosystem may exert lasting effects on metabolic health – namely a propensity for excess body weight – and may modify adult growth patterns of body composition, size and proportionality [4].

The development of the gut microbiota is associated with the concept of the Developmental Origins of Health and Disease (DOHaD), which states that early-life conditions establish risk factors for disease in adult life. The establishment of a stable microbiota is concomitant with programming of the immune system, metabolic pathways and endocrine regulation that, over time, can influence energy balance, insulin sensitivity and body weight homeostasis. Sex-specific variations in growth and body composition have been found to reflect differences in the gut microbiome, which is altered in childhood obesity. Early alterations of commensal microbiota have been shown to be a factor that increases the risk of obesity, modifies growth and developmental trajectories and may thus indirectly affect anthropometric parameters such as body mass index (BMI) or markers of abdominal adiposity in adulthood [5].

The integration of all these data allows the gut microbiota to be viewed as a fundamental part of the human body, contributing to the functioning of most physiological systems. It is involved in lipid and carbohydrate metabolism, modulation of immune responses, and affects the function of the liver, adipose tissue, muscles and systemic inflammatory markers. Dysbiosis has been implicated in the pathogenesis of a number of non-communicable diseases, mainly metabolic syndrome (MetS), type 2 diabetes (T2D) and obesity, in which alterations of body composition, visceral fat accumulation and impairment of traditional anthropometric measures are highly involved. Hence, the gut microbiota may be considered one of the major players connecting the environment, metabolism and the obesity phenotype [6].

Data regarding the relationship between microbiota profiles and obesity, as well as their anthropometric indicators, are of special relevance. There are significant associations between individual bacterial groups, the Firmicutes/Bacteroidetes ratio, levels of short-chain fatty acid (SCFA) production and parameters such as BMI, waist circumference, waist-to-hip ratio and body fat percentage. It has been demonstrated that dysbiosis may increase the energetic efficiency of food, modify appetite regulation, induce low-grade inflammation and insulin resistance, and finally result in weight gain and the establishment of an abdominal obesity phenotype. This renders the investigation of microbiota profiles a promising avenue for elucidating the pathophysiology of obesity and associated anthropometric alterations in adults [7].

Diet shapes the gut microbiota, which is strongly associated with metabolism. Diets high in animal fats and simple sugars are linked to dysbiosis and to microbiota profiles that are positively correlated with body weight gain and visceral fat accumulation, whereas consumption of dietary fibre, prebiotics and plant-based foods supports the enrichment of SCFA-producing bacteria and enhances metabolic health. The microbiota, in turn, shapes the spectrum and degree of substrate fermentation, which impacts energetic harvest from the diet, affects satiety and reported energy intake, and eventually influences end-point parameters such as BMI, waist size and anthropometry-based markers of obesity [8].

Besides its metabolic effects, the gut microbiota is involved in regulation of the gut–brain axis through neurohumoral and behavioural pathways controlling eating behaviour. The microbiota can modulate patterns of food intake, dietary preferences and physical activity by inducing neuroactive compounds, by acting on gut hormone release (GLP-1, PYY, ghrelin) and through central structures controlling hunger and satiation. These influences translate into the dynamics of body weight and fat distribution, as well as other anthropometric features, establishing a link between the microbiota and the psycho-emotional and behavioural aspects of obesity [9].

The composition of the microbiota is determined by many factors – genetic, dietary, environmental and pharmacological – as well as co-morbidities, level of physical activity and other lifestyle factors. The potential for targeted manipulation of the microbiota using probiotics, prebiotics, synbiotics, dietary interventions and, in certain cases such as obesity-related conditions, faecal microbiota transplantation

offers hope for the correction not only of aberrant metabolism but also of anthropometric indicators of obesity in adults [10]. In this context, a literature review on this topic is highly relevant, since a systematic evaluation of the available evidence regarding the association between gut microbiota composition and obesity-related anthropometric measures in adults is needed.

The purpose of the article – to conduct a review of modern literature sources regarding the peculiarities of the relationship between intestinal microflora and anthropometric indicators of the human body.

Research objects and methods. To achieve the goal, a review of literary sources from key databases - Google Scholar, Scopus and PubMed was conducted. Articles published no more than 10 years ago were selected for analysis. Articles were selected for analysis according to the relevance of the article's keywords to the title of our publication.

Presentation of the main material.

Research results and their discussion. Modern literature has demonstrated that the association between gut microbiota composition, diet quality and anthropometric indicators of obesity in adults is complex and diverse. Malinowska et al. reported that even in relatively healthy adults, differences in diet quality are related to differences in the taxonomic composition of the microbiota, as well as in BMI and waist circumference; certain characteristics associated with a "healthier" diet were also linked to more favourable gut profiles irrespective of body weight. This emphasises that anthropometry, diet and the microbiota are intertwined but non-redundant, reflecting different dimensions of the metabolic status of the adult organism [11].

This multidimensionality becomes even more evident in research on "metabolically healthy obesity". Lee et al. showed that obese patients with relatively favourable metabolic and inflammatory profiles present a specific "microbiome signature" that is distinct not only from metabolically unhealthy obese subjects, but also from non-obese individuals matched for anthropometric characteristics. The authors demonstrated that some bacterial taxa and diversity indices are associated not only with BMI and waist circumference, but also with the magnitude of insulin resistance, markers of systemic inflammation and lipid profile. This suggests that widely varying microbiota profiles may be observed despite similar anthropometric measures of obesity, once metabolic phenotype is taken into account [12].

An important complement to these studies is provided by data on extreme forms of nutritional status and body composition. Mörkl et al. compared the gut microbiota profile of inpatients with anorexia nervosa and athletes, as well as overweight/obese and normal-weight control subjects. The authors demonstrated that not only BMI, but also adipose and muscle tissue content may be associated with changes in microbiota composition: decreased diversity and characteristic shifts in major taxa were observed in anorexia, whereas a different dysbiotic spectrum occurred among patients with obesity and overweight. The observation of a specific microbiota profile in athletes with high muscle mass illustrates that the microbiota does not merely reflect kilograms or BMI, but also deeper traits of body composition [13].

Although this review focuses on adults, findings from prospective paediatric cohorts can provide important hints as to how early microbiota characteristics are related to later anthropometric trajectories. In the KOALA study, Mbakwa et al. reported that the composition of the gut microbiome in school-aged children, already apparent in infancy, is related to body weight and the risk of overweight: individual bacterial groups were associated with both higher and lower BMI values. The authors highlight the role of diet and other environmental determinants in modifying this association, thereby challenging the concept of a "universal" microbiota marker of obesity in childhood [14].

Related to this, the microbiota is linked not only to body weight but also to linear growth and chronic undernutrition. Surono et al. showed marked disparities in gut microbiota structure between stunted and non-stunted children in a nutritionally deficient region of Indonesia. The authors observed that children with stunting presented distinct gut microbial patterns characterised by low diversity and structural changes in taxa representation, reflecting adaptation to chronic nutrient stress while setting a "template" for future metabolic risks. Thus, the gut microbiota has been associated with underweight as well as with overweight and obesity, and with several other anthropometric measurements, such as length/height, which is particularly relevant in countries experiencing the "double burden" of malnutrition by both excess and deficit [15].

In adults, it is not only the absolute value of BMI or waist circumference that matters, but also the combination of anthropometric parameters with metabolic phenotypes. Olivares et al. demonstrated that, in adults with disparate metabolic phenotypes (essentially "healthy" and "unhealthy" at similar body weights), microbiota composition diverges substantially. Certain bacterial genera and diversity indices were correlated with insulin sensitivity, lipid profile and the level of systemic inflammation, regardless of BMI. This raises the possibility that the gut microbiota may serve as an intermediate modulator between anthropometric measures and metabolic disorders, for example influencing whether a given degree of obesity translates into a sustained risk of subsequent diabetes or cardiovascular disease [16].

Another layer of complexity in this relationship stems from microbial and fungal interactions in the gut. García-Gamboa et al. analysed bacterial and mycotic components of the microbiota in association with nutritional status and body weight, identifying combinations of fungi and bacteria that were associated either with normal anthropometric measurements or with overweight/obesity. The authors stress that the "bacteria–fungi" axis may exert an integrated influence on both metabolism and inflammation, and that examining only the bacterial subcomponent of the microbiome may underestimate the true extent of obesity-related disturbances and their comorbidities [17].

The systematic review by Crovesy et al. summarised a wide variety of studies on the microbiota in adults with obesity and found that, although many reports agree regarding such variables as differences in the Firmicutes/Bacteroidetes ratio, levels of

specific genera or species and decreased diversity, overall consensus is limited. The authors suggest that methodological differences may explain much of this heterogeneity, including the use of different sequencing platforms and data normalisation methods; in addition, there are marked differences in diet, ethnicity and definitions of obesity (different BMI and waist circumference cut-offs). This supports the idea that the relationship between microbiota and anthropometric markers of obesity does exist, but is context-dependent and cannot be reduced to a simple "one size fits all" formula [18].

Special attention should be paid to research in socially vulnerable groups that investigate diet quality, BMI and microbiota simultaneously. Rajakaruna et al., in a low-income cohort, demonstrated that high diet quality and low BMI values are associated with oppositely directed changes in distal gut microbiota: several taxa showed positive correlations with "healthy" eating patterns but negative correlations with elevated BMI. These results emphasise that socioeconomic indicators, access to quality food and dietary habits greatly influence the relationship between anthropometric indices and gut microbiota structure [19].

The geographical and national context is further illustrated by the research of Osborne et al. conducted in Bangladesh. The authors demonstrated that microbiota composition is associated with multiple anthropometric measures - taking into account not only BMI but also waist, hip and, in some cases, mid-upper arm circumference—in a population in which underweight and overweight coexist. The associations differed from those reported in Western populations, suggesting the influence of country-specific dietary patterns, infectious background and social determinants of health on the microbiota–anthropometry relationship [20].

Collective evidence from various nations suggests that national and ethnic factors are significant modifiers of this relationship. Palmas et al. reported several microbiota markers associated with overweight and obesity in Italian adults, some of which consistently correlated with both high BMI and waist circumference. They proposed that these bacterial taxa might become candidate markers of cardiometabolic risk, at least in Mediterranean populations with characteristic dietary patterns [21].

Abou-Samra et al. studied microbiota composition in lean and obese individuals in Lebanon, and their results revealed that relationships between taxa and body weight differ from those described for European subjects. Under these circumstances, variation in traditional dietary habits, fibre content, types of fat and levels of urbanisation might emerge as key determinants in the development of "regional" microbiota signatures of obesity. The authors emphasise that it may be inappropriate to apply the same microbiota markers across broad national populations without local validation [22].

Furthermore, the influence of nationality and ethnicity on shaping the microbiota is convincingly shown in studies comparing different countries or ethnic groups sharing a similar environment. Escobar et al. demonstrated that the microbiota of Colombians is quite distinct from that of American, European and Asian populations

due to differences in dominant genera and in the proportions of major phyla. These differences are attributed by the authors to diet, traditional lifestyle and other cultural traits that indirectly affect the population's anthropometric profile [23].

Dwiyanto et al. reported that even in a single middle-income country, ethnicity is strongly associated with microbiota composition among people living in the same geographical area and enjoying similar food accessibility. The authors showed that some taxa are characteristic of particular ethnic groups and that their presence correlates with differences in body weight and other adiposity indices. This highlights once more the role of ethnicity as a critical biological and cultural cofactor in the microbiota–anthropometry relationship that should not be overlooked when interpreting findings [24].

Finally, the study by Ruiz-Limon et al. adds the factor of physical activity to this equation. Among older individuals with overweight/obesity and metabolic syndrome, increased physical activity was accompanied by modulation of gut microbiota structure, which was consistent with improvements in certain metabolic parameters and, in some participants, favourable changes in body weight and waist circumference. This suggests that the microbiota does not only represent static anthropometric status, but also reflects responses to interventions (such as increased physical activity) and thus might serve as a potential marker of the effectiveness of non-pharmacological weight management programmes in older adults [25].

Overall, these data collectively indicate that the majority of studies demonstrate associations between gut microbiota composition and anthropometric markers of obesity; yet the type and magnitude of these associations are greatly influenced by age, sex, diet quality, metabolic phenotype, nationality/ethnicity and physical activity. The resulting "obesity-associated" microbiota profiles are not universal and can differ widely across populations. Many of the studies are cross-sectional and thus cannot provide causal inferences about whether dysbiosis is a cause, a consequence, or both a marker and a modifier of obesity. This emphasises the necessity of additional prospective and interventional studies that address ethnic and national diversity, incorporate thorough anthropometric evaluation and standardised microbiota assessment techniques, in order to disentangle the role of the gut microbiota in shaping the obese phenotype in adults.

Conclusions. This review of the literature demonstrates that gut microbiota composition is positively associated with adult anthropometric indicators of obesity, but that these associations are complex, heterogeneous and highly context-dependent. Specifically, age, gender, diet quality (fully adjusted model), metabolic phenotype (including BMI as a potential mediator in the model) and nationality/ethnicity as well as physical activity powerfully modulate observed GM–anthropometry associations making "obesity-associated" microbial profiles not to be universally valid across populations. Casual inference is constrained by the predominance of cross-sectional study designs and it is difficult to differentiate between microbiota alterations as a cause, result or signifier of obesity. Well-designed prospective and interventional

studies with precise anthropometric characterisation, standardized microbiota monitoring, and careful consideration of the substantial enviromicrobiological heterogeneity across human populations are needed to disentangle the impact of gut microbiota configuration on obese phenotypes, along with identification of sound, population-specific microbial biomarkers.

References

1. Jandhyala, S. M., Talukdar, R., Subramanyam, C., Vuyyuru, H., Sasikala, M., & Reddy, D. N. (2015). Role of the normal gut microbiota. *World journal of gastroenterology: WJG*, *21*(29), 8787.

2. Thursby, E., & Juge, N. (2017). Introduction to the human gut microbiota. *Biochemical journal*, *474*(11), 1823-1836.

3. O'Toole, P. W., & Jeffery, I. B. (2015). Gut microbiota and aging. *Science*, *350*(6265), 1214-1215.

4. Derrien, M., Alvarez, A. S., & de Vos, W. M. (2019). The gut microbiota in the first decade of life. *Trends in microbiology*, *27*(12), 997-1010.

5. Butel, M. J., Waligora-Dupriet, A. J., & Wydau-Dematteis, S. (2018). The developing gut microbiota and its consequences for health. *Journal of Developmental Origins of Health and Disease*, *9*(6), 590-597.

6. Harmsen, H. J., & de Goffau, M. C. (2016). The human gut microbiota. *Microbiota of the human body: Implications in health and disease*, 95-108.

7. Gérard, P. (2016). Gut microbiota and obesity. *Cellular and molecular life sciences*, *73*(1), 147-162.

8. Flint, H. J., Duncan, S. H., Scott, K. P., & Louis, P. (2015). Links between diet, gut microbiota composition and gut metabolism. *Proceedings of the Nutrition Society*, *74*(1), 13-22.

9. Wang, H. X., & Wang, Y. P. (2016). Gut microbiota-brain axis. *Chinese medical journal*, *129*(19), 2373-2380.

10. Hasan, N., & Yang, H. (2019). Factors affecting the composition of the gut microbiota, and its modulation. *PeerJ*, *7*, e7502.

11. Malinowska, A. M., Schmidt, M., & Chmurzynska, A. (2020). Diet quality, anthropometrics, and gut microbiota composition in healthy adults. *Proceedings of the Nutrition Society*, *79*(OCE2), E369.

12. Lee, H. K., Kim, N. E., Shin, C. M., Oh, T. J., Yoon, H., Park, Y. S., ... & Lee, D. H. (2024). Gut microbiome signature of metabolically healthy obese individuals according to anthropometric, metabolic and inflammatory parameters. *Scientific Reports*, *14*(1), 3449.

13. Mörkl, S., Lackner, S., Müller, W., Gorkiewicz, G., Kashofer, K., Oberascher, A., ... & Holasek, S. (2017). Gut microbiota and body composition in anorexia nervosa inpatients in comparison to athletes, overweight, obese, and normal weight controls. *International Journal of Eating Disorders*, *50*(12), 1421-1431.

14. Mbakwa, C. A., Hermes, G. D., Penders, J., Savelkoul, P. H., Thijs, C., Dagnelie, P. C., ... & Arts, I. C. (2018). Gut microbiota and body weight in school-aged children: the KOALA birth cohort study. *Obesity*, *26*(11), 1767-1776.

15. Surono, I. S., Popov, I., Verbruggen, S., Verhoeven, J., Kusumo, P. D., & Venema, K. (2024). Gut microbiota differences in stunted and normal-lenght children aged 36–45 months in East Nusa Tenggara, Indonesia. *Plos one*, *19*(3), e0299349.

16. Olivares, P. D. S. G., Pacheco, A. B. F., Aranha, L. N., da Silva Oliveira, B., Santos, A. A., Dos Santos, P. C. M., ... & Oliveira, G. M. M. (2021). Gut microbiota of adults with different metabolic phenotypes. *Nutrition*, *90*, 111293.

17. García-Gamboa, R., Díaz-Torres, O., Senés-Guerrero, C., Gradilla-Hernández, M. S., Moya, A., Pérez-Brocal, V., ... & González-Avila, M. (2024). Associations between bacterial and fungal communities in the human gut microbiota and their implications for nutritional status and body weight. *Scientific Reports*, *14*(1), 5703.

18. Crovesy, L., Masterson, D., & Rosado, E. L. (2020). Profile of the gut microbiota of adults with obesity: a systematic review. *European journal of clinical nutrition*, *74*(9), 1251-1262.

19. Rajakaruna, S., Freedman, D. A., Sehgal, A. R., Bui, X., & Paliy, O. (2019). Diet quality and body mass indices show opposite associations with distal gut microbiota in a low-income cohort. *J. Food Sci. Technol*, *4*, 846-851.

20. Osborne, G., Wu, F., Yang, L., Kelly, D., Hu, J., Li, H., ... & Chen, Y. (2020). The association between gut microbiome and anthropometric measurements in Bangladesh. *Gut microbes*, *11*(1), 63-76.

21. Palmas, V., Pisanu, S., Madau, V., Casula, E., Deledda, A., Cusano, R., ... & Velluzzi, F. (2021). Gut microbiota markers associated with obesity and overweight in Italian adults. *Scientific reports*, *11*(1), 5532.

22. Abou-Samra, M., Venema, K., Moubareck, C. A., & Karavetian, M. (2025). Gut microbiota composition of lean and obese Lebanese individuals. *Beneficial Microbes*, *1*(aop), 1-17.

23. Escobar, J. S., Klotz, B., Valdes, B. E., & Agudelo, G. M. (2014). The gut microbiota of Colombians differs from that of Americans, Europeans and Asians. *BMC microbiology*, *14*(1), 311.

24. Dwiyanto, J., Hussain, M. H., Reidpath, D., Ong, K. S., Qasim, A., Lee, S. W. H., ... & Rahman, S. (2021). Ethnicity influences the gut microbiota of individuals sharing a geographical location: a cross-sectional study from a middle-income country. *Scientific Reports*, *11*(1), 2618.

25. Ruiz-Limon, P., Muralidharan, J., Gomez-Perez, A. M., Murri, M., Vioque, J., Corella, D., ... & Tinahones, F. J. (2024). Physical activity shifts gut microbiota structure in aged subjects with overweight/obesity and metabolic syndrome. *Biology of Sport*, *41*(3), 47-60.

Література

1. Jandhyala, S. M., Talukdar, R., Subramanyam, C., Vuyyuru, H., Sasikala, M., & Reddy, D. N. (2015). Role of the normal gut microbiota. *World journal of gastroenterology: WJG*, *21*(29), 8787.

2. Thursby, E., & Juge, N. (2017). Introduction to the human gut microbiota. *Biochemical journal*, *474*(11), 1823-1836.

3. O'Toole, P. W., & Jeffery, I. B. (2015). Gut microbiota and aging. *Science*, *350*(6265), 1214-1215.

4. Derrien, M., Alvarez, A. S., & de Vos, W. M. (2019). The gut microbiota in the first decade of life. *Trends in microbiology*, *27*(12), 997-1010.

5. Butel, M. J., Waligora-Dupriet, A. J., & Wydau-Dematteis, S. (2018). The developing gut microbiota and its consequences for health. *Journal of Developmental Origins of Health and Disease*, *9*(6), 590-597.

6. Harmsen, H. J., & de Goffau, M. C. (2016). The human gut microbiota. *Microbiota of the human body: Implications in health and disease*, 95-108.

7. Gérard, P. (2016). Gut microbiota and obesity. *Cellular and molecular life sciences*, *73*(1), 147-162.

8. Flint, H. J., Duncan, S. H., Scott, K. P., & Louis, P. (2015). Links between diet, gut microbiota composition and gut metabolism. *Proceedings of the Nutrition Society*, *74*(1), 13-22.

9. Wang, H. X., & Wang, Y. P. (2016). Gut microbiota-brain axis. *Chinese medical journal*, *129*(19), 2373-2380.

10. Hasan, N., & Yang, H. (2019). Factors affecting the composition of the gut microbiota, and its modulation. *PeerJ*, *7*, e7502.

11. Malinowska, A. M., Schmidt, M., & Chmurzynska, A. (2020). Diet quality, anthropometrics, and gut microbiota composition in healthy adults. *Proceedings of the Nutrition Society*, *79*(OCE2), E369.

12. Lee, H. K., Kim, N. E., Shin, C. M., Oh, T. J., Yoon, H., Park, Y. S., ... & Lee, D. H. (2024). Gut microbiome signature of metabolically healthy obese individuals according to anthropometric, metabolic and inflammatory parameters. *Scientific Reports*, *14*(1), 3449.

13. Mörkl, S., Lackner, S., Müller, W., Gorkiewicz, G., Kashofer, K., Oberascher, A., ... & Holasek, S. (2017). Gut microbiota and body composition in anorexia nervosa inpatients in comparison to athletes, overweight, obese, and normal weight controls. *International Journal of Eating Disorders*, *50*(12), 1421-1431.

14. Mbakwa, C. A., Hermes, G. D., Penders, J., Savelkoul, P. H., Thijs, C., Dagnelie, P. C., ... & Arts, I. C. (2018). Gut microbiota and body weight in school-aged children: the KOALA birth cohort study. *Obesity*, *26*(11), 1767-1776.

15. Surono, I. S., Popov, I., Verbruggen, S., Verhoeven, J., Kusumo, P. D., & Venema, K. (2024). Gut microbiota differences in stunted and normal-lenght children aged 36–45 months in East Nusa Tenggara, Indonesia. *Plos one*, *19*(3), e0299349.

16. Olivares, P. D. S. G., Pacheco, A. B. F., Aranha, L. N., da Silva Oliveira, B., Santos, A. A., Dos Santos, P. C. M., ... & Oliveira, G. M. M. (2021). Gut microbiota of adults with different metabolic phenotypes. *Nutrition*, *90*, 111293.

17. García-Gamboa, R., Díaz-Torres, O., Senés-Guerrero, C., Gradilla-Hernández, M. S., Moya, A., Pérez-Brocal, V., ... & González-Avila, M. (2024). Associations between bacterial and fungal communities in the human gut microbiota and their implications for nutritional status and body weight. *Scientific Reports*, *14*(1), 5703.

18. Crovesy, L., Masterson, D., & Rosado, E. L. (2020). Profile of the gut microbiota of adults with obesity: a systematic review. *European journal of clinical nutrition*, *74*(9), 1251-1262.

19. Rajakaruna, S., Freedman, D. A., Sehgal, A. R., Bui, X., & Paliy, O. (2019). Diet quality and body mass indices show opposite associations with distal gut microbiota in a low-income cohort. *J. Food Sci. Technol*, *4*, 846-851.

20. Osborne, G., Wu, F., Yang, L., Kelly, D., Hu, J., Li, H., ... & Chen, Y. (2020). The association between gut microbiome and anthropometric measurements in Bangladesh. *Gut microbes*, *11*(1), 63-76.

21. Palmas, V., Pisanu, S., Madau, V., Casula, E., Deledda, A., Cusano, R., ... & Velluzzi, F. (2021). Gut microbiota markers associated with obesity and overweight in Italian adults. *Scientific reports*, *11*(1), 5532.

22. Abou-Samra, M., Venema, K., Moubareck, C. A., & Karavetian, M. (2025). Gut microbiota composition of lean and obese Lebanese individuals. *Beneficial Microbes*, *1*(aop), 1-17.

23. Escobar, J. S., Klotz, B., Valdes, B. E., & Agudelo, G. M. (2014). The gut microbiota of Colombians differs from that of Americans, Europeans and Asians. *BMC microbiology*, *14*(1), 311.

24. Dwiyanto, J., Hussain, M. H., Reidpath, D., Ong, K. S., Qasim, A., Lee, S. W. H., ... & Rahman, S. (2021). Ethnicity influences the gut microbiota of individuals sharing a geographical location: a cross-sectional study from a middle-income country. *Scientific Reports*, *11*(1), 2618.

25. Ruiz-Limon, P., Muralidharan, J., Gomez-Perez, A. M., Murri, M., Vioque, J., Corella, D., ... & Tinahones, F. J. (2024). Physical activity shifts gut microbiota structure in aged subjects with overweight/obesity and metabolic syndrome. *Biology of Sport*, *41*(3), 47-60.