

O IMPACTO DA CONCENTRAÇÃO DE FIBRA SOLÚVEL NA DIETA SOBRE A MICROBIOTA FECAL E METABÓLITOS DE FERMENTAÇÃO FECALIS EM CÃES ADULTOS

THAINÁ B. MEDEIROS¹, HELOÍSA L. SILVA¹, LAIANE S. LIMA¹, RENATA B. M. S. SOUZA¹, VANESSA R. OLSZEWSKI¹, JÚLIA S. RODRIGUES¹, SIMONE G. OLIVEIRA¹, ANANDA P. FÉLIX¹

¹Universidade Federal do Paraná, UFPR, Campus de Ciências Agrárias, Curitiba, PR, Brasil.

Contato: thainamedeiros@ufpr.br / Apresentador: THAINÁ B. MEDEIROS

Resumo: Objetivou-se avaliar os efeitos de diferentes concentrações de fibra solúvel (FS) na dieta sobre a microbiota fecal e metabólitos de fermentação fecal em cães. Foram utilizados dados de 5 estudos do mesmo laboratório com cães adultos da raça Beagle, com 6 a 8 cães por tratamento. Foram avaliadas 16 dietas secas extrusadas para cães adultos contendo diferentes fontes de fibras, sendo que 6 foram classificadas como baixa FS ($0,53 \pm 0,17\%$), 5 como média FS ($1,03 \pm 0,13\%$) e 5 como alta FS ($2,33 \pm 0,78\%$). Foram analisadas a concentração fecal de ácidos graxos de cadeia curta (AGCC) e a microbiota fecal dos cães por sequenciamento de nova geração. Foi feita análise de correlação de Pearson ($P < 0,05$) e de coordenadas principais dos dados. Observou-se uma correlação negativa entre a concentração de FS e os gêneros *Clostridium* e *Collinsella*, enquanto os gêneros *Turicibacter*, *Blautia*, *Faecalibacterium* e *Lactobacillus*, bem como a diversidade microbiana e as concentrações fecais de AGCC se correlacionaram positivamente com a concentração de FS das dietas ($P < 0,05$). Conclui-se que dietas com baixa concentração de FS podem proporcionar um aumento de bactérias potencialmente patogênicas, como *Clostridium* e *Collinsella* e menor concentração fecal de AGCC em cães.

PalavrasChaves: Fibra dietética; funcionalidade intestinal, modulação.

THE IMPACT OF DIETARY SOLUBLE FIBER CONCENTRATION ON FECAL MICROBIOTA AND FECAL FERMENTATION METABOLITES IN ADULT DOGS

Abstract: This study aimed to evaluate the effects of different concentrations of soluble fiber (SF) in the diet on fecal microbiota and fecal fermentation metabolites in dogs. Data from 5 studies carried out by the same laboratory with adult Beagle dogs were used, with 6 to 8 dogs per treatment. Sixteen dry extruded diets for adult dogs containing different sources of fiber were evaluated, 6 of which were classified as low SF ($0,53 \pm 0,17\%$), 5 as medium SF ($1,03 \pm 0,13\%$) and 5 as high SF ($2,33 \pm 0,78\%$). The fecal concentration of short-chain fatty acids (SCFA) was measured and the fecal microbiota of the dogs were analyzed by next-generation sequencing. Pearson's correlation analysis ($P < 0,05$) and principal coordinates of the data were performed. A negative correlation was observed between the SF concentration and the genera *Clostridium* and *Collinsella*, while the genera *Turicibacter*, *Blautia*, *Faecalibacterium* and *Lactobacillus*, as well as microbial diversity and fecal concentrations of SCFA were positively correlated with the SF concentration of the diets ($P < 0,05$). Thus, it can be concluded that diets with a low SF concentration can lead to an increase in potentially pathogenic bacteria, such as *Clostridium* and *Collinsella*, and a lower fecal concentration of SCFA in dogs.

Keywords: Dietary fiber; intestinal functionality; modulation.

Introdução: O microbioma intestinal é considerado um órgão funcional, no qual os substratos alimentares são utilizados por bactérias e transformados em compostos metabolicamente ativos, com influência sobre o hospedeiro (Pilla et al., 2021). Dessa forma, ingredientes presentes na dieta, como as fontes de fibra solúvel (FS), podem influenciar a composição da microbiota intestinal e seus metabólitos (Pilla et al., 2021). Por outro lado, a quantidade ideal de FS nas dietas para cães ainda não foi precisamente estabelecida. Nesse contexto, objetivou-se avaliar os efeitos das diferentes concentrações dietéticas de FS sobre a modulação da microbiota fecal e seus metabólitos de fermentação em cães adultos.

Material e Métodos: Foram utilizados dados obtidos em 5 estudos realizados no mesmo laboratório entre 2016 e 2023 com cães adultos saudáveis da raça Beagle não castrados, sendo 50% machos e 50% fêmeas (peso médio de $12 \pm 1,8$ kg, 2 a 6 anos de idade e escore de condição corporal de $5 \pm 1,3$, em escala de 1 a 9, Laflamme, 1997), e com 6 a 8 repetições por tratamento. No total, foram avaliados dados de 16 dietas secas extrusadas para cães adultos contendo diferentes concentrações de FS (dietas teste), além de 5 dietas controle, sem inclusão de fonte de fibra. As fontes de fibras das dietas teste foram: celulose, lignocelulose, diferentes fibras de mandioca, fibra de maçã, polpa de beterraba, ervilha e grão de bico. Seis dietas foram classificadas como baixa, 5 como média e 5 como alta FS (Tabela 1). Em todos os estudos os cães consumiram as dietas por pelo menos 20 dias. Foram tabelados os dados da abundância relativa e alfa-diversidade da microbiota fecal por sequenciamento do gene 16s rRNA e da concentração fecal de ácidos graxos de cadeia curta (AGCC). Para comparar os dados obtidos nos diferentes estudos, foram calculadas as diferenças médias padronizadas das repetições entre a dieta teste e a dieta controle de cada estudo. Foi feita análise de correlação de Pearson ($P < 0,05$) entre as variáveis analisadas e as concentrações de fibra dietética total (FDT), fibra insolúvel (FI) e FS das dietas. As variáveis que apresentaram correlação significativa foram submetidas a análise de componentes principais pelo método de Bray-Curtis. A diferença entre os grupos foi analisada por PERMANOVA ($P < 0,05$).

Resultado e Discussão: Não houve correlação entre FDT e FI e as variáveis analisadas ($P > 0,05$). O aumento na abundância fecal de *Allobaculum*, *Turicibacter*, *Ruminococcus*, *Blautia* e *Bifidobacterium* foi correlacionado ao aumento de FS dietética ($P < 0,05$, Figura 1). Esse resultado pode ser atribuído à fermentação da FS presente na dieta, causando aumento na produção de AGCC, que são capazes de limitar o crescimento de bactérias potencialmente patogênicas ao diminuir o pH do lúmen intestinal (Brito et al., 2021), favorecendo o crescimento de bactérias relacionadas à eubiose. Com isso, foi observado

correlação positiva entre *Faecalibacterium*, *Lactobacillus*, índice de diversidade Shannon, AGCC totais, propionato, acetato e butirato e o aumento da FS da dieta ($P<0,05$). Os gêneros *Faecalibacterium* e *Lactobacillus* são produtores de AGCC e estão aumentados em cães que consomem dietas com suplementação de fibras (Montserrat-Malagarriga et al., 2024). Por outro lado, foi observado um aumento na abundância dos gêneros *Clostridium* e *Collinsella* em dietas de baixa concentração de FS. Em humanos, estudos indicam que a espécie *Collinsella aerofaciens* pode comprometer a integridade da barreira intestinal ao reduzir a expressão de proteínas nas junções de oclusão dos enterócitos, além de induzir a expressão de citocinas pró-inflamatórias (Chen et al., 2016). Com relação ao gênero *Clostridium*, a espécie *Clostridium difficile* é associada a um desequilíbrio na conversão de ácidos biliares, apresentando potencial patogênico na microbiota intestinal de cães (Werner et al., 2023).

Tabela 1. Média $\pm$ desvio padrão das concentrações (com base na matéria seca) de fibra dietética total (FDT), fibra insolúvel (FI) e solúvel (FS) e relação FI:FS das dietas avaliadas.

Fibra solúvel	Número de dietas	FI:FS	FDT (%)	FI (%)	FS (%)
Baixa	6	14:1	8,43 $\pm$ 0,88	7,58 $\pm$ 0,72	0,53 $\pm$ 0,17
Média	5	6:1	7,24 $\pm$ 1,14	6,19 $\pm$ 1,01	1,03 $\pm$ 0,13
Alta	5	3:1	10,20 $\pm$ 2,17	7,87 $\pm$ 1,49	2,33 $\pm$ 0,78

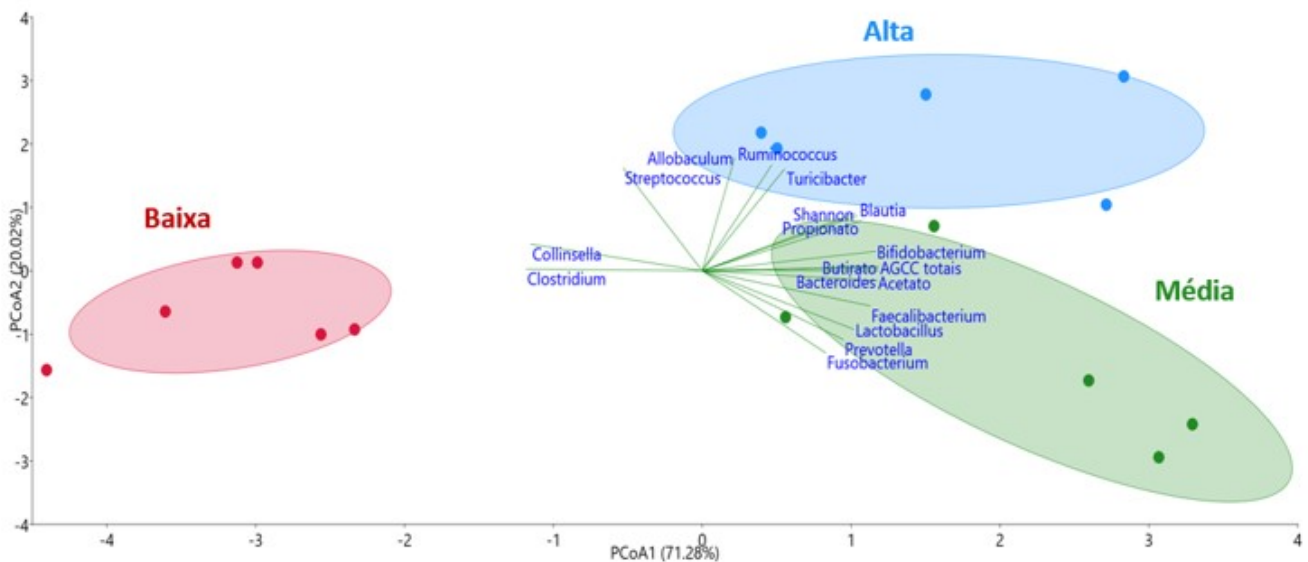


Figura 1. Análise das coordenadas principais (PCoA) das fezes de cães alimentados com dietas classificadas como: baixa (●), média (●) ou alta (●) concentração de fibra solúvel. $P<0,05$ por PERMANOVA.

Conclusão: Dietas com maior concentração de FS podem modular positivamente a microbiota intestinal e seus metabólitos, promovendo aumento de AGCC nas fezes dos cães e de bactérias relacionadas à eubiose, como *Turicibacter*, *Blautia* e *Faecalibacterium*. Em contrapartida, dietas com baixa FS podem proporcionar um aumento de gêneros bacterianos potencialmente patogênicos, como *Clostridium* e *Collinsella*.

Agradecimentos: Agradecimento ao CNPQ pela bolsa do primeiro autor e VB alimentos pelo suporte ao laboratório.

Referências Bibliográficas: BRITO, C. B. M. et al. Effect of dietary inclusion of dried apple pomace on faecal butyrate concentration and modulation of gut microbiota in dogs. **Archives Animal Nutrition**, v. 75, n. 1, p. 48-63, 2021. CHEN, J. et al. An expansion of rare lineage intestinal microbes characterizes rheumatoid arthritis. **Genome Medicine**, v. 8, n. 1, p. 43, 2016. LAFLAMME, D. P. Development and validation of a body condition score system for dogs. **Canine Practice**, v. 22, p. 10–15, 1997. MONTERRAT-MALAGARRIGA, M. et al. The impact of fiber source on digestive function, fecal microbiota, and immune response in adult dogs. **Animals: an open access journal from MDPI**, v. 14, n. 2, p. 196, 2024. PILLA, R.; SUCHODOLSKI, J. S. The gut microbiome of dogs and cats, and the influence of diet. **Veterinary Clinics: Small Animal Practice**, v. 51, n. 3, p. 605-621, 2021. WERNER, M. et al. Prevalência de Clostridioides difficile em fezes caninas e sua associação com disbiose intestinal. **Animals: an open access journal from MDPI**, v. 13, n. 15, p. 2441, 2023.