

## A INFLUÊNCIA MICROBIANA NA PRODUÇÃO DE ÁCIDOS GRAXOS EM CÃES: INSIGHTS DE DOIS ESTUDOS INDEPENDENTES

GABRIELA LUIZA FAGUNDES FINARDI, PEDRO H. MARCHI; JENNIFER M. SOUZA; LEONARDO A. PRÍNCIPE; LUANA D. SANTOS; FELIPE S. TRINDADE; JULIO C. C. BALIEIRO; THIAGO H.A VENDRAMINI

Centro de Pesquisa em Nutrologia de Cães e Gatos (CEPEN Pet) – Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia (FMVZ/USP) – Pirassununga, SP

Contato: gabriela.finardi@usp.br / Apresentador: GABRIELA LUIZA FAGUNDES FINARDI

**Resumo:** Os microrganismos da microbiota intestinal de cães desempenham papel essencial na saúde do hospedeiro influenciando o funcionamento intestinal e o sistema imunológico principalmente pela produção de ácidos graxos de cadeia curta e ramificada. A produção desses ácidos depende de um processo enzimático mediado pelas bactérias fermentativas no trato gastrointestinal, e a composição da microbiota afeta as concentrações desses metabólitos fecais. Este estudo correlacionou a composição da microbiota fecal e as concentrações de ácidos graxos em dois estudos com desenhos de quadrado latino duplo. O Experimento 1 utilizou quatro alimentos balanceados com níveis crescentes de beta-glucanos. Os Experimentos 2 usou três alimentos formulados com farelo de larva de mosca soldado negro. Os dados microbiológicos foram obtidos por sequenciamento de rRNA 16S. As análises indicaram que as famílias Clostridiaceae, Erysipelatoclostridiaceae, Peptococcaceae e Peptostreptococcaceae reduziram os ácidos graxos. As correlações reforçam o impacto de microrganismos específicos na produção de ácidos graxos em cães.

**PalavrasChaves:** ácidos graxos, caninos, microbiota, nutrição.

## THE MICROBIAL INFLUENCE ON FATTY ACID PRODUCTION IN DOGS: INSIGHTS FROM TWO INDEPENDENT STUDIES

**Abstract:** The microorganisms in the intestinal microbiota of dogs play a crucial role in host health by influencing intestinal function and the immune system, mainly through the production of short-chain and branched-chain fatty acids. The production of these acids depends on an enzymatic process mediated by fermentative bacteria in the gastrointestinal tract, and the composition of the microbiota affects the concentrations of these fecal metabolites. This study correlated the composition of the fecal microbiota and the concentrations of fatty acids in two studies with a double Latin square design. Experiment 1 used four balanced foods with increasing levels of beta-glucans. Experiment 2 used three foods formulated with black soldier fly larvae meal. Microbiological data were obtained through 16S rRNA sequencing. The analyses indicated that the families Clostridiaceae, Erysipelatoclostridiaceae, Peptococcaceae, and Peptostreptococcaceae reduced fatty acids. The correlations reinforce the impact of specific microorganisms on fatty acid production in dogs.

**Keywords:** fatty acids, canine, microbiota, nutrition

**Introdução:** Os microrganismos da microbiota intestinal de cães, incluindo bactérias e seus componentes genéticos, influenciam a saúde do hospedeiro (Pilla et al., 2020; Zhang et al., 2022), geralmente de forma benéfica (Petrosino et al., 2009). No entanto, desequilíbrios podem causar problemas. Essas bactérias são essenciais para o funcionamento intestinal e o fortalecimento do sistema imune, principalmente pela produção de ácidos graxos de cadeia curta e ramificada, derivados da fermentação de fibras e proteínas. Esses ácidos graxos têm papel no controle de doenças autoimunes, metabólicas e neurológicas, além de regular a motilidade e o fluxo sanguíneo do cólon, sendo fontes de energia para os colonócitos (Tazoe et al., 2008). A produção e liberação dos ácidos graxos variam conforme dieta, local de fermentação e genótipo do hospedeiro (Tan, 2014). Este estudo correlacionou a composição da microbiota fecal e as concentrações de ácidos graxos em dois estudos distintos.

**Material e Métodos:** Dois bancos de dados de estudos foram selecionados para esta análise estatística. Ambos os estudos foram conduzidos utilizando um desenho de quadrado latino duplo. O Experimento 1 consistiu em quatro alimentos nutricionalmente balanceados com níveis crescentes de beta-glucanos de levedura (0,0, 0,07, 0,14 e 0,28%) formulados para cães. Os Experimentos 2 utilizou três alimentos nutricionalmente similares, formulados para cães adultos com 0, 50 ou 100% de farelo de larva de mosca soldado negro. Os dados da microbiota fecal foram obtidos por meio de sequenciamento de rRNA 16S. Ácidos graxos de cadeia curta e de cadeia ramificada, ácido lático, amônia e pH fecal foram quantificados utilizando os mesmos métodos analíticos. Essas variáveis foram analisadas utilizando um modelo estatístico com tratamento como efeito fixo, animal dentro do quadrado, período e resíduo como efeitos aleatórios, e a abundância de cada microrganismo como uma covariável linear. Todas as análises utilizaram o procedimento PROC MIXED no SAS 9.4. Valores de  $P < 0,1$  foram considerados como discriminantes para possíveis associações futuras e  $P < 0,05$  foram considerados como significativos.

**Resultado e Discussão:** Com base nesta análise retrospectiva, os principais filos e famílias associados à maior produção de acetato, propionato e butirato no intestino foram identificados nos dois estudos (Tabela 1). As famílias Clostridiaceae, Erysipelatoclostridiaceae, Peptococcaceae e Peptostreptococcaceae foram identificadas como responsáveis pela redução desses ácidos graxos (Tabela 2). O filo Bacteroidetes e a família Bacteroidaceae foram associados à produção de ácidos graxos de cadeia ramificada no Experimento 1. Nenhuma correlação foi encontrada entre os microrganismos e os níveis de amônia. Ambos os estudos com cães demonstraram que a dieta influencia significativamente a microbiota fecal, impactando sua composição e diversidade microbiana. Embora a nutrição tenha um papel importante, os dados sugerem que há possíveis grupos microbianos específicos correlacionados diretamente com a produção de compostos benéficos para a saúde intestinal,

destacando a necessidade de mais pesquisas para entender melhor esses mecanismos e otimizar tratamentos, como alimentos e probióticos.

Tabela 1. Correlações positivas entre filos e famílias e ácidos graxos de cadeia curta.

| Exp. | Acetato                                                                                         | P                                              | Propionato                                                                      | P                                    | Butirato                          | P                 |
|------|-------------------------------------------------------------------------------------------------|------------------------------------------------|---------------------------------------------------------------------------------|--------------------------------------|-----------------------------------|-------------------|
| 1    | Bacteroidetes<br>Prevotellaceae                                                                 | 0,0806<br>0,0050                               | Bacteroidetes<br>Proteobacteria<br>Prevotellaceae                               | 0,0806<br>0,0331<br>0,0539           | Firmicutes<br>Erysipelotrichaceae | 0,0398<br><0,0001 |
| 2    | Campylobacterota<br>Proteobacteria<br>Acidaminococcaceae<br>Helicobacteraceae<br>Sutterellaceae | 0,0598<br>0,0335<br>0,0185<br>0,0699<br>0,0534 | Campylobacterota<br>Deferribacterota<br>Deferribacteraceae<br>Helicobacteraceae | 0,0490<br>0,0790<br>0,0790<br>0,0220 | -                                 | -                 |

Exp. = experimento.

Tabela 2. Correlações negativas entre filos e famílias e ácidos graxos de cadeia curta.

| Exp. | Acetato                                        | P                | Propionato                            | P                | Butirato                                          | P                          |
|------|------------------------------------------------|------------------|---------------------------------------|------------------|---------------------------------------------------|----------------------------|
| 1    | Actinobacteriota<br>Erysipelotrichaceae        | 0,0222<br>0,0674 | Clostridiaceae<br>Erysipelotrichaceae | 0,0298<br>0,0845 | Bacteroidetes<br>Fusobacteria<br>Fusobacteriaceae | 0,0694<br>0,0738<br>0,0738 |
| 2    | Erysipelatoclostridia<br>Peptostreptococcaceae | 0,0044<br>0,0547 | Erysipelatoclostridia                 | 0,0922           | Erysipelatoclostridia<br>Peptococcaceae           | 0,0382<br>0,0999           |

Exp. = experimento.

**Conclusão:** Apesar das diferenças nas dietas, características individuais e variações entre os experimentos, as correlações encontradas reforçam o papel crucial de microrganismos específicos na modulação da microbiota intestinal e na produção de ácidos graxos de cadeia curta, destacando a complexidade e a importância desses processos para a saúde intestinal e geral dos animais.

**Agradecimentos:** Os autores agradecem a Grandfood Indústria e Comércio LTDA. (PremieRpet®) pelo apoio ao estudo.

**Referências Bibliográficas:** PETROSINO, J. F. et al. Metagenomic pyrosequencing and microbial identification. *Clinical Chemistry*, v. 55, p. 856-866, 2009. PILLA, R.; SUCHODOLSKI, J. S. The role of the canine gut microbiome and metabolome in health and gastrointestinal disease. *Frontiers in Veterinary Science*, v. 7, p. 582809, 2020. ZHANG, Y. et al. Association between intestinal microbiota and inflammatory bowel disease. *Animal Models and Experimental Medicine*, v. 5, p. 311-322, 2022. TAN, J. et al. The role of short-chain fatty acids in health and disease. *Advances in Immunology*, v. 121, p. 91-119, 2014. TAZOE, H. et al. Roles of short-chain fatty acids receptors, GPR41 and GPR43 on colonic functions. *Journal of Physiology and Pharmacology*, v. 59, supl. 2, p. 251, 2008.