

CARACTERIZAÇÃO DA MICROBIOTA FECAL DE CÃES OBESOS, EMAGRECIDOS E EM ESCORE CORPORAL IDEAL

Matheus V Macegoza, Henrique T Macedo, Marcio A Brunetto

Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia – FMVZ/USP

matheus.macegoza@usp.br

Objetivos

Caracterizar a microbiota fecal de cães obesos e em escore corporal ideal e avaliar os efeitos do emagrecimento sobre os níveis taxonômicos de filós e gêneros bacterianos nas fezes.

Métodos e Procedimentos

Foram incluídos dez cães, fêmeas, castradas, de diferentes raças, com idade entre 1 e 8 anos, obesos, com escore de condição corporal (ECC) igual ou superior a 8 (LAFLAMME, 1997), e composição corporal determinada pelo método de diluição de isótopos de deutério (GO). Os cães obesos foram incluídos em um programa de perda de peso e, após redução de 20% do peso inicial, passaram a compor um novo grupo experimental (GE). Um terceiro grupo foi constituído por dez cães, fêmeas, castradas, idade entre 1 e 8 anos e ECC ideal-4 ou 5 (GC). Os animais receberam dietas padronizadas. No momento inicial (GO e GC) e após o emagrecimento dos cães obesos (GE) foram realizadas coletas de fezes. Ao final do estudo, foi extraído o DNA total das fezes e estas foram sequenciadas pela metodologia *Illumina*. As abundâncias observadas para cada filo e gênero foram avaliadas por modelo linear generalizado através do procedimento PROC GLIMMIX do programa *Statistical Analysis System*. Valores de $P < 0,05$ foram considerados significativos.

Resultados

Foram identificados 7 filós e 51 gêneros diferentes entre os 3 grupos experimentais (Figura 1). O filo e gênero predominante entre os grupos foi respectivamente o Firmicutes (53,01% - 71,98%) e o *Clostridium* (42,43 – 25,51%). Foi observada diferença entre animais obesos e magros para o filo Firmicutes

($P=0,0189$) e gênero *Sutterella* ($P=0,0095$). O programa de perda de peso resultou no aumento dos filós Actinobacteria ($P=0,0128$), Firmicutes ($P=0,0189$) e do gênero *Dorea* ($P<0,0001$) e, reduziu o *Faecalibacterium* ($P=0,0114$).

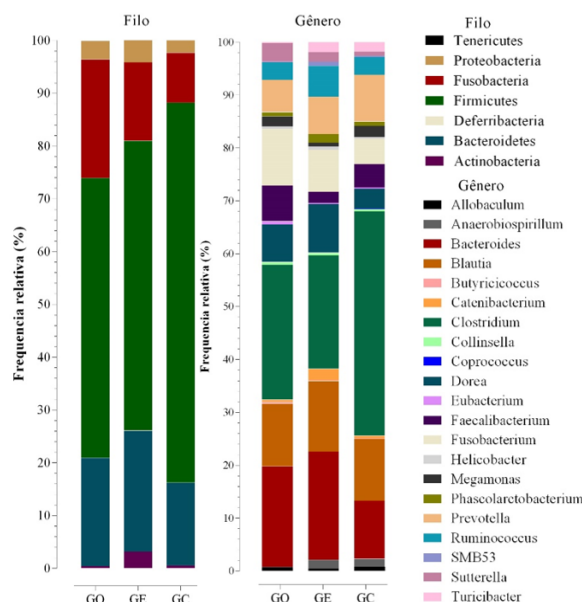


Figura 1. Distribuição dos filós e gêneros bacterianos entre os grupos experimentais.

Conclusões

A microbiota fecal de cães obesos diferiu da de cães em escore ideal e, o programa de perda de peso resultou em diferenças em filós e gênero, no entanto, esta se manteve diferente da microbiota fecal de cães em escore ideal.

Referências Bibliográficas

Laflamme DP. Development and validation of a body condition score system for dogs. *Canine Pract.* 1997; 22:10-15.

CHARACTERIZATION OF FECAL MICROBIOTA IN OBESE, LEAN AND IDEAL BODY CONDITION SCORE DOGS

Matheus V Macegoza, Henrique T Macedo, Marcio A Brunetto

School of Veterinary Medicine and Animal Science, University of São Paulo, São Paulo – SP

matheus.macegoza@usp.br

Objectives

Characterize the fecal microbiota of obese dogs and dogs with ideal body condition and evaluate the effects of the weight loss on bacterial phyla and genera on feces.

Methods and Procedures

Ten neutered female dogs of different breeds, 1 to 8 years old, body condition score (BCS) equal to or higher than 8 (LAFLAMME, 1997) and body composition determined by the deuterium isotope dilution method were included (GO). The obese dogs were enrolled in a weight loss program and became a new experimental group after losing 20% of their initial weight (GC). A third experimental group consisted of ten neutered female dogs with 1 to 8 years old and ideal BCS of 4 or 5 (GE). Animals received standardized diets. Stool collections were performed at the beginning (GO and GC) and after weight loss (GE). At the end of the study, total DNA was extracted from the feces and sequenced by the Illumina methodology. The abundances observed for each phylum and genus were evaluated by a generalized linear model using the PROC GLIMMIX procedure of the Statistical Analysis System program. P values <0.05 were considered significant.

Results

Seven different phyla and 51 different genera were identified among the three experimental groups (Figure 1). The most prevalent phylum and genus among the groups were Firmicutes (53.01% - 71.98%) and *Clostridium* (42.43 – 25.51%) respectively. A difference was observed between obese and lean animals for phylum Firmicutes (P=0.0189) and genus

Sutterella (P=0.0095). The weight loss program resulted in the increase of phyla *Actinobacteria* (P=0.0128), Firmicutes (P=0.0189) and genus *Dorea* (P=<0001), and in the decrease of *Faecalibacterium* (P=0.0114).

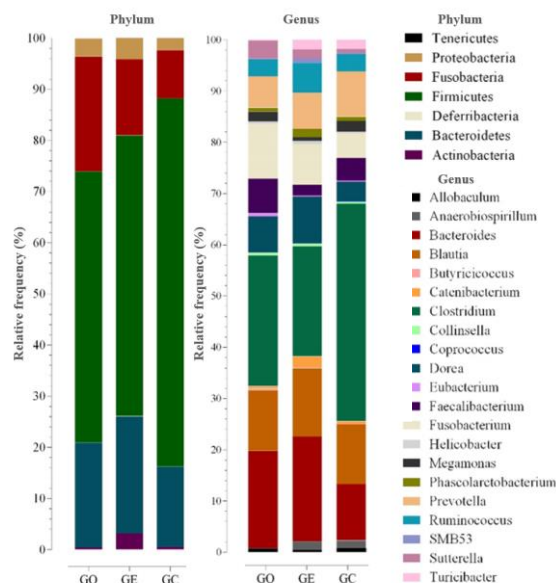


Figure 1. Distribution of phyla and bacterial genera among experimental groups.

Conclusion

The fecal microbiota of obese dogs differed from dogs with ideal BCS, and the weight loss program resulted in differences in phyla and genera, which, however, remained different from the fecal microbiota of dogs with ideal scores.

References

Laflamme DP. Development and validation of a body condition score system for dogs. Canine Pract. 1997; 22:10-15.