

## RELAÇÃO ENTRE MICROBIOTA E PRODUTOS DA FERMENTAÇÃO FECAL DE GATOS ADULTOS

Mariana Fragoso Rentas<sup>1</sup>, Patrícia Massae Oba<sup>1</sup>, João Paulo Fernandes Santos<sup>2</sup>, Larissa Wunsche Risolia<sup>1</sup>, Henrique Tobar Macedo<sup>1</sup>, Mariana Pamplona Perini<sup>1</sup>, Júlio Cesar de Carvalho Balieiro<sup>1</sup>, Marcio Antonio Brunetto<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Universidade de São Paulo, Pirassununga/São Paulo – Brasil; [mariana.rentas@usp.br](mailto:mariana.rentas@usp.br) <sup>2</sup>Faculdades Anhanguera, São Paulo - SP

Estima-se que a população mundial de gatos seja de aproximadamente 625 milhões e esta se encontra em franca expansão, devido aos hábitos das novas gerações e a maior independência da espécie felina. Neste contexto, o mercado de *pet food* investe em novas tecnologias para aumentar a longevidade e qualidade de vida desses animais. O intestino dos felinos possui uma complexa microbiota simbiótica que está relacionada à produção de ácidos graxos de cadeia curta, que são a principal fonte de energia para os colonócitos. A modulação da microbiota pode favorecer o crescimento de bactérias benéficas em relação às patogênicas, para maximização da saúde intestinal. O presente estudo objetivou avaliar a influência da microbiota intestinal de gatos sobre os produtos de fermentação. Foram incluídos no estudo 19 gatos adultos, com idade média de  $7 \pm 2,29$  anos, peso corporal médio de  $4,9 \pm 1,37$ kg, machos e fêmeas, todos castrados. Para a determinação da microbiota intestinal, 9g de fezes foram coletadas de forma asséptica. Para extração do DNA foi utilizado o kit comercial QIAamp DNA STOLL Mini Kit. A microbiota fecal foi determinada pela técnica de sequenciamento Illumina, realizado no MiSeq, com o “Kit MiSeqReagent kit v2”. O produto final foi analisado pelo software MiSeqReporter, com a opção Metagenomics. Os filtros de qualidade e análises foram realizadas com o auxílio do programa *Quantitative Insights Into Microbial Ecology* 1.8.0 e USEARCH 7. Para determinação dos ácidos graxos de cadeia curta foi realizada coleta de fezes no máximo 30 minutos após a defecação. As amostras foram processadas e mensuradas através de cromatografia gasosa utilizando o método descrito por Erwin, Marco e Emery (1961), adaptado por Getachew, Markkar e Becker (2002). As análises estatísticas foram realizadas pelo procedimento PROC GENMOD, do programa SAS. Para filos, o aumento de Actinobacteria resultou em redução de acetato ( $p=0,0386$ ), propionato ( $p=0,0321$ ) e AGCC totais nas fezes ( $p=0,0466$ ). O aumento de Fusobacteria resultou em aumento de acetato ( $p=0,0418$ ), propionato ( $p=0,0213$ ) e lactato ( $p=0,0002$ ). O aumento das contagens das famílias *Moraxellaceae* e *Propionibacteriaceae* promoveu redução de acetato ( $p=0,0301$ ;  $p=0,0272$ ), propionato ( $p=0,0462$ ;  $p=0,0117$ ) e AGCC totais ( $p=0,0188$  e  $p=0,0247$ ). Maiores contagens de *Leuconostocaceae*, *Paraprevotellaceae* e *Succinivibrionaceae* reduziram a concentração de ácido lático ( $p=0,007$ ;  $p=0,0048$  e  $p=0,0189$ , respectivamente). *Peptostreptococcaceae* resultou em aumento da concentração de ácido lático nas fezes ( $p=0,025$ ). De acordo com os resultados deste estudo, os grupos bacterianos podem provocar mudanças na produção de ácidos graxos de cadeia curta em gatos.

Palavras Chave: Ácidos graxos de cadeia curta. Felinos. Bactérias fecais. Modulação bacteriana.