

USO DE APRENDIZADO DE MÁQUINA PARA PREDIZER OS EFEITOS DA COMPOSIÇÃO QUÍMICA DA DIETA SOBRE A MICROBIOTA FECAL DE CÃES

ISABELLY A. MORAIS¹, HELOISA L. SILVA¹, RENATA B. M. S. SOUZA¹, BRUNA W. S. ABECEHE¹, DANIELI Z. CYPRIANO¹, JULIA C. PEREIRA¹, SARAH M. R. BARCIKI¹, ANANDA P. FÉLIX¹.

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

Contato: isa.admoraes@gmail.com / Apresentador: ISABELLY A. MORAIS

Resumo: Objetivou-se investigar o impacto da composição química da dieta sobre as bactérias do índice de disbiose (ID) em cães, utilizando aprendizado de máquina. Foram avaliados 12 alimentos secos extrusados variando em sua composição química e utilizados dados das bactérias do ID fecal de cães Beagle adultos, alimentados com essas dietas por pelo menos 20 dias. Os dados foram analisados por modelo de aprendizado de máquina *random forest* no software JASP e submetidos à análise de clusters por t-SNE, para verificar a similaridade da microbiota em relação à dieta. Foi observado ajuste preditivo satisfatório apenas para *Turicibacter*, *Blautia*, *Peptacetobacter hiranonis* e *Streptococcus* ($R^2 > 0,40$). A fibra dietética total (FDT) foi a variável de maior acurácia para prever a modulação dessas bactérias. A análise t-SNE separou as amostras em três clusters conforme o teor de FDT das dietas. Dietas com menor FDT resultaram em menores concentrações de *Turicibacter*, *Blautia* e *P. hiranonis* e maiores de *Streptococcus*. Conclui-se que a FDT é a fração nutricional que mais influencia a microbiota fecal, e que o aprendizado de máquina prevê com maior acurácia a abundância de *Turicibacter* e moderada de *Blautia*, *P. hiranonis* e *Streptococcus*.

PalavrasChaves: Fibra dietética total; índice de disbiose; random forest.

USE OF MACHINE LEARNING TO PREDICT THE EFFECTS OF DIETARY CHEMICAL COMPOSITION ON THE FECAL MICROBIOTA OF DOGS

Abstract: The study aimed to investigate the impact of dietary chemical composition on bacteria of the dysbiosis index (DI) in dogs, using machine learning. Twelve extruded dry foods with varying chemical compositions were evaluated, using data of fecal bacteria of the DI from adult Beagle dogs that had been fed these diets for at least 20 days. The data were analyzed using a random forest machine learning model in JASP software. Additionally, they were subjected to t-SNE cluster analysis to assess the similarity of the microbiota in relation to the diet. Satisfactory predictive fit was observed only for *Turicibacter*, *Blautia*, *Peptacetobacter hiranonis*, and *Streptococcus* ($R^2 > 0.40$). The FDT was the variable with the highest accuracy for predicting the modulation of these bacteria. The t-SNE analysis separated the samples into three clusters according to the FDT content of the diets. Diets with lower FDT resulted in lower abundance of *Turicibacter*, *Blautia*, and *P. hiranonis* and higher abundance of *Streptococcus*. It is concluded that FDT is the nutritional fraction that has the greatest influence on the fecal microbiota, and the machine learning model most accurately predicts the abundance of *Turicibacter* and, to a moderate extent, that of *Blautia*, *P. hiranonis*, and *Streptococcus*.

Keywords: Dysbiosis index; random forest; total dietary fiber.

Introdução: A microbiota intestinal responde de forma integrada a múltiplos componentes da dieta, sendo composta por microrganismos capazes de metabolizar substratos alimentares em compostos bioativos (Pilla et al., 2021). Nesse cenário, o índice de disbiose (ID) constitui uma ferramenta que integra a abundância de bactérias sentinela, permitindo uma avaliação padronizada do equilíbrio microbiano em cães (AlShawaqfeh et al., 2017). No entanto, abordagens estatísticas tradicionais apresentam limitações na análise simultânea de múltiplos fatores dietéticos e suas interações sobre a microbiota. Nesse contexto, o aprendizado de máquina permite a identificação de padrões em conjuntos de dados complexos e multivariados, ampliando a capacidade de inferência em sistemas biológicos (Asnicar et al., 2023). Assim, objetivou-se investigar o impacto da composição química da dieta sobre as bactérias do ID em cães, utilizando aprendizado de máquina.

Material e Métodos: Foram utilizados dados de composição química: proteína bruta (PB), extrato etéreo em hidrólise ácida (EEA), matéria mineral (MM) e fibra dietética total (FDT) de 12 alimentos secos extrusados para cães adultos. A composição química (média; mínimo-máximo) das dietas avaliadas foi: PB (25,2; 18,0-31,3%), EE (11,1; 7,0-18,6%), MM (8,44; 5,6-10,4%) e FDT (9,7; 5,8-27,2%). Ainda, foram utilizados dados das bactérias do ID fecal em cães (AlShawaqfeh et al., 2017), de cães adultos da raça Beagle (machos e fêmeas castrados), alimentados com essas dietas por pelo menos 20 dias. As bactérias analisadas por qPCR foram: Bactérias totais, *Faecalibacterium*, *Turicibacter*, *Blautia*, *Fusobacterium*, *Peptacetobacter hiranonis*, *Streptococcus* e *Escherichia coli*, segundo AlShawaqfeh et al. (2017). Os dados são de estudos realizados em um mesmo laboratório de nutrição durante 2020 a 2025. Os estudos utilizaram de 6 a 8 repetições por dieta, totalizando 96 dados. Os dados foram analisados utilizando o modelo de aprendizado de máquina *random forest* no software estatístico JASP, considerando a concentração dietética das frações nutricionais em g/1000 kcal da dieta. Ainda, os dados foram submetidos à análise de *clusters t-distributed Stochastic Neighbor Embedding* (t-SNE), para verificar se há similaridade da microbiota dependendo da composição da dieta.

Resultado e Discussão: Houve ajuste satisfatório do modelo preditivo apenas para as bactérias *Turicibacter*, *Blautia*, *P. hiranonis* e *Streptococcus* ($R^2 > 0,40$; Tabela 1), demonstrando que foram mais sensíveis às variações na composição das dietas. Dentre elas, a maior capacidade preditiva foi para *Turicibacter*, enquanto *Streptococcus* apresentou menor precisão (MAPE = 12,91%), podendo ter relação com a natureza oportunista desse gênero (Blake et al., 2019). Observou-se que a FDT foi a variável dietética de maior acurácia para prever a modulação dessas bactérias nas fezes dos cães. A FDT, em especial a

sua fração solúvel, atua como substrato para bactérias associadas à eubiose (Souza et al., 2021). A análise por t-SNE separou as amostras em três clusters distintos, de acordo com a concentração de FDT das dietas (Figura 1). Dietas com menor FDT (5,8%) resultaram em menores concentrações de *Turicibacter*, *Blautia* e *P. hiranonis*, bactérias relacionadas ao metabolismo da serotonina, produção de ácidos graxos de cadeia curta e conversão de ácidos biliares no intestino, respectivamente, e maiores concentrações de *Streptococcus* (Figura 1), gênero frequentemente associado à disbiose intestinal em cães. Esses resultados são condizentes com a literatura, que reporta correlação negativa entre o teor de FDT da dieta e a abundância de *Streptococcus* e correlação positiva com *P. hiranonis* e *Blautia* (Oba et al., 2025). Ainda, a MM apresentou o segundo maior poder preditivo, podendo estar relacionado à digestibilidade das dietas (Oliveira et al., 2025), fator determinante na modulação da microbiota.

Tabela 1. Ordem de poder de predição (1= maior a 4 = menor) da composição química da dieta sobre a concentração fecal de bactérias do índice de disbiose em cães.

Bactéria	FDT	MM	EE	PB	R ²	MAPE
<i>Turicibacter</i>	1	2	3	4	0,857	2,54%
<i>Streptococcus</i>	1	2	4	3	0,696	12,91%
<i>P. hiranonis</i>	1	3	2	4	0,411	3,71%
<i>Blautia</i>	1	2	3	4	0,415	1,97%

FDT: fibra dietética total, MM: matéria mineral, EE, extrato etéreo em hidrólise ácida, PB: proteína bruta, R²: coeficiente de determinação, MAPE: média do valor absoluto da diferença percentual entre previsão e valor real.

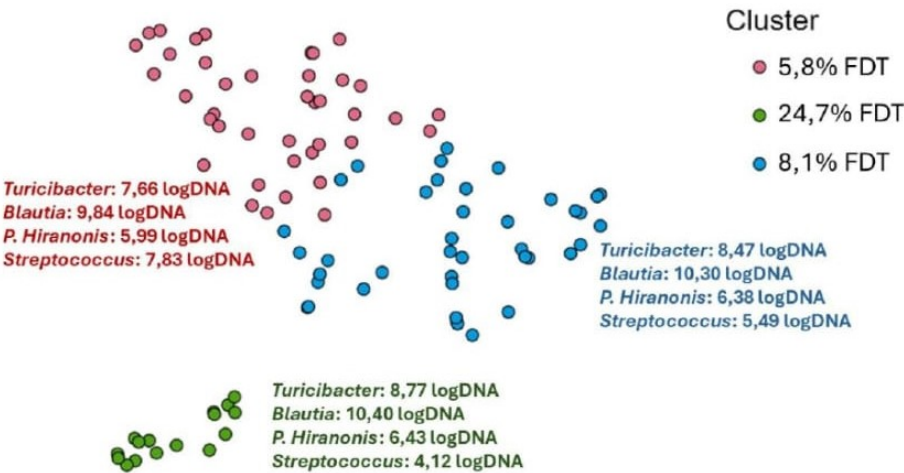


Figura 1. Clusters das bactérias *Turicibacter* + *Blautia* + *P. hiranonis* + *Streptococcus* das fezes de cães alimentados com dietas com diferentes concentrações de fibra dietética total – FDT (valores médios na figura).

Conclusão: A FDT é a fração nutricional com maior influência sobre a microbiota fecal. O aprendizado de máquina consegue prever com maior acurácia o impacto dos nutrientes sobre a abundância de *Turicibacter*, e acurácia média sobre a abundância de *Blautia*, *P. Hiranonis* e *Streptococcus*.

Agradecimentos: Agradecimento a VB alimentos pelo suporte ao laboratório.

Referências Bibliográficas: ALSHAWAQFEH, M. *et al.* A dysbiosis index to assess microbial changes in fecal samples of dogs with chronic inflammatory enteropathy. **FEMS Microbiology Ecology**, v. 93, n. 11, 2017.ASNICAR, F. *et al.* Machine learning for microbiologists. **Nature Reviews Microbiology**, p. 1–15, 2023.BLAKE, A. B. *et al.* Altered microbiota, fecal lactate, and fecal bile acids in dogs with gastrointestinal disease. **PLOS ONE**, v. 14, n. 10, p. e0224454, 2019.OBA, P. M. *et al.* Effects of diet type on the core fecal bacterial taxa and the dysbiosis index of healthy adult dogs. **Frontiers in Veterinary Science**, v. 12, 2025.OLIVEIRA, L. D. *et al.* Digestibility and metabolisable energy in high-ash poultry meal and plant protein ingredients for dogs. **Archives of animal nutrition**, v. 79, n. 3-6, p. 234–247, 2025.PARADA VENEGAS, D. *et al.* Short Chain Fatty Acids (SCFAs)-Mediated Gut Epithelial and Immune Regulation and Its Relevance for Inflammatory Bowel Diseases. **Frontiers in Immunology**, v. 10, n. 277, 2019.PILLA, R. *et al.* The Gut Microbiome of Dogs and Cats, and the

Influence of Diet. **Veterinary Clinics of North America: Small Animal Practice**, v. 51, n. 3, p. 605–621, 2021.SOUZA, C. M. M. *et al.* Comparison of cassava fiber with conventional fiber sources on diet digestibility, fecal characteristics, intestinal fermentation products, and fecal microbiota of dogs. **Animal Feed Science and Technology**, v. 281, p. 115092, 2021.YANG, B. *et al.* Dietary Modulation of the Gut Microbiota in Dogs and Cats and Its Role in Disease Management. **Microorganisms**, v. 13, n. 12, p. 2669, 2025.