

DISBIOSE INTESTINAL EM CÃES – ASPECTOS FISIOPATOLÓGICOS, DIAGNÓSTICO E TRATAMENTO

Recebido em: 24/04/2026

Aceito em: 07/10/2026

DOI: 10.25110/arqvet.v29i1.2026-12679



Maria Anete Lallo ¹
Felipe Saab Romano ²

RESUMO: A microbiota intestinal de cães e gatos constitui um ecossistema complexo formado por bactérias, arqueias, fungos, vírus e outros microrganismos que desempenham papel essencial na manutenção da homeostase do hospedeiro. Além de participar da digestão e do metabolismo de nutrientes, a microbiota contribui para a integridade da barreira intestinal, modulação do sistema imunológico, síntese de metabólitos bioativos e comunicação com diferentes órgãos por meio de eixos fisiológicos, como o eixo intestino-cérebro. Alterações na composição e na função dessa comunidade microbiana, caracterizadas como disbiose, estão associadas a diversas enfermidades gastrointestinais e sistêmicas, incluindo enteropatias crônicas, obesidade, diabetes mellitus, doença renal crônica, dermatopatias e alterações comportamentais. Esta revisão reúne os principais conhecimentos sobre a constituição e as funções do microbioma intestinal em cães e gatos, discutindo os fatores envolvidos na instalação da disbiose, como dieta, envelhecimento, doenças primárias e uso de antimicrobianos. Também são abordadas as principais ferramentas diagnósticas atualmente disponíveis, com destaque para o índice fecal de disbiose e biomarcadores relacionados ao microbioma, bem como as estratégias terapêuticas empregadas na modulação da microbiota, incluindo intervenção nutricional, prebióticos, probióticos, simbióticos e transplante de microbiota fecal. Embora avanços significativos tenham sido alcançados na compreensão da interação entre microbioma e hospedeiro, ainda existem importantes lacunas quanto à padronização dos métodos diagnósticos, à identificação de biomarcadores funcionais e à eficácia das diferentes abordagens terapêuticas.

PALAVRAS-CHAVE: Cães; Disbiose intestinal; Microbioma intestinal; Saúde gastrointestinal.

INTESTINAL DYSBIOSIS IN DOGS – PATHOPHYSIOLOGICAL ASPECTS, DIAGNOSIS, AND TREATMENT

ABSTRACT: The intestinal microbiota of dogs and cats constitutes a complex ecosystem composed of bacteria, archaea, fungi, viruses, and other microorganisms that play an essential role in maintaining host homeostasis. Beyond digestion and nutrient metabolism, the gut microbiota supports intestinal barrier integrity, immune modulation, synthesis of bioactive metabolites, and communication with distant organs through

¹ Doutorado em Epidemiologia e Saúde Única pela USP. Docente titular e Coordenadora do Programa de Pós-Graduação em Patologia Ambiental e Experimental da Universidade Paulista - UNIP.

E-mail: anetelallo@hotmail.com, ORCID: [0000-0003-3578-3087](https://orcid.org/0000-0003-3578-3087)

² Doutorado em Medicina Veterinária. Universidade Paulista - UNIP.

E-mail: felipe.med.vet@hotmail.com, ORCID: [0000-0001-8792-5361](https://orcid.org/0000-0001-8792-5361)

pathways such as the gut–brain axis. Alterations in the composition and function of this microbial community, known as dysbiosis, have been associated with several gastrointestinal and systemic disorders, including chronic enteropathies, obesity, diabetes mellitus, chronic kidney disease, dermatological disorders, and behavioral alterations. This review summarizes current knowledge of the composition and functions of the intestinal microbiome in dogs and cats and discusses factors involved in dysbiosis, including diet, aging, primary diseases, and antimicrobial use. The article also reviews the main diagnostic tools currently available, emphasizing the fecal dysbiosis index and microbiome-related biomarkers, as well as therapeutic strategies to modulate the intestinal microbiota, including nutritional interventions, prebiotics, probiotics, synbiotics, and fecal microbiota transplantation. Although significant advances have been made in understanding host–microbiome interactions, important gaps remain in standardizing diagnostic methods, identifying functional biomarkers, and evaluating the effectiveness of different therapeutic approaches.

KEYWORDS: Dogs; Gut microbiome; Gastrointestinal health; Intestinal dysbiosis.

DISBIOSIS INTESTINAL EN PERROS: ASPECTOS FISIOPATOLÓGICOS, DIAGNÓSTICO Y TRATAMIENTO

RESUMEN: La microbiota intestinal de perros y gatos constituye un ecosistema complejo formado por bacterias, arqueas, hongos, virus y otros microorganismos que desempeñan un papel esencial en el mantenimiento de la homeostasis del hospedador. Además de participar en la digestión y el metabolismo de los nutrientes, la microbiota contribuye a la integridad de la barrera intestinal, a la modulación del sistema inmunitario, a la síntesis de metabolitos bioactivos y a la comunicación con diferentes órganos a través de ejes fisiológicos, como el eje intestino-cerebro. Las alteraciones en la composición y la función de esta comunidad microbiana, conocidas como disbiosis, se asocian con diversas enfermedades gastrointestinales y sistémicas, entre ellas las enteropatías crónicas, la obesidad, la diabetes mellitus, la enfermedad renal crónica, las enfermedades dermatológicas y las alteraciones del comportamiento. Esta revisión reúne los principales conocimientos sobre la composición y las funciones del microbioma intestinal en perros y gatos, y analiza los factores implicados en el desarrollo de la disbiosis, como la dieta, el envejecimiento, las enfermedades primarias y el uso de antimicrobianos. Asimismo, se revisan las principales herramientas diagnósticas disponibles actualmente, con énfasis en el índice fecal de disbiosis y en los biomarcadores del microbioma, así como las estrategias terapéuticas empleadas para modular la microbiota intestinal, incluyendo la intervención nutricional, los prebióticos, los probióticos, los simbióticos y el trasplante de microbiota fecal. Aunque se han logrado avances significativos en la comprensión de la interacción entre el hospedador y el microbioma, persisten desafíos relacionados con la estandarización de los métodos diagnósticos, la identificación de biomarcadores funcionales y la eficacia de las distintas estrategias terapéuticas.

PALABRAS CLAVE: Disbiosis intestinal; Microbioma intestinal; Perros; Salud gastrointestinal.

1. INTRODUÇÃO

Um ecossistema complexo, constituído por bactérias, vírus, fungos e protozoários, habita o trato gastrointestinal (TGI). Para se referir a esse sistema, 2 termos são

empregados: microbiota, quando se refere à taxonomia (“quem está lá”) e microbioma, quando se refere ao seu conteúdo e função genética (“o que eles estão fazendo”) (Suchodolski, 2022). Em cães e gatos, cerca de 98% desse ecossistema é composto por bactérias (Swanson *et al.*, 2011). Embora descritos como componentes da microbiota, o papel dos fungos, vírus e protozoários ainda não é totalmente compreendido.

As bactérias intestinais fazem parte da relação delicada entre as células epiteliais intestinais, a camada de muco intestinal, o sistema imunológico do hospedeiro e o ambiente luminal. A composição da microbiota é influenciada pela dieta, pelo ambiente, pela idade e pela genética (Garraway *et al.*, 2018; Wernimont *et al.*, 2020; Ziese; Suchodolski, 2022).

O termo disbiose refere-se à alteração da microbiota fisiológica de um animal, ou seja, é uma condição patológica na qual ocorre a ruptura da homeostase desejada de microrganismos residentes, e este desequilíbrio pode ser tanto em quantidade (redução da estabilidade de bactérias, supercrescimento de agentes patogênicos facultativos ou não, diminuição de bactérias anaeróbias) como em qualidade (diminuição da diversidade, variedade nas proporções e tipos bacterianos) (Mondo *et al.*, 2019). Essas alterações resultam no declínio das funções gastrointestinais associadas à microbiota, como maior suscetibilidade à inflamação local e sistêmica, perda das funções digestivas, imunes e endócrinas do hospedeiro. Desta forma, diarreia, cólicas, flatulências e vômitos são manifestações clínicas inespecíficas e muitas vezes presentes em animais com disbiose.

Apesar dos avanços no conhecimento sobre a microbiota intestinal de cães e gatos, ainda persistem importantes lacunas relacionadas à compreensão dos mecanismos causais da disbiose, à identificação de biomarcadores confiáveis, às interações entre microbiota, sistema imunológico e patógenos, ao papel funcional de bactérias, vírus, arqueias e fungos, bem como ao desenvolvimento de estratégias terapêuticas personalizadas baseadas na modulação da microbiota.

Nesse sentido, a presente revisão teve como objetivo reunir as principais informações sobre a composição e as funções da microbiota intestinal na homeostase, bem como abordar os aspectos relacionados à disbiose, incluindo sua fisiopatologia, diagnóstico e tratamento, contribuindo para a compreensão desse tema de grande relevância para a clínica médica de pequenos animais.

2. DESENVOLVIMENTO

2.1 Constituição do microbioma

Na microbiota há bactérias Gram-positivas e negativas, aeróbias ou anaeróbias a depender do segmento anatômico intestinal e de aspectos individuais do animal, por exemplo, o intestino delgado abriga uma mistura de bactérias aeróbicas e anaeróbicas facultativas, enquanto o cólon é colonizado quase exclusivamente por anaeróbios (Quad. 1). Os filos predominantes em cães e gatos são Firmicutes, Fusobacteria e Bacteroidetes, e os gêneros mais notáveis são *Clostridium*, *Lactobacillus*, *Bifidobacterium* e *Enterobacter* (Pilla; Suchodolski, 2020).

A maturidade do microbioma intestinal em cães coincide com o desmame, quando o filhote passa a ter uma composição mais semelhante ao adulto. Desde o nascimento, quando existe predominância de *Proteobacteria*, oscilações na constituição das bactérias ocorrem gradativamente, com 9 semanas de idade, ocorre redução de *Proteobacteria* e aumento de *Faecalibacterium spp.* e *Clostridium hiranonis*. Por outro lado, irmãos adultos da mesma ninhada apresentam composição microbiana mais semelhante entre si do que cães não aparentados, indicando a participação genética (Hand *et al.*, 2013).

Também são identificadas diferenças entre as populações bacterianas nos segmentos do TGI, atribuídas aos níveis de oxigênio, pH, compostos antimicrobianos e motilidade intestinal. No estômago canino sobrevivem bactérias resistentes ao ambiente ácido, predominantemente *Helicobacter spp.* e, em menor grau, bactérias do tipo ácido láctico (Garcia-Mazcorro *et al.*, 2012). O intestino delgado abriga uma mistura de bactérias aeróbicas e anaeróbicas (Mentula *et al.*, 2005), enquanto no intestino grosso predominam as bactérias anaeróbicas (Honneffer *et al.*, 2017). Além da diversidade filogenética das bactérias constituintes da microbiota, esses microrganismos mostram variações genéticas em função de fatores ambientais como pH, oxigênio, metabólitos, nutrientes, hormônios, estímulos neurais, as quais podem modificar a função no microbioma. Por exemplo, *Escherichia coli* apresenta modificações na taxa de crescimento e na motilidade dependendo da proporção de ácidos graxos de cadeia curta disponível no íleo e cólon (Zhang *et al.*, 2020). Pesquisas indicam que as microbiotas de cães e gatos se tornaram mais diversas por meio da domesticação, assemelhando-se à dos humanos.

Quadro 1: Características e composição da microbiota gastrointestinal.

	Bactérias e Arqueias	Fungos e	Vírus
Características do grupo de microrganismos	O número e a diversidade de bactérias aumentam ao longo do trato gastrointestinal	Geralmente estão aderidos à mucosa	A quantidade de vírus na microbiota geral é pequena
Cães	<i>Firmicutes</i> , <i>Bacteroidetes</i> , <i>Proteobacteria</i> , <i>Fusobacteria</i> , <i>Actinobacteria</i>	Leveduras e bolores Cada cão tem um perfil único de espécies de fungos presentes em sua população	Rotavírus, coronavírus, parvovírus, norovírus, astrovírus, paramyxovírus
Gatos	<i>Firmicutes</i> (incluindo <i>Clostridium</i> spp.), <i>Proteobacteria</i> (incluindo <i>Enterobacteriaceae</i> , <i>Helicobacter</i>), <i>Bacteroidetes</i> , <i>Fusobacteria</i> , <i>Actinobacteria</i> Arqueias: Crenarchaeota, Euryarchaeota, Korarchaeota, Nanoarchaeota e Thaumarchaeota	<i>Ascomycota</i> (>90%); <i>Saccharomyces</i> e <i>Aspergillus</i> , <i>Neocallimastigomycota</i> (>5%)	Rotavírus, coronavírus, parvovírus, bacteríofagos Caudovirales,

Adaptado de Breczko *et al.*, 2024.

O filo Firmicutes compreende cerca de 200 gêneros de bactérias Gram-positivas, aeróbias, anaeróbias, formadoras de esporos, saprofíticas e patogênicas, como *Lactobacillus*, *Bacillus*, *Clostridium*, *Enterococcus* e *Ruminococcus*. São encontradas no solo, água, pele e TGI. Alguns membros de Firmicutes estão envolvidos no metabolismo lipídico e metabolismo dos ácidos biliares no intestino, e evidências acumuladas sugerem que os ácidos biliares desempenham papéis essenciais na inflamação intestinal e no desenvolvimento da doença inflamatória intestinal (DII) (Sasso *et al.*, 2023).

Bacteroidetes são Gram-negativas, não formadoras de esporos, anaeróbias ou aeróbias, em forma de bastonete. A maioria das espécies de *Bacteroidetes* se divide em três gêneros: *Prevotella* (sensível à bile, moderadamente sacarolítica, com espécies pigmentadas e não pigmentadas), *Porphyromonas* (sensível à bile, pigmentada, assacarolítica) e *Bacteroides* (resistente à bile, não pigmentada, sacarolítica). A

capacidade de alguns membros degradar polissacarídeos explica por que eles prosperam no TGI (Sasso *et al.*, 2023).

O filo *Fusobacteria* é composto por bactérias Gram-negativas, imóveis, aeróbicas facultativas ou anaeróbias obrigatórias, fermentativas, em forma de bastonete, que geralmente têm morfologia fusiforme (em forma de fuso). As bactérias desse filo são comumente associadas à mucosa humana e animal (Sasso *et al.*, 2023).

Os filos *Proteobacteria* e *Actinobacteria* também são comumente identificados como colonizadores do intestino delgado. No filo *Proteobacteria*, com bactérias Gram-negativas, os gêneros mais importantes são *Escherichia*, *Salmonella*, *Shigella*, *Desulfovibrio* e *Helicobacter*. Membros da família *Enterobacteriaceae* (como *Escherichia coli*) são anaeróbios facultativos, o que lhes permite aproveitar o oxigênio disponível no intestino delgado (Honneffer *et al.*, 2017; Sasso *et al.*, 2023). As Actinobactérias são bactérias Gram-positivas com alto conteúdo de DNA distribuídas ubiquamente em ecossistemas aquáticos e terrestres. Elas também têm um extenso metabolismo secundário e produzem cerca de dois terços de todos os antibióticos derivados naturalmente em uso clínico atual, bem como muitos compostos anticâncer, anti-helmínticos e antifúngicos. O filo inclui as Bifidobactérias, que são colonizadores microbianos dos intestinos de recém-nascidos e desempenham papéis importantes no desenvolvimento de sua fisiologia, incluindo a maturação do sistema imunológico e o uso de componentes dietéticos. Algumas cepas de *Bifidobacterium* são consideradas microrganismos probióticos devido aos seus efeitos benéficos e foram incluídas como ingredientes bioativos em alimentos funcionais (Honneffer *et al.*, 2017; Sasso *et al.*, 2023).

2.2 Funções do microbioma

Antes do nascimento, o TGI é estéril, porém vai sendo colonizado, algumas horas após o nascimento, por microrganismos provenientes do canal de parto da mãe e do ambiente ao redor, dos mamilos na amamentação e do próprio colostro. Os mecanismos envolvidos nessa tolerância imunológica ainda não estão esclarecidos, porém são atribuídos a vários fatores existentes no neonato como a imaturidade do sistema imune, características constitutivas do epitélio intestinal, supressão de células imunes inatas, os anticorpos maternos fornecidos no colostro, entre outros. A microbiota permite a maturação completa do tecido linfoide associado ao intestino (GALT). O GALT,

associado às membranas mucosas do trato digestivo, amadurece de forma abrangente, integrando componentes de respostas celulares e humorais (Tizard; Jones, 2018). Precocemente é gerada uma tolerância imunológica aos constituintes da microbiota.

A barreira intestinal, composta pela microbiota, muco e revestimento epitelial, é fundamental para preservar a saúde gastrointestinal (Fig. 1). Embora a microbiota faça parte do conteúdo intestinal, ela não deve entrar em contato com as células epiteliais, por essa razão grande parte da atividade imunitária intestinal visa manter uma relação comensal saudável entre a microbiota e o hospedeiro. O muco, produzido pelas células caliciformes, em associação com os peptídeos antimicrobianos produzidos pelas demais linhagens de células epiteliais intestinais, desempenha um papel significativo na limitação da exposição à microbiota comensal (Belkaid; Hand, 2014). De forma contínua, a IgA específica para comensais é produzida pela interação entre células dendríticas intestinais que coletam amostras de comensais associados ao epitélio e interagem com células B e T das placas de Peyer, produzindo mais IgA específica (Tizard; Jones, 2018). A barreira imunológica do TGI envolve a colaboração entre o corpo e a comunidade microbiana intestinal. A microbiota desempenha vários papéis de defesa na preparação do sistema imunológico para reconhecer ameaças potenciais. Primeiramente, existe uma competição entre as bactérias pelo nicho ecológico e a disponibilidade de nutrientes, fator que pode modificar a expressão gênica de fatores de virulência. A presença de microbiota comensal também gera um estado de vigilância, por macrófagos, células dendríticas e linfócitos, com a produção de anticorpo IgA e das citocinas IL-1 β e IL-17, disponíveis para uma resposta rápida (Belkaid; Hand, 2014).

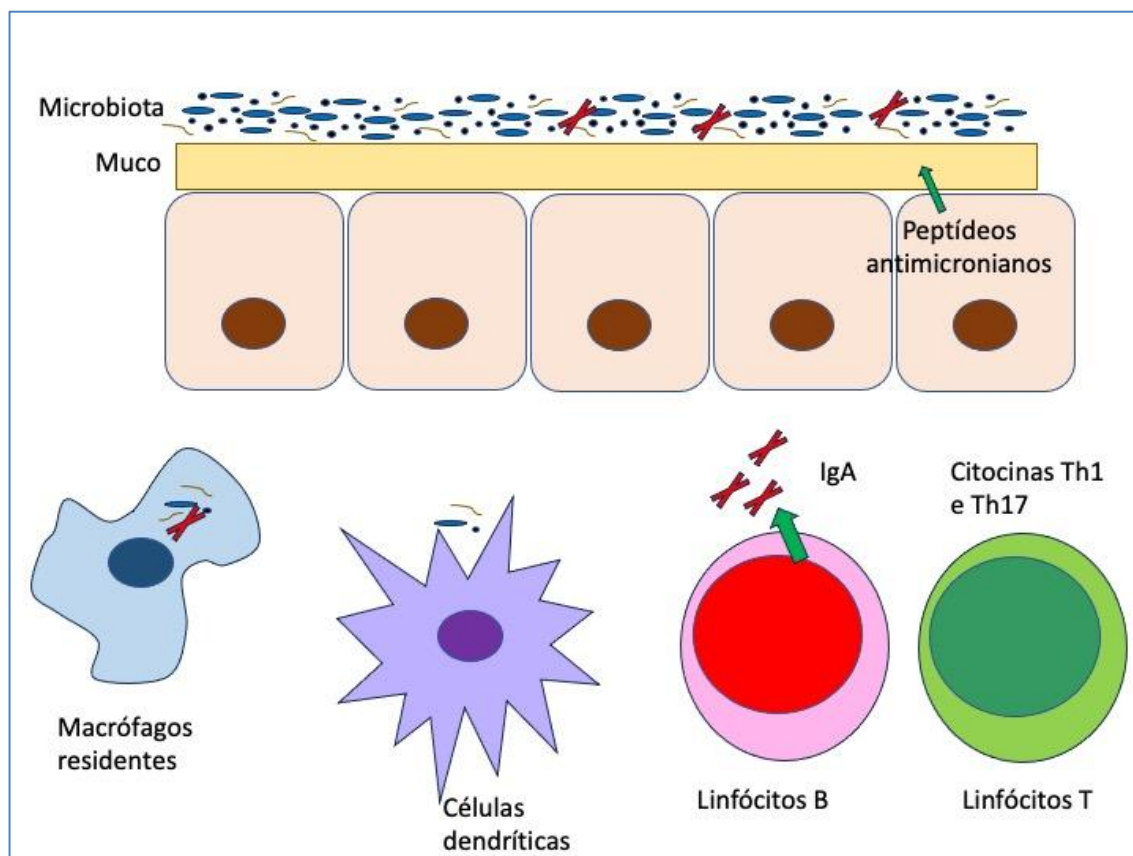


Figura 1: Desenho ilustrativo da barreira intestinal constituída pela microbiota, muco, células epiteliais e células do sistema imunitário associadas ao trato gastrointestinal – macrófagos residentes, células dendríticas, linfócitos T e B.

Normobiose ou eubiose é o estado em que as bactérias do corpo estão em equilíbrio, realizando funções específicas. Embora os microrganismos naturalmente presentes na microbiota normalmente ocorram em pequenos números, eles podem levar a doenças, sendo denominados patobiontes. Por exemplo, *Enterobacteriaceae* aumentam durante infecções e inflamações (Levy *et al.*, 2017).

Até o momento, as funções atribuídas à microbiota saudável, denominada eubiose, permitem compreender por que mantê-la preservada não só em nome da saúde intestinal como em prol da saúde integrada do paciente. As atividades metabólicas das bactérias produzem energia e substratos úteis tanto para sua própria proliferação quanto para o hospedeiro. Por exemplo, a fermentação de álcoois e carboidratos não digeríveis (amido, inulina, celulose, hemicelulose, pectina e goma) resulta na produção de gases e ácidos graxos de cadeia curta (AGCCs), como acetato, propionato e butirato, os quais fornecem energia ao epitélio intestinal, reduzem o pH intestinal como mecanismo de defesa primária além de dar suporte ao crescimento, a proliferação e a diferenciação das células epiteliais intestinais (Wong *et al.*, 2006; Bell *et al.*, 2008; Schmitz; Suchodolski, 2016).

As bactérias comensais defendem o hospedeiro contra patógenos por meio da produção de bacteriocinas e colicinas, além de competirem por nutrientes e vantagens ecológicas (Mondo *et al.*, 2019). Outra função importante é a transformação tanto de ácidos biliares primários (ácido cólico e ácido quenodesoxicólico) em ácidos biliares secundários (ácido desoxicólico e ácido litocólico), essenciais para a absorção de gorduras da dieta e de vitaminas lipossolúveis no intestino (Mondo *et al.*, 2019).

Além disso, como já descrito anteriormente, as bactérias comensais desempenham papel fundamental na indução, modulação e funcionamento do sistema imunológico do hospedeiro, o qual, contribui para o desenvolvimento da estrutura fisiológica do intestino e para a distinção entre patógenos e bactérias comensais (Capurso, 2016; Mondo *et al.*, 2019). Essa relação permite que as respostas defensivas contra patógenos sejam eficazes e regula as vias envolvidas na tolerância a antígenos inofensivos. A capacidade dos microrganismos de modularem o estado imunológico dos tecidos, tanto local quanto sistemicamente, exige um monitoramento constante dos microrganismos e circuitos de retroalimentação complexos entre os componentes da imunidade inata e adaptativa (Suchodolski; Simpson, 2013). Portanto, a microbiota intestinal estabelece uma interação dinâmica com a camada de muco e o epitélio intestinal, desempenhando papel essencial na manutenção da barreira mucosa. Entre suas principais funções destacam-se a resistência à colonização por microrganismos patogênicos, por meio da competição por nutrientes e receptores e da produção de substâncias antimicrobianas; a fermentação de componentes não digeríveis da dieta, com consequente produção de metabólitos, como os ácidos graxos de cadeia curta; e a modulação das respostas imunes locais e sistêmicas, contribuindo para a manutenção da homeostase intestinal (Suchodolski; Simpson, 2013; Capurso, 2016; Mondo *et al.*, 2019).

O intestino e o cérebro se conectam por meio de uma rede neuro-imuno-humoral de vias de sinalização, conhecida como eixo microbioma intestinal-cérebro, que inclui o nervo vago, o sistema imunológico, o sistema hormonal, metabólitos e produtos bacterianos. Durante a perturbação da homeostase da microbiota causada por um desequilíbrio em sua composição funcional e atividades metabólicas, conhecido como disbiose, essas rotas são desreguladas e causam alterações na permeabilidade da barreira hematoencefálica (BHE), neuroinflamação e outras disfunções patológicas, incluindo uma série de distúrbios neurodesenvolvimentais e neurodegenerativos. Tem sido descrito que a microbiota intestinal se comunica com o cérebro por meio de três rotas principais:

a rota neural (pelo nervo vago e sistema nervoso entérico), a rota imunológica (por citocinas e quimiocinas) e a rota endócrina (eixo hipotálamo-hipófise-adrenal, hormônios digestórios e outros) (Dinan; Cryan, 2015). A microbiota intestinal modera o eixo intestino-cérebro de várias maneiras, como preservando a integridade das junções estreitas no epitélio intestinal, controlando a permeabilidade intestinal e produzindo uma grande variedade de metabólitos, incluindo neurotransmissores, ácidos graxos de cadeia curta (AGCC) e aminoácidos. Esse aspecto do microbioma ainda é pouco explorado na medicina veterinária (Sasso *et al.*, 2023). Existem evidências de que alguns neurotransmissores essenciais para o comportamento animal são regulados pela microbiota intestinal, bem como pelos principais metabólitos microbianos, tais como os AGCC (Kielbik; Witkowska-Piłaszewicz, 2024). Além dos efeitos sobre a homeostase intestinal, evidências recentes sugerem que alterações na microbiota podem influenciar o comportamento dos cães, estando associadas a alterações na resposta ao estresse, ansiedade, agressividade e outras desordens comportamentais, embora os mecanismos envolvidos e a relação causal ainda não estejam completamente esclarecidos (Del Treste *et al.*, 2026).

Outros eixos de interação têm sido descritos, como, por exemplo, intestino-pele e intestino-rins, evidenciando que a microbiota intestinal influencia não apenas no funcionamento digestório, mas também estabelece vínculo com a homeostase sistêmica (Bartochowski *et al.*, 2022). Em pacientes com insuficiência renal crônica são observadas alterações compatíveis com disbiose, entre elas redução da motilidade intestinal, aumento da permeabilidade intestinal, supercrescimento bacteriano, translocação bacteriana e inflamação intestinal (Cosola *et al.*, 2021). Além do papel fundamental da microbiota cutânea nas doenças dermatológicas, demonstrou-se a associação entre a dermatite atópica e a disbiose intestinal (Rostaher *et al.*, 2022; Thomsen *et al.*, 2023).

2.3 Disbiose

O termo disbiose refere-se à alteração da microbiota fisiológica de um animal, na qual ocorre a ruptura da homeostase desejada de microrganismos residentes, e este desequilíbrio pode ser tanto em quantidade (redução da estabilidade de bactérias, supercrescimento de agentes patogênicos facultativos ou não, diminuição de bactérias anaeróbias) como em qualidade (diminuição da diversidade, variedade nas proporções e tipos bacterianos) (Mondo *et al.*, 2019). Essas alterações resultam no declínio das funções

gastrointestinais associadas à microbiota, como maior suscetibilidade à inflamação local e sistêmica, perda das funções digestivas, imunes e endócrinas do hospedeiro. Desta forma, diarreia, cólicas, flatulências e vômitos são manifestações clínicas inespecíficas e muitas vezes presentes em animais com disbiose.

A disbiose quase sempre é secundária, isto é, diversas enfermidades ocasionam disbiose – discreta ou acentuada – e é necessária a devida triagem de investigação. Raramente ela será primária, idiopática ou associada a fatores genéticos e imunitários por enquanto incompreendidos e carentes de maiores evidências, como sugerido através de alguns estudos com cães da raça Pastor Alemão, por exemplo. Entretanto, alguns fatores podem levar à disbiose, por exemplo, à medida que os indivíduos envelhecem e experimentam mudanças na dieta, em fatores ambientais e, notadamente, em doenças, ocorrem modificações na microbiota intestinal, afetando o transcriptoma, o proteoma e o metaboloma (Pilla; Suchodolski, 2020). A microbiota também é influenciada por fatores associados à criação, como o tipo de dieta e o uso excessivo de antibióticos ou parasiticidas.

Abaixo exemplificam-se condições possivelmente vinculadas à disbiose secundária (Fig. 3):

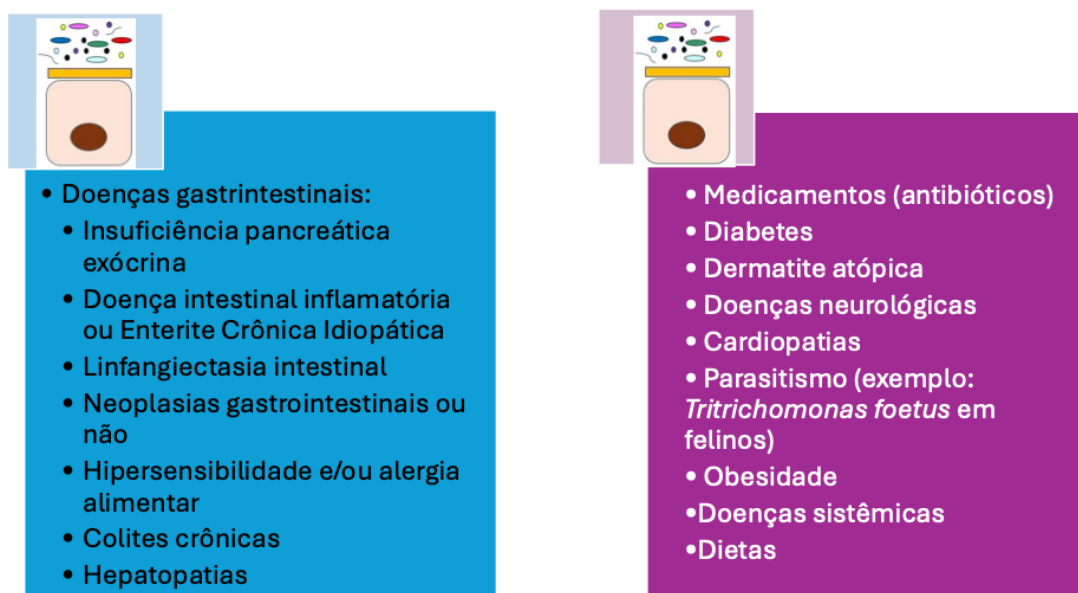


Figura 3: Relação das condições associadas à disbiose secundária.

Clinicamente, condições associadas à disbiose intestinal podem ser diarreia aguda ou crônica, contudo, a enterite não é a única possibilidade. Há casos de vômitos, prurido, alteração do apetite, mudanças comportamentais, entre outras alterações clínicas.

A inflamação intestinal também pode ser desencadeada pela disbiose intestinal por meio de um distúrbio no metabolismo dos ácidos biliares, algo observado tanto em cães quanto em humanos. Os ácidos biliares são essenciais para a digestão de lipídios, mas também desempenham um papel nas defesas da mucosa e possuem propriedades anti-inflamatórias. As bactérias presentes no lúmen intestinal são responsáveis pela desconjugação e desidroxilação dos ácidos biliares; assim, a disbiose pode prejudicar a produção de ácidos biliares secundários (Giaretta *et al.*, 2018). As doenças intestinais crônicas também podem reduzir a expressão do transportador apical de ácidos biliares dependente de sódio, que é essencial para a reabsorção dos ácidos biliares primários conjugados. A disbiose e a inflamação intestinal podem comprometer significativamente o metabolismo dos ácidos biliares, o que, por sua vez, pode agravar a inflamação intestinal (Pilla; Suchodolski, 2020).

Alterações em aminoácidos, como o triptofano, também estão correlacionadas com enteropatias crônicas. Em cães, o aminoácido triptofano é precursor de quinurenina, serotonina, melatonina e indol, todos importantes no eixo intestino-cérebro. Além disso, o triptofano exerce influência direta no microbioma como precursor de compostos indólicos, produzidos exclusivamente por bactérias. Esses compostos melhoram a homeostase intestinal, reduzem a permeabilidade intestinal e aumentam a produção de mucina. A redução de triptofano no soro de cães com enteropatia perdedora de proteínas pode ser um marcador prognóstico reservado (Kathrani *et al.*, 2018; Pilla; Suchodolski, 2020).

A disbiose induzida por antimicrobianos é abrangente e engloba a redução da riqueza e da diversidade microbiana, a perda de grupos bacterianos benéficos, a proliferação de microrganismos potencialmente patogênicos e alterações nas funções metabólicas e nos metabólitos produzidos pela microbiota. Assim, os antimicrobianos são fármacos que potencialmente alteram o microbioma e causam disbiose, condição dose-resposta dependente, contudo essa alteração pode não resultar em sintomas associados e pode ser reversível. Em cães e gatos, as evidências de disbiose associada ao uso de antimicrobianos é limitada (Suchodolski *et al.*, 2009; Marclay *et al.*, 2022; Stavroulaki, *et al.*, 2023).

Os antiácidos, por exemplo, foram inicialmente apontados como importantes indutores de disbiose devido seu mecanismo de alterar o pH gastroduodenal, contudo, a ocorrência de diarreia pelo uso destas medicações é infrequente e ainda acerca disto outras

evidências exibiram dados de que este potencial de disbiose é temporária - dependente ainda da dose e do tipo de antiácido - além disso a microbiota é passível de recuperação espontânea após a suspensão do uso destes gastroprotetores, inclusive animais que estão sem uso de Omeprazol por 2 semanas podem até servir como doadores de fezes caso atendam outros requisitos (Ziese; Suchodolski, 2021). Também não se sabe sobre vermífugos causando ou não disbiose e são medicamentos amplamente utilizados em pequenos animais – por vezes até indiscriminadamente – de modo que as poucas evidências existentes apontam segurança do Fenbendazol quanto à integridade da microbiota (Fujishiro *et al.*, 2020; Lee *et al.*, 2020). Acredita-se haver algum potencial de disbiose – ainda carente de comprovação – associado aos glicocorticoides e aos quimioterápicos.

2.4 Alterações laboratoriais associadas à disbiose

A presença de disbiose associada a uma doença primária geralmente começa quando sinais gastrointestinais crônicos persistem mesmo após o tratamento da causa primária. Os sinais e sintomas podem incluir diarreia intermitente ou crônica, flatulência, vômito, perda de apetite, emagrecimento e alterações nas fezes, com presença de muco, odor desagradável, alteração na coloração. A cultura fecal padrão não é indicada, pois o crescimento bacteriano em culturas não reflete as relações quantitativas e qualitativas do ambiente intestinal, portanto, é inespecífica e limitada (Mondo *et al.*, 2019; Huang *et al.*, 2020; Pilla; Suchodolski, 2021).

Os exames mais adequados para diagnóstico de disbiose são provas séricas de mensuração de metabólitos específicos (metaboloma) e/ou exame fecal por biologia molecular (PCR). O metaboloma não está disponível para uso clínico em medicina veterinária; tem sido empregado em estudos científicos. Hoje, para aplicação clínica, está disponível o teste conhecido como índice de disbiose (ID) fecal, sendo um exame relativamente novo e de alta tecnologia capaz de inferir a presença e a expressão de alguns grupos bacterianos associados à eubiose (normalidade) e a disbiose (doença). Esse teste molecular avalia a composição da microbiota intestinal do cão, especificamente medindo a quantidade relativa de bactérias-chave associadas à saúde intestinal. Ele foi desenvolvido com base em estudos científicos do microbioma canino (Suchodolski, 2022).

As bactérias mensuradas no ID são: *Faecalibacterium* spp. (bactéria benéfica, produtora de butirato); *Fusobacterium* spp., *Turicibacter* spp., *Clostridium hiranonis*, que metaboliza ácidos biliares – marcador importante, *Blautia* spp., *Streptococcus* spp. (pode crescer em casos de disbiose), e *Escherichia coli* (crescimento exagerado em disbiose) (Schmitz; Suchodolski, 2016). Além disso, o teste calcula o total bacteriano geral para normalizar os resultados. Por meio de uma fórmula matemática e utilizando as quantidades de bactérias observadas, um índice é obtido, ID. Na interpretação do ID, pode-se dizer que o animal apresenta eubiose quando o resultado do ID está abaixo de zero, qualquer numeral entre 0 e 2 sugere possível disbiose e resultados acima de 2 apontam disbiose relevante (Schmitz; Suchodolski, 2016). Como limitações desse método diagnóstico, deve-se considerar: a) falta de informação sobre a causa da disbiose, b) baseada em um conjunto limitado de táxons de bactérias, assim não abrange toda a diversidade e funcionalidade do microbioma. No entanto, sua realização favorece o entendimento da disbiose quando está associada a manifestações clínicas. Por outro lado, exames fecais que acusam disbiose em um animal sem diarreia não têm significado clínico de valor.

A tecnologia envolvida na análise do microbioma intestinal tem sofrido grande transformação e se aprimorado muito nos últimos anos, assim, é possível que novas opções de diagnóstico sejam disponibilizadas em breve. Em estudo recente com cães saudáveis, foi relatado o papel fundamental da dieta e do sexo na microbiota intestinal, confirmando a ideia de que os microrganismos que habitam o intestino podem ser considerados uma impressão digital individual (Scarsella *et al.*, 2020). Assim, são necessárias outras evidências científicas que ampliem o conhecimento e favoreçam a clínica veterinária individualizada ou de precisão.

No laboratório clínico, alguns biomarcadores de doenças gastrintestinais podem detectar alterações bioquímicas como aumento de folato (B-9) e redução de cobalamina (B-12) em cães com disbiose, porém, devido ao caráter inespecífico, esse achado não é patognomônico e tem valor limitado (Fernández-Pinteño *et al.*, 2023; Oliveira *et al.*, 2024).

Por fim, testes diagnósticos específicos para descartar doenças sistêmicas como as mencionadas anteriormente. Exames séricos como dosagem de tripsinogênio, a endoscopia para coleta de biópsias e a PCR das fezes para detecção de patógenos específicos e atípicos, podem auxiliar na identificação da causa da disbiose.

2.5 Tratamento

A terapêutica para disbiose pode incluir várias modalidades de intervenção com a finalidade de reconstituir a microbiota. A modulação da dieta é uma das ferramentas mais eficazes e deve ser o ponto de partida terapêutico. As modificações dietéticas incluem: utilização de ração de prescrição gastrointestinal (com baixa gordura, alta digestibilidade); uso de dietas ricas em fibras solúveis (por exemplo; Psyllium, polpa de beterraba); uso de dieta hipoalergênica para pacientes com suspeita de hipersensibilidade alimentar, e uso de dieta caseira balanceada, formulada por veterinário nutrólogo (Pilla; Suchodolski, 2021; Ing; Steiner, 2024).

Há poucos estudos em medicina veterinária que respaldaram o uso de probióticos com base na avaliação clínica (melhora do aspecto fecal) e laboratorial (como dosagem sérica de B12 e folato, índice fecal de disbiose) de modo que o uso seja considerado ainda incerto e sujeito à resposta individual do paciente. Acredita-se que o melhor horário de seu uso seja à noite para que ele tenha maior tempo de passagem na luz do trato gastrointestinal e não seja interferido pelo bolo alimentar (peristalse). De modo geral os melhores probióticos possuem mais de um grupo bacteriano como *Lactobacillus*, *Enterococcus* e *Bifidobacterium* – alguns ainda com leveduras como *Saccharomyces* – e aqueles dotados de outros elementos como prebióticos e nutracêuticos são denominados simbióticos e suplementos (Yang; Wu, 2023). A associação de probióticos com prebióticos e/ou nutracêuticos pode otimizar sua eficácia na redução de toxinas produzidas por bactérias indesejáveis e na recuperação da barreira intestinal, garantindo menor permeabilidade (Yang; Wu, 2023).

O uso de probióticos tem como finalidade manipular a microbiota intestinal para promover a saúde do hospedeiro. Os probióticos exercem atividades profiláticas ou terapêuticas em enfermidades como doença inflamatória intestinal, diarreia associada ao uso de antibióticos, câncer intestinal, alergias, diabetes tipo 2 e dermatite atópica em humanos (Li *et al.*, 2021; Simon *et al.*, 2021; Gu *et al.*, 2022). A microbiota fecal de cães saudáveis é dominada pelos filos Firmicutes, Proteobacteria, Bacteroidetes, Fusobacteria e Actinobacteria, sendo os gêneros *Lactobacillus*, *Bifidobacterium*, *Enterococcus*, *Streptococcus* e *Pediococcus* predominantes nas fezes de cães (Pilla; Suchodolski, 2021). Os probióticos de maior potencial no tratamento de diarreias agudas ou crônicas são aqueles dotados de mais de um tipo bacteriano (Yan; Polk, 2020; Compare *et al.*, 2022). A quantidade (carga biodisponível) também está relacionada à maior ou menor

possibilidade de colonizar a mucosa intestinal e competir naquele microambiente em detrimento de bactérias indesejadas ali presentes. A forma farmacêutica também deve ser bem selecionada, uma vez que, há estudos com seres humanos que apontam maior eficácia de probióticos na forma de pó e na forma de cápsula (Menni *et al.*, 2023).

Os prebióticos são carboidratos fermentáveis (fibras solúveis) que constituem substrato para o crescimento de bactérias benéficas da microbiota. Alguns dos mais conhecidos incluem fruto-oligossacarídeos (FOS), manano-oligossacarídeos (MOS), galacto-oligossacarídeos (GOS), inulina e beta-glucanas e podem ser alternativas simples e eficazes no controle da gastroenterite e da disbiose. É muito recomendável que sejam implementados em parceria com probióticos (Li *et al.*, 2021; Ing; Steiner, 2024).

Outra terapêutica não medicamentosa descrita na veterinária é o transplante de microbiota fecal (TMF). Consiste no transplante de matéria fecal de um doador saudável para um paciente com doença gastrointestinal que não responde às terapias convencionais. Esse transplante pode ser realizado por meio de colonoscopia, endoscopia, sigmoidoscopia ou enema (Cammarota *et al.*, 2014). Essa terapia é válida nos quadros de diarreia, porém deve-se realizar o índice fecal de disbiose do animal doente e dos possíveis doadores, uma vez que o doador deve ter uma diversidade e qualidade bacteriana capazes de auxiliar na recuperação da microbiota do receptor (Chaitman *et al.*, 2020; Reisinger *et al.*, 2024).

Na medicina veterinária, os estudos sobre a aplicação do FMT ainda são escassos, embora promissores. Esse tratamento tem sido empregado em cães com doenças gastrointestinais que não respondem às terapias comuns, como a doença inflamatória intestinal, infecção por *Clostridium perfringens*, enteropatia crônica, entre outras (Chaitman *et al.*, 2020; Gal *et al.*, 2021; Niina *et al.*, 2021; Toresson *et al.*, 2023). Embora o FMT pareça relativamente seguro e eficaz no tratamento da disbiose, mais estudos clínicos são necessários para compreender melhor seus mecanismos e os potenciais riscos para os pacientes que recebem essas infusões.

Os antibióticos metronidazol, tilosina e quinolonas são frequentemente usados para tratar quadros de diarreia aguda ou crônica em animais, não obstante, devem ser evitados na ausência de risco de sepse, pois são medicamentos que reduzem quantidades e variedades microbianas nos intestinos (Marclay *et al.*, 2022). Embora o uso de antibióticos possa melhorar o escore fecal nos casos de diarreia, seu uso pode ter sido substituído por outras condutas terapêuticas que não causam danos à microbiota original

e à sua seletividade, lembrando que tal dano pode requerer semanas ou meses para se restabelecer mesmo após o término do tratamento.

Compreender o impacto dos antibióticos no microbioma canino é essencial para avaliar os efeitos a médio e a longo prazo. Um exemplo dos efeitos dos antibióticos foi demonstrado em um estudo com 22 cães com sintomas gastrointestinais (diarreia e/ou vômito) que receberam metronidazol para tratamento de giardíase. Pelo sequenciamento genético das amostras fecais desses cães, foi observada redução da diversidade microbiana até três dias após o término do tratamento, com alterações persistentes por até quatro a seis semanas. No entanto, todos os cães recuperaram uma composição microbiana semelhante à do início. Vale ressaltar que bactérias associadas à fermentação de carboidratos estavam reduzidas, o que indica potencial para intervenções que favoreçam a saúde gastrointestinal e a recuperação do microbioma. Por outro lado, a tilosina comumente utilizada em doenças gastrointestinais tem impacto relevante sobre o microbioma intestinal. O uso de antibióticos pode induzir a disbiose intestinal, causando quedas rápidas e significativas na riqueza taxonômica, diversidade e uniformidade microbiana. Com a interrupção do tratamento, muitas espécies bacterianas se recuperam, mas a composição microbiana raramente retorna completamente ao estado original (Suchodolski *et al.*, 2009). Sabe-se que na disbiose induzida por inflamação crônica gastrointestinal, como na DII (enterite crônica idiopática) ou pela exposição a antimicrobianos, é possível notar redução de bactérias desejadas como *Blautia spp.*, *Clostridium hiranonis* e *Turicibacter spp.* e maior expressão de bactérias indesejadas como *Clostridium perfringens*, *Salmonella spp.*, *E. coli* e *Streptococcus spp.*

Tem sido proposto o uso de nutracêuticos constituídos por prebióticos, probióticos, vitaminas do complexo B (ácido fólico e cobalamina) e alguns minerais como alternativa ao uso de antibióticos (Belà *et al.*, 2024).

Por fim, há poucos estudos bem delineados que demonstrem a eficácia de todas as classes de medicamentos no tratamento da disbiose. Isto certamente ainda vai levar tempo e demandar muitas pesquisas até que seja compreendido o que tem baixo, alto ou nenhum potencial de reverter a disbiose em animais, uma vez que a microbiota é uma digital individual e suas variações estão associadas a fatores genéticos, escore corporal, tipo de alimentação e idade.

3. CONSIDERAÇÕES FINAIS

Mais do que um conjunto de microrganismos, o microbioma intestinal deve ser reconhecido como um componente funcional do organismo, cuja preservação representa um dos pilares para a manutenção da saúde e para o sucesso terapêutico na medicina veterinária contemporânea. O avanço das técnicas de caracterização do microbioma intestinal transformou a compreensão da fisiopatologia das enfermidades gastrintestinais em cães e gatos, demonstrando que a microbiota exerce funções que vão muito além da digestão, participando da manutenção da barreira intestinal, da modulação do sistema imunológico, do metabolismo e da comunicação entre o intestino e outros órgãos. A disbiose deve ser compreendida como uma condição multifatorial, geralmente secundária a doenças primárias ou a fatores ambientais, como alterações dietéticas e uso de medicamentos, especialmente antimicrobianos.

Embora o conhecimento sobre o microbioma tenha evoluído rapidamente, ainda existem lacunas importantes relacionadas à definição de um microbioma saudável, à identificação de biomarcadores de relevância clínica e à padronização das estratégias terapêuticas. Evidências recentes demonstram que a composição da microbiota apresenta elevada variabilidade entre indivíduos, influenciada por fatores como dieta, sexo, idade, genética e ambiente, reforçando o conceito de que o microbioma representa uma verdadeira assinatura biológica de cada animal. Essa característica fortalece a perspectiva de uma medicina veterinária de precisão, na qual o diagnóstico e o tratamento poderão ser individualizados conforme o perfil microbiológico de cada paciente.

Do ponto de vista clínico, a preservação da microbiota deve ser considerada um dos objetivos do tratamento das enfermidades gastrintestinais. Estratégias como modulação nutricional, uso criterioso de probióticos, prebióticos e simbióticos, além do transplante de microbiota fecal em casos selecionados, representam alternativas promissoras para restaurar a eubiose e reduzir o uso indiscriminado de antimicrobianos. Nesse contexto, a antibioticoterapia deve ser empregada de forma racional, considerando seus potenciais impactos sobre a diversidade microbiana e o metabolismo intestinal.

REFERÊNCIAS

BARTOCHOWSKI, P. *et al.* Gut-Kidney Axis Investigations in Animal Models of Chronic Kidney Disease. **Toxins**, v. 14, n. 9, p. 626, 2022.

BELÀ, B. *et al.* Effects of a Nutraceutical Treatment on the Intestinal Microbiota of Sled Dogs. **Animals**, v. 14, n. 15, p. 2226, 2024.

BELKAID, Y.; HAND, T. W. Role of the microbiota in immunity and inflammation. **Cell**, v. 157, n. 1, p. 121-41, 2014.

BELL, J. A. *et al.* Ecological characterization of the colonic microbiota of normal and diarrheic dogs. **Interdisciplinary Perspectives on Infectious Diseases**, p. 149694, 2008.

BRECZKO, W. J.; BUBAK, J.; MISZCZAK, M. The importance of intestinal microbiota and dysbiosis in the context of the development of intestinal lymphoma in dogs and cats. **Cancers**, v. 16, n. 12, p. 2255, 2024.

CAMMAROTA, G.; IANIRO, G.; GASBARRINI, A. Fecal microbiota transplantation for the treatment of *Clostridium difficile* infection: a systematic review. **Journal of Clinical Gastroenterology**, v. 48, n. 8, p. 693-702, 2014.

CAPURSO, L. I probiotici [Probiotics]. **Recenti Progressi in Medicina**, v. 107, n. 6, p. 267-77, 2016.

CHAITMAN, J. *et al.* Fecal microbial and metabolic profiles in dogs with acute diarrhea receiving either fecal microbiota transplantation or oral metronidazole. **Frontiers in Veterinary Science**, v. 7, p. 192, 2020.

COMPARE, D. *et al.* Probiotics in gastrointestinal diseases: all that glitters is not gold. **Digestive Diseases**, v. 40, n. 1, p. 123-32, 2022.

COSOLA, C. *et al.* An innovative synbiotic formulation decreases free serum indoxyl sulfate, small intestine permeability and ameliorates gastrointestinal symptoms in a randomized pilot trial in stage IIIb-IV CKD patients. **Toxins**, v. 13, n. 5, p. 334, 2021.

DEL TRESTE, A.; SACCHETTINO, L.; COSTANZA, D.; TRAPANESE, L.; SALZANO, A.; NAPOLITANO, F.; CORTESE, L.; D'ANGELO, D.; CAMPANILE, G.; GRECO, A. Intestinal Dysbiosis Relating to Gut-Brain Axis and Behavior in Dogs: A Systematic Review with Text Mining Approach. **Animals (Basel)**, v. 21, n. 16, p. 986, 2026.

DINAN, T. G.; CRYAN, J. F. The impact of gut microbiota on brain and behaviour: implications for psychiatry. **Current Opinion in Clinical Nutrition and Metabolic Care**, v. 18, n. 6, p. 552-8, 2015.

FERNÁNDEZ-PINTEÑO, A. *et al.* Age-associated changes in intestinal health biomarkers in dogs. **Frontiers in Veterinary Science**, v. 10, p. 1213287, 2023.

FUJISHIRO, M. A. *et al.* Evaluation of the effects of anthelmintic administration on the fecal microbiome of healthy dogs with and without subclinical *Giardia* spp. and *Cryptosporidium canis* infections. **PLoS One**, v. 15, n. 2, p. e0228145, 2020.

GAL, A. *et al.* One dog's waste is another dog's wealth: A pilot study of fecal microbiota transplantation in dogs with acute hemorrhagic diarrhea syndrome. **PLoS One**, v. 16, n. 4, p. e0250344, 2021.

GARCIA-MAZCORRO, J. F. *et al.* Effect of the proton pump inhibitor omeprazole on the gastrointestinal bacterial microbiota of healthy dogs. **FEMS Microbiology Ecology**, v. 80, n. 3, p. 624-36, 2012.

GARRAWAY, K. *et al.* Relationship of the mucosal microbiota to gastrointestinal inflammation and small cell intestinal lymphoma in cats. **Journal of Veterinary Internal Medicine**, v. 32, n. 5, p. 1692-702, 2018.

GIARETTA, P. R. *et al.* Comparison of intestinal expression of the apical sodium-dependent bile acid transporter between dogs with and without chronic inflammatory enteropathy. **Journal of Veterinary Internal Medicine**, v. 32, n. 6, p. 1918-1926, 2018.

GU, Q. *et al.* Encapsulation of multiple probiotics, synbiotics, or nutrabiobiotics for improved health effects: a review. **Advances in Colloid and Interface Science**, v. 309, p. 102781, 2022.

HAND, D. *et al.* Pyrosequencing the canine faecal microbiota: breadth and depth of biodiversity. **PLoS One**, v. 8, n. 1, p. e53115, 2013.

HONNEFFER, J. B. *et al.* Variation of the microbiota and metabolome along the canine gastrointestinal tract. **Metabolomics**, v. 13, p. 26, 2017.

HUANG, Z. *et al.* The canine gastrointestinal microbiota: early studies and research frontiers. **Gut Microbes**, v. 11, n. 4, p. 635-654, 2020.

ING, N. H.; STEINER, J. M. The use of diets in the diagnosis and treatment of common gastrointestinal diseases in dogs and cats. **Advances in Experimental Medicine and Biology**, v. 1446, p. 39-53, 2024.

KATHRANI, A. *et al.* Alterations in serum amino acid concentrations in dogs with protein-losing enteropathy. **Journal of Veterinary Internal Medicine**, v. 32, n. 3, p. 1026-1032, 2018.

KIEŁBIK, P.; WITKOWSKA-PIŁASZEWICZ, O. The relationship between canine behavioral disorders and gut microbiome and future therapeutic perspectives. **Animals**, v. 14, n. 14, p. 2048, 2024.

LEE, N. N. *et al.* Effects of *Giardia lamblia* colonization and fenbendazole treatment on canine fecal microbiota. **Journal of the American Association for Laboratory Animal Science**, v. 59, n. 4, p. 423-429, 2020.

LEVY, M. *et al.* Dysbiosis and the immune system. **Nature Reviews Immunology**, v. 17, n. 4, p. 219-232, 2017.

LI, H. Y. *et al.* Effects and mechanisms of probiotics, prebiotics, synbiotics, and postbiotics on metabolic diseases targeting gut microbiota: a narrative review. **Nutrients**, v. 13, n. 9, p. 3211, 2021.

MARCLAY, M. *et al.* Recovery of fecal microbiome and bile acids in healthy dogs after tylosin administration with and without fecal microbiota transplantation. **Veterinary Sciences**, v. 9, n. 7, p. 324, 2022.

MENNI, A. *et al.* Looking for the ideal probiotic healing regime. **Nutrients**, v. 15, n. 13, p. 3055, 2023.

MENTULA, S. *et al.* Comparison between cultured small-intestinal and fecal microbiotas in beagle dogs. **Applied and Environmental Microbiology**, v. 71, n. 8, p. 4169-75, 2005.

MONDO, E. *et al.* Role of gut microbiota in dog and cat's health and diseases. **Open Veterinary Journal**, v. 9, n. 3, p. 253-8, 2019.

NIINA, A. *et al.* Fecal microbiota transplantation as a new treatment for canine inflammatory bowel disease. **Bioscience of Microbiota, Food and Health**, v. 40, n. 2, p. 98-104, 2021.

OLIVEIRA, I. M. *et al.* Intestinal biomarkers and their importance in canine enteropathies. **Veterinary Medicine International**, v. 2024, p. 7409482, 2024.

PILLA, R.; SUCHODOLSKI, J. S. 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. 605-21, 2021.

PILLA, R.; SUCHODOLSKI, J. S. The role of the canine gut microbiome and metabolome in health and gastrointestinal disease. **Frontiers in Veterinary Science**, v. 6, p. 498, 2020.

REISINGER, A. *et al.* Comparing treatment effects on dogs with acute hemorrhagic diarrhea syndrome: fecal microbiota transplantation, symptomatic therapy, or antibiotic treatment. **Journal of the American Veterinary Medical Association**, v. 262, n. 12, p. 1657-65, 2024.

ROSTAHER, A.; MORSY, Y.; FAVROT, C.; UNTERER, S.; SCHNYDER, M.; SCHARL, M.; FISCHER, N.M. Comparison of the Gut Microbiome between Atopic and Healthy Dogs-Preliminary Data. **Animals** (Basel). v. 12, n. 12, p. 2377, 2022.

SASSO, J. M. *et al.* Gut microbiome-brain alliance: a landscape view into mental and gastrointestinal health and disorders. **ACS Chemical Neuroscience**, v. 14, n. 10, p. 1717-63, 2023.

SCHMITZ, S.; SUCHODOLSKI, J. Understanding the canine intestinal microbiota and its modification by pro-, pre- and synbiotics - what is the evidence? **Veterinary Medicine and Science**, v. 2, n. 2, p. 71-94, 2016.

SIMON, E. *et al.* Probiotics, Prebiotics, and Synbiotics: Implications and Beneficial Effects against Irritable Bowel Syndrome. **Nutrients**, v. 13, n. 6, p. 2112, 2021.

STAVROULAKI, E. M. *et al.* Effects of antimicrobials on the gastrointestinal microbiota of dogs and cats. **The Veterinary Journal**, v. 291, p. 105929, 2023.

SUCHODOLSKI, J. S. *et al.* The effect of the macrolide antibiotic tylosin on microbial diversity in the canine small intestine as demonstrated by massive parallel 16S rRNA gene sequencing. **BMC Microbiology**, v. 9, p. 210, 2009.

SUCHODOLSKI, J. S.; SIMPSON, K. Canine gastrointestinal microbiome in health and disease. **Veterinary Focus**, v. 23, n. 2, p. 22, 2013.

SUCHODOLSKI, J. S. Analysis of the gut microbiome in dogs and cats. **Veterinary Clinical Pathology**, v. 50, n. Suppl 1(Suppl 1), p. 6-17, 2022.

SWANSON, K. S. *et al.* Phylogenetic and gene-centric metagenomics of the canine intestinal microbiome reveals similarities with humans and mice. **The ISME Journal**, v. 5, n. 4, p. 639-649, 2011.

THOMSEN, M. *et al.* A comprehensive analysis of gut and skin microbiota in canine atopic dermatitis in Shiba Inu dogs. **Microbiome**, v. 11, n. 1, p. 232, 2023.

TIZARD, I. R.; JONES, S. W. The microbiota regulates immunity and immunologic diseases in dogs and cats. **Veterinary Clinics of North America: Small Animal Practice**, v. 48, n. 2, p. 307-322, 2018.

TORESSON, L. *et al.* Clinical effects of faecal microbiota transplantation as adjunctive therapy in dogs with chronic enteropathies: a retrospective case series of 41 dogs. **Veterinary Sciences**, v. 10, n. 4, p. 271, 2023.

WERNIMONT, S. M. *et al.* The effects of nutrition on the gastrointestinal microbiome of cats and dogs: impact on health and disease. **Frontiers in Microbiology**, v. 11, p. 1266, 2020.

WONG, J. M. *et al.* Colonic health: fermentation and short chain fatty acids. **Journal of Clinical Gastroenterology**, v. 40, n. 3, p. 235-43, 2006.

YAN, F.; POLK, D. B. Probiotics and probiotic-derived functional factors—mechanistic insights into applications for intestinal homeostasis. **Frontiers in Immunology**, v. 11, p. 1428, 2020.

YANG, Q.; WU, Z. Gut probiotics and health of dogs and cats: benefits, applications, and underlying mechanisms. **Microorganisms**, v. 11, n. 10, p. 2452, 2023.

ZHANG, S. *et al.* Short chain fatty acids modulate the growth and virulence of pathosymbiont *Escherichia coli* and host response. **Antibiotics**, v. 9, n. 8, p. 462, 2020.

ZIESE, A. L.; SUCHODOLSKI, J. S. Impact of changes in gastrointestinal microbiota in canine and feline digestive diseases. **Veterinary Clinics of North America: Small Animal Practice**, v. 51, n. 1, p. 1, 2021.

SCARSELLA, E.; STEFANON, B.; CINTIO, M.; LICASTRO, D.; SGORLON, S.; DAL MONEGO, S.; SANDRI, M. Learning machine approach reveals microbial signatures of diet and sex in dog. **PLoS One**. v.15, n. 8, p. e0237874, 2020.

CONTRIBUIÇÃO DE AUTORIA

Maria Anete Lallo: Pesquisa bibliográfica, Redação científica.

Felipe Saab Romano: Pesquisa bibliográfica, Redação científica.