O USO DO RESÍDUO INDUSTRIAL DO *BUTIA* SPP. COMO COPRODUTO NA DIETA DE CORDEIROS CONFINADOS: EFEITOS SOBRE A MICROBIOTA RUMINAL

Joanderson Lemes da Silva, Ana Lara Amaral da Veiga, Aleksandro Schafer da Silva, Miklos Maximiliano Bajay

INTRODUÇÃO

A alimentação representa uma parcela significativa dos custos da produção animal, tornando necessária a busca por alimentos alternativos que possam reduzir os custos das dietas. Nesse contexto, os coprodutos agroindustriais apresentam potencial de utilização na alimentação de ruminantes, contribuindo para o aproveitamento de resíduos e redução de impactos ambientais. lém do apelo ecológico e econômico, o reaproveitamento desses resíduos exige a validação do seu valor nutricional e do seu impacto sobre a saúde digestiva dos animais. Segundo Jobin (2023), o resíduo industrial de butiá (RIB) apresenta características nutricionais promissoras, destacando-se pelo elevado teor de fibra (FDN) e pela presença de compostos fitoativos, que contribuem para a saúde animal. A sua composição e elevado teor de extrato etéreo podem limitar sua inclusão na dieta, entretanto existem poucos estudos sobre o determinado tema na alimentação de ruminantes. Dessa forma, o presente estudo teve como hipótese que a inclusão de farinha de RIB na dieta de cordeiros confinados modula a microbiota ruminal de cordeiros, sem comprometer o desempenho produtivo dos animais. Assim, objetivou-se avaliar os efeitos de sua inclusão na dieta de cordeiros confinados sobre a composição da microbiota ruminal de cordeiros.

DESENVOLVIMENTO

O experimento foi conduzido na Fazenda Experimental do Centro de Educação Superior do Oeste (FECEO), em Guatambu-SC e utilizando 22 cordeiros da raça Lacaune, sendo 10 machos e 12 fêmeas, com idade média de dois meses e peso vivo médio de 20 kg, alojados individualmente em baias com dimensão de 1,0 m x 2,0 m por 80 dias, com 15 dias de adaptação, sendo alimentados duas vezes ao dia. O experimento foi aprovado pelo comitê de ética em uso dos animais (CEUA) da UDESC Nº 9378270525. O delineamento foi inteiramente casualizado, com dois tratamentos e 11 repetições (5 Machos e 6 Fêmeas), sendo uma dieta controle e outra contendo 5,03% de RIB na matéria seca da dieta. Foi realizado medições do peso e consumo da ração dos animais diariamente ao longo do experimento. As amostras de líquido ruminal foram armazenadas em Swabs 3M™ Quick Swabs para o sequenciamento do gene 16S rRNA, realizado pelo laboratório BPI – Biotechnology Research and Innovation. O DNA total foi extraído de amostras de 200 mg utilizando o kit ZR Fungal/Bacterial DNA MiniPrep. Os primers 341F e 806R foram utilizados para amplificar a região V3–V4 do gene 16S rRNA bacteriano por meio da reação em cadeia da polimerase (PCR), conforme descrito por Klindworth et al., 2013. As bibliotecas foram quantificadas por reação em cadeia da polimerase quantitativa utilizando o kit Kapa Library Quantification, seguindo as recomendações do fabricante. As amostras foram normalizadas para uma concentração final de 2 nM e sequenciadas em um equipamento Illumina MiSeq i100 por 250 ciclos a partir de cada extremidade. As leituras brutas de amplicons paired-end foram processadas com o QIIME 2 (Bolyen et a., 2019) (v2026.1), utilizando os plugins cutadapt e DADA2 para realizar a remoção de primers, a redução de ruído (denoising) e a desreplicação, gerando uma tabela de Variantes de Sequência de Amplicons (ASVs). A taxonomia foi

atribuída por meio de um classificador Naïve Bayes treinado na base SILVA (Quast et al., 2013) v.132 (recortado para a região V3-V4). As análises subsequentes foram realizadas no R (R Core Team 2026) v4.5.2, utilizando os pacotes phyloseq (McMurdie et., 2013) v1.52 e microeco (Liu et al., 2025) v1.15.0 para as análises ecológicas. O teste não paramétrico LEfSe foi utilizado para identificar gêneros com abundâncias significativamente diferentes entre os grupos e a Análise Discriminante Linear (LDA) para estimar o tamanho do efeito (limiar de pontuação de 1,5 para classificar biomarcadores como significativos) usando a abordagem (Segata et al., 2011). Para avaliar a estrutura da comunidade microbiana, a diversidade alfa foi quantificada pelo índice de Shannon. Os padrões de diversidade beta foram visualizados por meio da Análise de Coordenadas Principais (PCoA), com base nas dissimilaridades de Bray-Curtis. A significância estatística para a diversidade alfa foi determinada pelo teste de posições sinalizadas de Wilcoxon, enquanto as variações na composição da comunidade (diversidade beta) foram avaliadas utilizando a Análise de Variância Multivariada Permutacional (PERMANOVA) aos pares.

RESULTADOS

A inclusão de farinha de resíduo industrial de butiá na dieta reduziu o consumo de matéria seca, consequentemente, o ganho de peso corporal e o ganho médio diário dos cordeiros, sendo o ganho de peso aproximadamente 14% inferior no grupo tratamento. Entretanto, não houve diferença na eficiência alimentar entre os tratamentos e controle. A análise LEfSe demostrando a modulação de táxons bacterianos específicos: *Escherichia-Shigella, Desemzia, Acidovorax,* e *Streptococcus* apresentaram sua abundância relativa associada ao grupo tratamento; já *Ligilactobacillus* foi associada ao grupo controle, demostrando que, embora a análise da comunidade bacteriana como um todo não tenha demonstrado diferença significativa, houve uma modulação de determinados microrganismos com a inclusão do butiá (Figura 1). A maior representatividade de gêneros como *Streptococcus* e *Escherichia-Shigella* no grupo tratamento sugere ajustes na dinâmica fermentativa ruminal, possivelmente associados à adaptação celular frente à fração lipídica ou a compostos fitoativos presentes no resíduo (Enjalbert et al., 2017). A redução de *Ligilactobacillus* no grupo suplementado, em consonância com o menor consumo de matéria seca, indica uma sutil alteração na disponibilidade de substratos facilmente fermentáveis no ambiente ruminal (Gao et al., 2024). Na composição da comunidade microbiológica, não foram observadas diferenças significativas na alfa diversidade (Shannon) e na beta diversidade (PERMANOVA) entre os grupos Tratamento e Controle, indicando que a inclusão de 5,03% do coproduto provocou microajustes na composição bacteriana sem desestabilizar a resiliência global do ecossistema ruminal.

CONSIDERAÇÕES FINAIS

A inclusão de 5,03% de farinha de resíduo industrial de butiá na dieta reduziu o consumo de matéria seca e o ganho de peso dos cordeiros, sem comprometer a eficiência alimentar nem desestabilizar a estrutura global da microbiota ruminal. Embora tenha ocorrido modulação pontual de gêneros bacterianos específicos, o resíduo demonstra potencial como coproduto na nutrição de ovinos. Contudo, novos estudos são necessários para avaliar níveis inferiores de inclusão e estratégias de processamento que permitam o aproveitamento do resíduo sem afetar o desempenho produtivo dos animais.

Palavras-chave: Coprodutos Agroindustriais; rúmen; *Streptococcus*; *Ligilactobacillus*.

ANEXOS

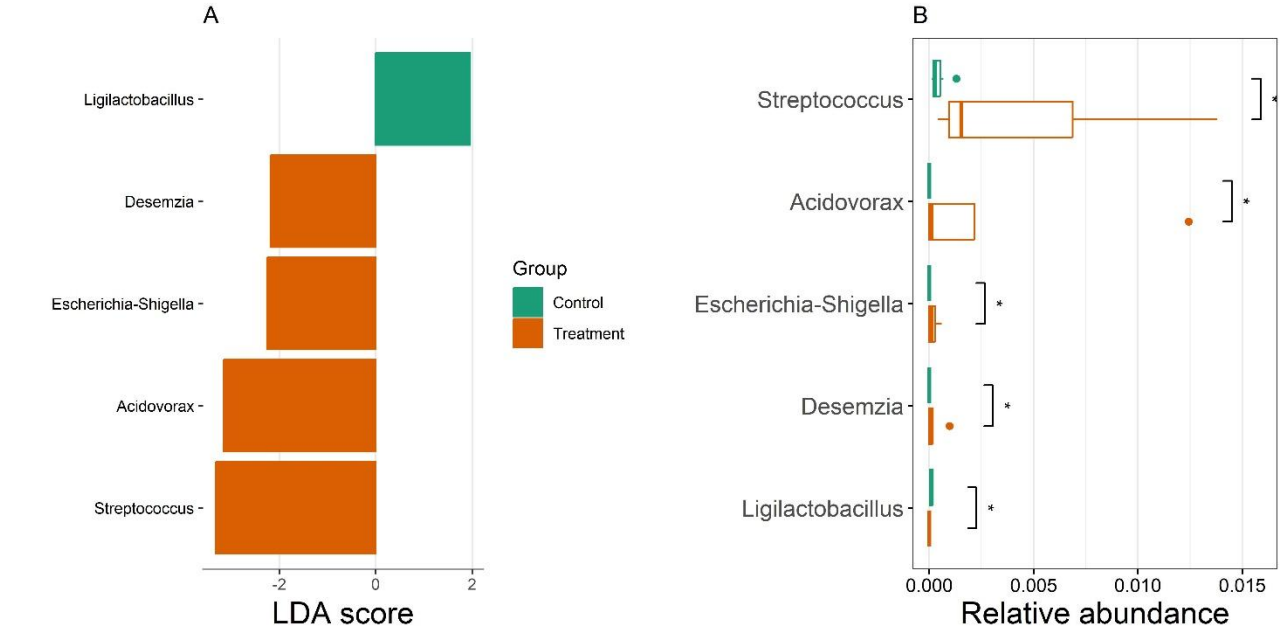


Figura 1: *Gêneros bacterianos associados aos grupos Controle e Tratamento pelas barras que indicam análise do efeito LDA (A) e pelos boxplots que representam a abundância relativa (B). O asterisco representa p<0,05.*

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

BOLYEN, E. et al. Reproducible, interactive, scalable and extensible microbiome data science using QIIME 2. **Nature Biotechnology**, v. 37, n. 8, p. 852–857, 2019.

ENJALBERT, F. et al. Rumen microbiota and dietary fat: a mutual shaping. **Journal of Applied Microbiology**, v. 123, n. 4, p. 782–797, 2017.

GAO, Q. et al. Effects of dietary D-lactate levels on rumen fermentation, microflora and metabolomics of beef cattle. **Frontiers in Microbiology**, v. 15, p. 1348729, 2024.

JOBIM, S. J. M.; CUNHA DUARTE, L. da. Caracterização dos resíduos dos frutos de butiá (Butia (Becc.) Becc (Arecaceae)): análise termogravimétrica, teor de umidade, composição química e FTIR. **Revista Poliedro**, v. 7, n. 9, p. 049-065, 2023.

KLINDWORTH, A. et al. Evaluation of general 16S ribosomal RNA gene PCR primers for classical and next-generation sequencing-based diversity studies. **Nucleic Acids Research**, v. 41, n. 1, p. e1, 2013.

LIU, C. et al. A workflow for statistical analysis and visualization of microbiome omics data using the R microeco package. **Nature Protocols**, v. 20, n. 4, p. 1300–1324, 2025.

MCMURDIE, P. J.; HOLMES, S. Phyloseq: An R package for reproducible interactive analysis and graphics of microbiome census data. **PLOS ONE**, v. 8, n. 4, p. e61217, 2013.

SEGATA, N. et al. Metagenomic biomarker discovery and explanation. **Genome Biology**, v. 12, n. 6, p. R60, 2011.