

RESUMO - ALIMENTAÇÃO E NUTRIÇÃO: NUTRIÇÃO BÁSICA E  
EXPERIMENTAL

**MODULAÇÃO DA MICROBIOTA INTESTINAL PELA REDUÇÃO DO  
TAMANHO DA NINHADA E CONSUMO DE DIETA PADRÃO**

*Ana Flávia Martins Silva (ana.fms@aluno.ufop.edu.br)*

*Aline Rezende Ribeiro De Abreu (aline.abreu@ufop.edu.br)*

*Nicolly Neves Freitas (nicolly.freitas@aluno.ufop.edu.br)*

*Isabela Jesus De Deus (isabela.deus@aluno.ufop.edu.br)*

*Miliane Martins De Andrade Fagundes (miliane.fagundes@ufop.edu.br)*

*Erika Cristina Da Silva Oliveira Siqueira (erika@ufop.edu.br)*

*Izinara Rosse Da Cruz (izinara.cruz@ufop.edu.br)*

*Lauro A. G Moraes (lauromoraes@ufop.edu.br)*

*Julliane Dutra Medeiros (jdutramedeiros@gmail.com)*

*Vasco Ariston De Carvalho Azevedo (vasco@icb.ufmg.br)*

*Aristóteles Góes Neto (arigoesneto@icb.ufmg.br)*

*Renata Guerra De Sá Cota (rguerra@ufop.edu.br)*

*Karina Barbosa De Queiroz (karina.queiroz@ufop.edu.br)*

Introdução: A infância é um período crítico para o estabelecimento da microbiota intestinal, que interage intimamente com o desenvolvimento imunológico e metabólico. A diversidade e estabilidade da microbiota evoluem

em resposta a fatores ambientais e dietéticos, sendo a lactação um determinante importante na composição inicial da microbiota. Objetivo: Avaliar o impacto da redução da ninhada na diversidade e composição da microbiota intestinal pós-desmame imediato e após 8 semanas de dieta padrão. Métodos: Estudo aprovado pela CEUA/UFOP (nº 2245040518). 23 ratos Wistar foram distribuídos em ninhada controle (NC, 8 animais/mãe; n=11) ou ninhada reduzida (NR, 4 animais/mãe; n=12). Aos 21 dias de vida, 4 animais NC e 5 NR foram eutanasiados e as fezes do ceco foram coletadas. Os animais remanescentes foram redistribuídos e submetidos à dieta padrão (ração Nuvilab®), formando os grupos STD-NC (n=7) e STD-NR (n=7), os quais foram eutanasiados após 8 semanas e suas fezes do ceco coletadas. Todas as amostras foram submetidas a sequenciamento do gene 16S rRNA (regiões V3-V4) e as análises foram realizadas com o QIIME2. Resultados: Não encontramos diferenças significativas em alfa-diversidade entre os grupos (índice Shannon). A introdução da dieta alterou significativamente a composição e a abundância relativa dos táxons em ambas as ninhadas (PERMANOVA, Bray-Curtis: NC x STD-NC, p=0,017; NR x STD-NR, p=0,003). A análise de abundância diferencial (LEfEe) a nível de família revelou enriquecimento de Tannerellaceae, Aerococcaceae e Bacteroidaceae em NC enquanto em STD-NC houve aumento de Christenellaceae, Anaerocoracaceae, Saccharimonadaceae, Clostridia UCG-014, Ruminococcaceae, Clostridiaceae e RF39. Já em animais NR, detectou-se maior abundância de Staphylococcaceae, Aerococcaceae e Bacteroidaceae imediatamente após o desmame, contrastando com o aumento de Eubacterium\_coprostanoligenes, Clostridia UCG-014, Ruminococcaceae, Clostridiaceae e RF39 após 8 semanas da dieta padrão. Conclusão: Apesar da similaridade na diversidade total, como esperado, a introdução da dieta padrão induziu alterações marcantes na composição microbiana. Esses achados indicam que tanto o tamanho da ninhada quanto a exposição alimentar pós-desmame modulam de forma específica a microbiota intestinal. Financiamento: Estudo financiado por CAPES 001, FAPEMIG APQ-02200-21, BDP-00094-22 RED 00132-16, APQ-02511-22, Finep e UFOP.

Palavras-chave: redução de ninhada; microbiota intestinal; diversidade microbiana; programação da microbiota.