

**COLONIZAÇÃO MICROBIANA DO TRATO DIGESTÓRIO DE POTROS
NEONATOS SUPLEMENTADOS COM PREBIÓTICO E PROBIÓTICO**

Luiza Orioli Do Nascimento (luizaorioli@ufrj.br)

Natália Sales Leal Dos Santos (natysales77@hotmail.com)

Adriana De Lima E Silva (adrianadelima99@yahoo.com.br)

Giovanna Da Silva Reis (giovannareis@ufrj.br)

Layanne Sthefany De Andrade Araújo (layannesthefany@hotmail.com)

Bruna Caroline Franzan (bruna.franzan@hotmail.com)

Maria Izabel Vieira De Almeida (mariaialmeida@ufrj.br)

Fernando Queiroz De Almeida (almeidafq@yahoo.com.br)

A microbiota intestinal dos equinos é bastante rica e responsável por grande parte do processo de digestão, sendo que o início da colonização do trato digestório dos potros ocorre de modo rápido e dinâmico, iniciando-se no momento do parto. Pouco se conhece sobre os efeitos dos probióticos na nutrição dos potros, porém sabe-se que eles têm potencial elevado em influenciar a colonização bacteriana no trato digestório e melhorar o aproveitamento de nutrientes digestíveis. O objetivo deste trabalho foi verificar os efeitos da suplementação dietética com prebióticos e probióticos na microbiota bacteriana fecal dos potros neonatos. Foram utilizados 15 potros Mangalarga Marchador distribuídos em três grupos de tratamento: Controle (sem suplementação, n=5); Probiótico (suplementação com *Saccharomyces*

cerevisiae, n=5); e Prebiótico + Probiótico (suplementação com simbiótico, n=5). Na suplementação com probiótico foram fornecidos 5 g/dia (*S. cerevisiae* $1,5 \times 10^{10}$ UFC/g). No tratamento com simbiótico (prebiótico + probiótico) foi fornecido 0,07 g/kg de peso vivo do prebiótico Orafiti SIPX em conjunto com o probiótico *S. cerevisiae*. Foram procedidas sete coletas nos potros aos 0, 3, 5, 7, 10, 15 e 30 dias, sendo extraídos o DNA total de 105 amostras fecais utilizando o kit QIAamp DNA Stool (QIAGEN®). O processamento e filtragem da qualidade das sequências foi realizado no programa R versão. 4.5.1. As sequências foram classificadas em Sequências Variantes de Amplicons (ASVs), com base na similaridade contra os bancos de dados. A diversidade beta foi avaliada calculando as dissimilaridades de Bray-Curtis das ASVs e visualizando graficamente a distribuição dos grupos na Análise de Coordenadas Principais (PCoA) Os efeitos dos tratamentos dos tempos nos índices de alfa diversidade foram avaliados e comparados usando os testes de Kruskal-Wallis e Fisher's LSD ($p \leq 0,05$). As distâncias entre os tratamentos foram avaliadas pela PERMANOVA e comparados os pares ($p \leq 0,05$). A Análise discriminante linear do tamanho do efeito (LEfSe) foi utilizada para identificação dos táxons diferencialmente abundantes entre os tratamentos ($p \leq 0,05$). Na primeira semana de vida foi observado que os potros apresentaram baixos índices de riqueza e diversidade microbiana fecal e, à partir do 10º dia de idade, observou-se aumento progressivo dos índices microbianos, atingindo valores máximos entre 15 e 30 dias de idade. O microbioma fecal dos potros no primeiro mês de idade pode ser dividido em quatro grupos: Grupo A (idade 1 dia), Grupo B (idade 3 a 7 dias), Grupo C (idade 10 e 15 dias) dias e Grupo D (idade 30 dias), observando-se transição gradual para microbiota mais estável e próxima a do equino adulto, ocorrendo a substituição gradual de microrganismos aeróbios por anaeróbios estritos. Conclui-se que os potros passam por um processo de sucessão microbiana bem definido ao longo do primeiro mês de idade, acompanhando a maturação intestinal e a transição nutricional, até se aproximar do perfil característico de equinos adultos, sendo esse processo modulável pela suplementação dietética com prebióticos e probióticos. A suplementação com simbiótico foi capaz de modular, de forma positiva, o desenvolvimento da microbiota, demonstrando o potencial de uso para o desenvolvimento da microbiota e prevenção de distúrbios digestórios nos neonatos equinos.

Palavras-chave: equino; neonato; microbioma.