

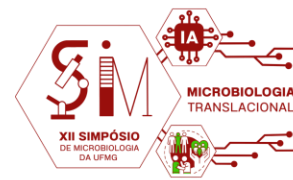


XII SIMPÓSIO DE MICROBIOLOGIA DA UFMG

Microbiologia Translacional

03 a 05 de Dezembro de 2025

Belo Horizonte, Minas Gerais, Brasil



ALTERAÇÕES FUNCIONAIS PREVISTAS NO METABOLISMO DA MICROBIOTA COLÔNICA FUNDAMENTAM O CONSUMO DE ETANOL E O COMPORTAMENTO DE PREFERÊNCIA EM CAMUNDONGO

VELTEN, M. M.^{1*}; LIMA, T. C.¹; AMORMINO, M. S.¹; OLIVEIRA, J. S.¹; BARROSO, F. L. A.¹;
BOUDRY, G.²; MOREIRA-JÚNIOR, R. E.¹; BRUNIALTI-GODARD, A. L.¹

¹Universidade Federal de Minas Gerais – Campus Pampulha, Belo Horizonte, MG

²Institut NuMeCan, INRAE, INSERM – University Rennes, France

*E-mail: mirian.velten@gmail.com

O transtorno do uso de álcool (TUA) está associado a múltiplos processos fisiopatológicos, acompanhados por sintomas comportamentais e cognitivos que causam déficits sociais e riscos à saúde. Evidências recentes indicam que a disbiose intestinal e a alteração nas concentrações de metabólitos microbianos induzidas pelo etanol contribuem parcialmente para o comportamento adicto. Nesse contexto, este estudo visou caracterizar o metaboloma da microbiota colônica e identificar vias relacionadas à manutenção desse comportamento. Para isso, camundongos machos C57BL/6 foram submetidos a um modelo de livre escolha, alto consumo e preferência pelo álcool. O modelo é composto pelos períodos T1, de 8 semanas, e T2, de 4 semanas. Durante T1, é oferecido *ad libitum*, a dieta hipercalórica rica em açúcar e gordura (HSB) e durante T2 essa dieta é substituída pela dieta padrão AIN-93G. Também durante T2 os animais receberam o paradigma de duas garrafas (água vs. etanol 10% v/v). Ambas intervenções possuíam grupos controles, formando os grupos AIN93G+H₂O, AIN93G+EtOH, SWITCH+H₂O e SWITCH+EtOH. A microbiota fecal foi caracterizada por sequenciamento do rDNA 16S, seguido de inferência funcional e análise de redes; por fim, metabólitos foram quantificados por HPLC. Os camundongos SWITCH+EtOH demonstraram alto consumo e preferência pelo etanol, enquanto os animais do grupo AIN93G+EtOH apresentaram aversão. Foram observadas diferenças na composição da microbiota colônica, na qual o enriquecimento funcional revelou redução de vias de biossíntese de aminoácidos e aumento da produção de ácidos biliares secundários; análises de rede destacaram genes centrais ligados ao metabolismo bacteriano, ao estresse oxidativo e à síntese de dopamina. A HPLC confirmou queda significativa de histidina, tirosina, triptofano, acetato, butirato e propionato fecais, validando as análises inferências funcionais. Nossos achados sugerem que a disbiose aumenta a vulnerabilidade à indução e manutenção da preferência por etanol, mediada por alterações na produção de precursores microbianos de neurotransmissores dopamina e histamina e na disponibilidade de ácidos graxos de cadeia curta.

Apoio financeiro: FAPEMIG, APQ-045517-22 e APQ-03984-24; INCT-SP/CNPq, 406958/2022; CAPES.

Palavras-chave: Transtorno pelo Uso do Álcool (TUA); disbiose intestinal; preferência por etanol; Microbiota intestinal; Metabólitos Bacterianos.