

RESUMO - PROTOZOOLOGIA E PATÓGENOS TRANSMITIDOS POR
VETORES

**DINÂMICA DO PERFIL TAXONÔMICO DE ABUNDÂNCIA TEMPORAL EM
FRANGOS DE CORTE DESAFIADOS COM DIFERENTES DOSES DE
EIMERIA SPP.**

Maria Luiza Di Lauro Kayser (maludilauro@ufrj.br)

*Pamella Pryscila De Alvarenga Bissoli Maciel De Lima
(pambissoli@hotmail.com)*

Patrícia Gonzaga Paulino (patgpaulino@gmail.com)

Túlio Leite Reis (tulioreis@hotmail.com)

Jean Kaique Valentim (kaique.tim@hotmail.com)

Leandro Dos Santos Machado (leomachado@ufrj.br)

Huarrisson Azevedo Santos (huarrisson@yahoo.com.br)

A coccidiose, causada por *Eimeria* spp., é uma das principais doenças entéricas que afetam frangos de corte, comprometendo a integridade intestinal e a composição taxonômica da microbiota cecal. Este estudo avaliou os efeitos de diferentes doses de desafio com *Eimeria* spp. sobre a microbiota cecal ao longo do tempo após a infecção. Pintos de corte de 1 dia foram distribuídos em três

grupos experimentais: controle (PBS), G1 (dose vacinal 10×) e G2 (dose vacinal 20×). As aves foram inoculadas por via oral com a vacina Fortegra® (MSD Animal Health), contendo oocistos atenuados de *Eimeria tenella*, *E. acervulina* e *E. maxima*. Para padronização da dose infectante, foi realizada contagem de oocistos em câmara de Neubauer. As aves do grupo G1 receberam $8,4 \times 10^6$ oocistos, enquanto as do grupo G2 receberam $1,68 \times 10^7$ oocistos. Amostras do conteúdo cecal foram coletadas aos 7, 14 e 21 dias após a inoculação (dpi) e submetidas ao sequenciamento de nova geração (NGS) do 16S rRNA bacteriano. As análises de bioinformática foram realizadas na plataforma QIIME 2, com desnoisificação pelo método DADA2 e atribuição taxonômica baseada no banco SILVA. Os dados de abundância relativa foram normalizados por total sum scaling (TSS), transformados em log₁₀ e utilizados na construção do mapa de calor. Táxons como *Lactobacillus* sp., *Lachnospiraceae* e *Ruminococcus* sp. apresentaram alta abundância relativa em todos os tratamentos, enquanto *Alistipes* sp., *Subdoligranulum* sp., *Blautia* sp. e *Butyrivibrio* sp. variaram conforme o tempo e a intensidade deles. *Alistipes* sp. apresentou baixa abundância aos 7 dpi e maior abundância aos 14 dpi também em todos os grupos. *Escherichia-Shigella* apresentou maior abundância no controle aos 7 dpi e menor abundância nos períodos posteriores. Além disso, *Enterococcus* sp., *Flavonifractor* sp. e *Oscillospira* sp. exibiram padrão intermediário e maior variabilidade, sugerindo resposta dependente do tempo e da dose. Conclui-se que a infecção por *Eimeria* spp. alterou a microbiota cecal de frangos de corte ao modificar a composição taxonômica, reduzir temporariamente táxons benéficos e aumentar bactérias associadas à instabilidade intestinal, sendo o tempo pós-infecção mais determinante que a dose do desafio nesse processo.

Palavras-chave: palavras-chave: microbioma; 16s rRNA; ngs (sequenciamento de nova geração); *Eimeria tenella*; *Eimeria maxima*; *Eimeria acervulina*; *Gallus gallus domesticus*.