

MICROBIOTA FECAL DE POTROS EQUINOS E MUARES DESMAMADOS

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

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

Irene Da Silva Coelho (irenecs@yahoo.com)

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

Objetivou-se avaliar a microbiota fecal de potros equinos e muares desmamados. Foram utilizados oito potros recém-desmamados sendo quatro equinos e quatro muares. Durante 120 dias, os potros foram mantidos em sistema de pastejo rotacionado em três piquetes de forragens do gênero *Cynodon* sp. A cada 20 dias foram feitas as coletas das amostras fecais para análise da microbiota e a permuta dos animais para um novo piquete. A região V4 do gene 16S rRNA foi amplificada e sequenciada na plataforma MiSeq. Os resultados dos índices de α -diversidade abundância relativa dos filos bacterianos foram submetidos ao teste Kruskal-Wallis ($\alpha = 0,05$). Observou-se que os potros muares possuíam maior α -diversidade da comunidade bacteriana fecal do que potros equinos. Além disso, os potros muares apresentaram maior abundância relativa dos filos Bacteroidetes, Spirochaetes e Fibrobacteres, enquanto os potros equinos apresentaram maior abundância relativa dos filos Firmicutes e Candidatus Saccharibacteria. Potros equinos e muares desmamados possuem microbiota fecal diferentes mesmo quando mantidos sob as mesmas condições de criação.