



## XXXV SALÃO de INICIAÇÃO CIENTÍFICA

6 a 10 de novembro

<b>Evento</b>	Salão UFRGS 2023: SIC - XXXV SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
<b>Ano</b>	2023
<b>Local</b>	Campus Centro - UFRGS
<b>Título</b>	Explorando o impacto da microbiota intestinal na Síndrome de má absorção (SMA) em aves
<b>Autor</b>	CARLA DUARTE DOS SANTOS COSTA
<b>Orientador</b>	FABIANA QUOOS MAYER

A Síndrome de Má Absorção (SMA) gera retardo no crescimento de aves, desenvolvimento defeituoso das penas e diarreia, gerando impacto econômico para a avicultura comercial. A etiologia da SMA é desconhecida, e é possível que haja uma relação com a microbiota intestinal na ocorrência da doença. Assim, o objetivo deste estudo foi avaliar o papel da microbiota intestinal na ocorrência de SMA. Foram coletadas e analisadas amostras de suabe fecal de frangos de corte da linhagem Cobb, entre 23-40 dias de vida, de 6 propriedades no Rio Grande do Sul. Em cada propriedade, 10 aves com SMA e 10 aves saudáveis foram amostradas e agrupadas em pool para o sequenciamento, totalizando 6 amostras em cada grupo. As amostras foram submetidas à extração de DNA e amplificação da região v3-v4 do gene *16S rRNA*, seguidas de sequenciamento de alto desempenho na plataforma Miseq. Ferramentas de bioinformática foram aplicadas para análise da riqueza e composição das comunidades microbianas por meio das diversidades alfa e beta, e também foi realizada análise de abundância diferencial e descritiva dos táxons presentes. Das amostras, apenas 7 tiveram profundidade de sequências para serem avaliadas (n = 4 saudáveis; n = 3 doentes). Não houve diferença estatisticamente significativa entre os grupos no que se refere à alfa e beta diversidade. Com relação à abundância diferencial também não houve diferença significativa, porém foi observado um agrupamento dos táxons na análise de clusterização hierárquica, indicando que pode haver disbiose associada à SMA. Dentre os táxons observados, o filo mais abundante em ambos os grupos foi o *Firmicutes*, seguido de *Bacteroidota*. As famílias *Lachnospiraceae*, *Ruminococcaceae* e *Lactobacillaceae* foram as mais abundantes. Este estudo permitiu caracterizar a microbiota de frangos de corte, mas estudos futuros com maior número de amostras devem ser realizados para avaliar o papel da microbiota na SMA.