

SIMPÓSIO BRASILEIRO DE

MICROBIOLOGIA APLICADA

ANAIS

PORTO ALEGRE, 25 A 27 DE MARÇO DE 2021



SIMPÓSIO BRASILEIRO DE

MICROBIOLOGIA APLICADA

Editado por

Andreza Francisco Martins Amanda de Souza da Motta Patricia Valente da Silva

UNIVERSIDADE FEDERAL DO RIO GRANDE DO SUL PORTO ALEGRE, 25 A 27 DE MARÇO DE 2021

Anais

XIII Simpósio Brasileiro de Microbiologia Aplicada

25 a 27 de março de 2021, Porto Alegre, Brasil

ISSN 2237-1672

Porto Alegre, Brasil
Universidade Federal do Rio Grande do Sul
2021

Anais do XIII Simpósio Brasileiro de Microbiologia Aplicada

SUCESSÃO DE POPULAÇÕES MICROBIANAS EM Heliconius erato phyllis (LEPIDOPTERA-NYMPHALIDAE)

Rosana Huff¹, Luana Dornelles¹, Michele Bertoni Mann², Jeverson Frazzon², Ana Paula Guedes Frazzon¹ (rosana_huff@hotmail.com)

- 1 Programa de Pós Graduação em Microbiologia Agrícola e do Ambiente. Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS) Porto Alegre, RS, Brasil.
- 2 Instituto de Ciência e Tecnologia de Alimentos. Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS) Porto Alegre, RS, Brasil.

A avalição da microbiota de insetos tem sido alvo crescente de estudos, e assim como para outros animais tem revelado que os micro-organismos desempenham papel fundamental na saúde dos hospedeiros. Lepidoptera é a segunda ordem mais diversa de insetos, com representantes conhecidos como borboletas e mariposas. Borboletas do gênero Heliconius são organismos modelo amplamente distribuídos, ocorrendo desde a América do Sul até o sul do México. Sabe-se que a microbiota de borboletas é menos diversa quando comparada à de outros animais, que bactérias da família Enterococcaceae (gênero Enterococcus) são as mais abundantes em imaturos e adultos, e que possivelmente têm papel fundamental na manutenção das comunidades microbianas dos lepidópteros. Sendo assim, o objetivo deste trabalho foi avaliar a sucessão de populações microbianas em diferentes fases do desenvolvimento de H. erato phyllis, coletadas no Rio Grande do Sul, bem como a presença de bactérias do gênero Enterococcus nestas amostras. Foram coletadas amostras de todos os estágios do desenvolvimento (ovo, lagartas de 1º a 5º estádio, pupa e novo adulto), sendo cada amostra representada por um pool de três indivíduos. As amostras foram maceradas e o DNA total extraído utilizando E.Z.N.A.® Stool DNA Kit (Omega Bio-tek). Foi realizada amplificação da região V4 do 16s rRNA e será realizado sequenciamento de alto rendimento pela plataforma Illumina MiSeq. Para o isolamento de Enterococcus foram utilizados meios seletivos (Caldo Azida Dextrose, BHI suplementado com 6.5% de NaCl e Agar Bile Esculina). O estudo está em desenvolvimento e os dados são preliminares. Até o momento foram isolados 207 Enterococcus spp. Não foi possível isolar bactérias das amostras de ovos, L1, L2 e L3; foi realizada amplificação do gene tuf gênero-específico para Enterococcus utilizando DNA total, com resultado positivo, indicando presença deste gênero. Sendo assim, novos protocolos estão sendo testados para a obtenção de Enterococcus destas amostras. Com este trabalho espera-se descrever um aumento das populações de Enterococcaceae, com estabilização da população nos estágios finais do desenvolvimento de H. erato phyllis. Também é esperada a obtenção de Enterococcus cultiváveis, com os quais serão realizados maiores estudos relacionados à transferência de micro-organismos da fêmea para a prole; este dado já é sustentado pela literatura, contudo ainda não descrito para H. erato phyllis.

Palavras-chave: microbiota, Lepidoptera, Enterococcus, Enterococcaceae, desenvolvimento.

Agência de fomento: CAPES.