

XX CONGRESSO NACIONAL ABRAVES

Produzindo suínos para um futuro sustentável

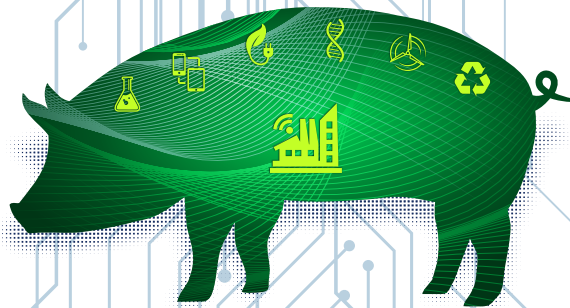
16 a 19 outubro de 2023

Centro de Eventos da PUCRS Porto Alegre / RS



ANAIS **XX CONGRESSO** **NACIONAL ABRAVES**





XX CONGRESSO NACIONAL ABRAVES

Produzindo suínos para um futuro sustentável

Patrocínio Diamante



Realização



Apoio Científico



Secretaria Executiva



COMISSÕES | Abraves 2023

COMISSÃO ORGANIZADORA

Presidente

Ana Paula Gonçalves Mellagi

Membros

André Hagemann
Alexandre Marchetti
Bruno Marimon
Eraldo Zanella
Fernando Bortolozzo
Gabriela Zanin
Karine Takeuti
Kelly Will
Rafael Ulguim

David Driemeier
Diógenes Dezen
Gabriela Zanin
Ivan Bianchi
Ivan Bustamante
Karine Takeuti
Kelly Will
Laura Almeida
Mariana Marques
Thomaz Lucia Jr
Vinícius Cantarelli
Vladimir Oliveira

COMISSÃO CIENTÍFICA

Alícia Fraga
Ana Paula Mellagi
David Barcellos
Diogo Magnabosco
Eraldo Zanella
Fernando Bortolozzo
Franciele Siqueira
Gabriela Zanin
Ines Andretta
Marisa Cardoso
Rafael Frandoloso
Rafael Ulguim

COMISSÃO DE TRABALHO

Diogo Magnabosco
Eduardo Wollmann
Fernando Retamal
Gabriel Vearick
Henrique Brandt
Juliana Calveyra
Marina Walter
Pedro Lisboa
Ricardo Nagae
Tiago Paranhos

COMISSÃO AVALIADORA

Alícia Fraga
André F. C. de Andrade
Andrea Ribeiro
Cesar Garbossa
Claudio Canal
Daniela Gava

DADOS INTERNACIONAIS PARA CATALOGAÇÃO NA PUBLICAÇÃO (CIP)

C749a Congresso Nacional ABRAVES (20. : 2023 : Porto Alegre, RS)

Anais do XX Congresso Nacional ABRAVES, 16 a 19 de outubro de 2023, Porto Alegre [recurso eletrônico]: produzindo suínos para um futuro sustentável / organizado por Ana Paula Gonçalves Mellagi ... [et al.] - Porto Alegre: PUCRS. Centro de Eventos, 2023.

E-book
1 arquivo : il., 419 p.

Publicado como suplemento na Revista Acadêmica Ciência Animal, v. 21, jan-dez/2023.

1. Medicina Veterinária – Eventos. – 2. Suínos. I. Mellagi, Ana Paula Gonçalves (org.). II. Associação Brasileira de Veterinários Especialistas em Suínos. III. Título

CDU: 636.4

CATALOGAÇÃO NA FONTE: MARINA MAROSTICA FINATTO, CRB-10/2777 - BIBLIOTECÁRIA DA FACULDADE VETERINÁRIA/UFRGS

Disbiose intestinal em leitões com diarreia pós-desmame induzida por *Escherichia coli* enterotoxigênica

Gabriela Merker Breyer*
Franciele Maboni Siqueira

Gut dysbiosis in piglets with post-weaning diarrhea induced by enterotoxigenic Escherichia coli

Laboratório de Bacteriologia Veterinária, Faculdade de Veterinária, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, Brasil

*Correspondência: gabibreyer@hotmail.com

Palavras-chave: DPD. ETEC. Microbiota intestinal. 16S-rDNA.

Introdução

A diarreia pós-desmame (DPD) induzida por *Escherichia coli* enterotoxigênica (ETEC) é uma doença de grande impacto econômico na suinocultura (Fairbrother, 2005), acometendo leitões nas primeiras semanas após o desmame em decorrência da brusca mudança alimentar e estresse enfrentados pelos animais neste período (Frese et al., 2015).

Tendo em vista que a maioria dos estudos sobre o efeito de infecções por ETEC na microbiota intestinal de suínos utiliza modelos de infecção induzida (Bin et al., 2018; Liu et al., 2021), este trabalho visa investigar os impactos da infecção por este patógeno na microbiota intestinal de suínos com DPD em condições naturais de produção.

Material e métodos

Quinze leitões com 28-42 dias de vida foram analisados, incluindo animais diarreicos (DPD; n = 6) e não diarreicos (controle; n = 9). DNA total das fezes dos animais foi extraído e empregado em reações em PCR para a confirmação do agente etiológico através da detecção de marcadores moleculares de ETEC (Costa et al., 2010). Para a caracterização da microbiota intestinal, realizou-se sequenciamento *paired-end* de 16S-rDNA (região V4) (Kozich et al., 2013) através da plataforma Illumina MiSeq. A análise dos dados foi realizada através do pacote DADA2 (Callahan et al., 2016) pelo software QIIME2 (Estaki et al., 2020), utilizando o banco de dados Silva 138.1 (Quast et al., 2012), e posteriormente os dados foram processados no RStudio. A diversidade bacteriana dos grupos controle e DPD foi comparada pelos índices observado e Shannon através de test t ($p < 0,05$), análise de variância multivariada permutacional (PERMANOVA; $p < 0,05$) e análise de coordenadas principais (PCoA) por Bray Curtis. Para avaliar a composição bacteriana, determinou-se a abundância relativa, identificaram-se táxons compartilhados e exclusivos através de diagrama de Venn, e buscou-se por táxons com abundância diferencial através do teste Wilcoxon ($p < 0,05$) nos dois grupos.

Resultados e discussão

A busca por marcadores permitiu a detecção de ETEC apenas nas fezes dos leitões diarreicos, confirmando a ocorrência de DPD induzida por ETEC, enquanto no

grupo controle não foram detectados nenhum dos marcadores investigados. Quanto à microbiota intestinal, não houve diferença na diversidade bacteriana entre os grupos controle e DPD ($p > 0,05$). A análise de PERMANOVA, no entanto, indicou diferença na composição taxonômica dos grupos ($p < 0,001$; $R^2 = 0,1754$), indicando que a infecção por ETEC é capaz de modular a microbiota intestinal dos leitões analisados. Apesar do desmame intrinsecamente gerar um desequilíbrio da microbiota intestinal de leitões (Gresse et al., 2017), este resultado demonstra que a DPD induzida por ETEC agrava a disbiose intestinal nesta fase.

Firmicutes e *Bacteroidota* foram os filos mais abundantes nas amostras em ambos os grupos, como esperado para fezes de suínos (Kim et al., 2015; Shao et al., 2021). Um total de 12 táxons centrais foram compartilhados entre os grupos, enquanto 10 foram exclusivos do grupo DPD e 18 do grupo controle. Ademais, observou-se abundância diferencial em cinco táxons: *Elusimicrobium* e *Victivallaceae* foram mais abundantes no grupo controle ($p < 0,05$), enquanto *Bradymonadales*, *Solobacterium* e RF39 apresentaram abundância superior em leitões DPD ($p < 0,05$). De modo geral, estes táxons são menos representados na microbiota intestinal dos animais analisados (abundância relativa $< 2\%$), sugerindo, portanto, que grupos bacterianos mais abundantes não são afetados pela ocorrência de DPD induzida por ETEC.

Conclusão

Os resultados obtidos neste trabalho indicam a ocorrência de disbiose intestinal associada à DPD induzida por ETEC em leitões. Tais observações permitem uma melhor compreensão da dinâmica da microbiota intestinal de suínos em condições normais de produção frente à infecção por ETEC.

Referências

BIN, P. et al. Intestinal microbiota mediates Enterotoxigenic *Escherichia coli*-induced diarrhea in piglets. *BMC Veterinary Research*. v.14, p.385, 2018.

CALLAHAN, B.J. et al. DADA2: High-resolution sample inference from Illumina amplicon data. *Nature Methods*. v.13, p.581-583, 2016.

COSTA, M.M. et al. Virulence factors, antimicrobial resistance, and plasmid content of *Escherichia coli* isolated in swine commercial farms. *Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia*. v.62, p.30-36, 2010.

ESTAKI, M. et al. QIIME 2 Enables comprehensive end-to-end analysis of diverse microbiome data and comparative studies with publicly available data. *Current Protocols in Bioinformatics*. v.70, 2020.

FAIRBROTHER, J.M. et al. *Escherichia coli* in postweaning diarrhea in pigs: an update on bacterial types, pathogenesis, and prevention strategies. *Animal Health Research Reviews*. v.6(1), p.17-39, 2005.

FRESE, S.A. et al. Diet shapes the gut microbiome of pigs during nursing and weaning. *Microbiome*. v.3, p.28, 2015.

GRESSE, R. et al. Gut microbiota dysbiosis in postweaning piglets: understanding the keys to health. *Trends in Microbiology*. v.25(10), p.851-873, 2017.

KIM, J. et al. Analysis of swine fecal microbiota at various growth stages. *Archives of Microbiology*. v.197, p.753-759, 2015.

KOZICH, J.J. et al. Development of a dual-index sequencing strategy and curation pipeline for analyzing amplicon sequence data on the MiSeq Illumina sequencing platform. *Applied and Environmental Microbiology*. v.79, p.5112-5120, 2013.

LIU, N. et al. Effects of IQW and IRW on inflammation and gut microbiota in ETEC-induced diarrhea. *Mediators of Inflammation*. 2752265, 2021.

QUAST, C. et al. The SILVA ribosomal RNA gene database project: improved data processing and web-based tools. *Nucleic Acids Res*. v.41, p.590-596, 2012.

SHAO, M. et al. Fecal microbial composition and functional diversity of Wuzhishan pigs at different growth stages. *ABM Express*. v.11, p.88, 2021.