



IX SIMPÓSIO BRASILEIRO DE MICROBIOLOGIA APLICADA

Anais

Porto Alegre, 23 a 25 de novembro de 2016

Editado por

Patricia Valente da Silva

**Universidade Federal do Rio Grande do Sul
Salão de Atos da Faculdade de Agronomia
Porto Alegre, 23 a 25 de novembro de 2016**

Anais

IX Simpósio Brasileiro de Microbiologia Aplicada

23 a 25 de novembro de 2016, Porto Alegre, Brasil

ISSN 2237-1672

**Porto Alegre, Brasil
Universidade Federal do Rio Grande do Sul
2016**

ESTUDO DA COMPOSIÇÃO DA MICROBIOTA EUCARIÓTICA FECAL PRESENTE EM LOBOS-MARINHOS-SUL-AMERICANOS (*Arctocephalus australis*) ENCONTRADOS NO LITORAL NORTE DO RIO GRANDE DO SUL

Cláudio Marcos Lauer Júnior¹; Aline Medeiros Weber¹; Derek Blaese de Amorim²; Mauricio Tavares²; Jeverson Frazzon³; Patricia Valente⁴; Ana Paula Guedes Frazzon⁴.

claudiolauerjr@gmail.com

¹Programa de Pós-graduação em Microbiologia Agrícola e do Meio Ambiente, Universidade Federal do Rio Grande do Sul -

²Centro de Estudos Costeiros, Limnológicos e Marinhos, Instituto de Biociências, Universidade Federal do Rio Grande do Sul.

³Departamento de Ciência dos Alimentos, Instituto de Ciência e Tecnologia de Alimentos, Universidade Federal do Rio Grande do Sul.

⁴Departamento de Microbiologia, Instituto de Ciências Básicas da Saúde, Universidade Federal do Rio Grande do Sul.

Em mamíferos a microbiota intestinal tem um importante papel na manutenção do metabolismo, na digestão de nutrientes e regulação do sistema imune. Portanto, alterações na composição da microbiota do intestino podem gerar impactos adversos à saúde animal. Com esse intuito, o objetivo deste trabalho foi investigar a composição da microbiota eucariótica fecal em lobos-marinhos-sul-americanos (*Arctocephalus australis*). Para tanto, dez amostras de fezes foram coletadas de lobos-marinhos-sul-americanos encontrados no litoral norte do Rio Grande do Sul. Para a extração de DNA total das amostras, utilizou-se 0,1 grama de fezes empregando o kit PowerFecal[®] da Mo Bio. A qualidade do DNA foi avaliada por uso do Qubit. Após extração de DNA, o gene alvo 18S foi amplificado em triplicata em todas as amostras usando *primers Fw* e *Rv*. Os resultados da reação de PCR utilizando *primers* 18S amplificou apenas cinco das dez amostras. Contudo, os amplicons gerados foram enviados para o sequenciamento no equipamento *Ion Torrent* e estão sendo analisados. Por fim, as informações geradas são de grande importância, pois ainda pouco se conhece sobre a composição da microbiota eucariótica fecal presente em mamíferos marinhos.

Palavras-chave: Pinnipedia; Carnívora; Microbiologia.

Agência de fomento: CNPq e CAPES