



II SIMPÓSIO NACIONAL DE
**MICROBIOLOGIA
VETERINÁRIA**



MEDICINA VETERINÁRIA



Anais do II Simpósio Nacional de Microbiologia Veterinária

Porto Alegre, 23 e 24 de fevereiro de 2024

ORGANIZAÇÃO

Associação de Turma de Medicina Veterinária UFRGS 2024/1

Laboratório de Bacteriologia Veterinária – LaBacVet da UFRGS

UFRGS

Porto Alegre

2024



II SIMPÓSIO NACIONAL DE
**MICROBIOLOGIA
VETERINÁRIA**



MEDICINA VETERINÁRIA



S612a Simpósio Nacional de Microbiologia Veterinária (2. : 2024 : Porto Alegre, RS).
Anais do II Simpósio Nacional de Microbiologia Veterinária [recurso eletrônico] /
organização, Associação de Turma de Medicina Veterinária UFRGS 2024/1,
Laboratório de Bacteriologia Veterinária – LaBacVet da UFRGS. – Dados eletrônicos
(1 arquivo : 965 KBytes). – Porto Alegre : UFRGS, 2024.
53 p.

Livro digital
Formato: PDF

ISBN 978-65-5973-357-6

1. Produção Animal. 2. Resistência antimicrobiana. 3. Sanidade. 4. Saúde Única.
5. Zoonoses. I. Associação de Turma de Medicina Veterinária UFRGS 2024/1.
II. Laboratório de Bacteriologia Veterinária – LaBacVet da UFRGS. III. Título.

CDD 636.089601



II SIMPÓSIO NACIONAL DE
**MICROBIOLOGIA
VETERINÁRIA**



MEDICINA VETERINÁRIA



LAGOAS PARA TRATAMENTO DE DEJETOS SUÍNOS E A INFLUÊNCIA NA DINÂMICA DA MICROBIOTA AMBIENTAL DA GRANJA

Mariana Costa Torres¹; Gabriela Merker Breyer¹; Franciele Maboni Siqueira¹

¹Departamento de Patologia Clínica Veterinária, Faculdade de Medicina Veterinária, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, Brasil

Introdução: A compreensão do perfil da comunidade bacteriana existente no ambiente contribui para o entendimento das dinâmicas envolvendo os microrganismos e genes de resistência a antimicrobianos. Entretanto, o bacterioma de granjas de suínos ainda é pouco conhecido no Brasil. **Objetivo:** Identificar o perfil bacteriano presente em uma granja produtora de suínos considerando a trajetória percorrida pelos dejetos (instalações até o tratamento com lagoas/esterqueiras). **Metodologia:** As coletas foram realizadas em Março/2022 em uma granja do tipo independente, com ciclo completo, localizada no Rio Grande do Sul/Brasil. As instalações foram amostradas através de *swab* estéril e para as amostras líquidas provenientes das caixas de decantação e de quatro lagoas em série, foram utilizados frascos tipo Falcon estéreis. Após o processamento das amostras e extração de DNA, realizou-se reação em cadeia da polimerase (PCR) da região V4 do gene *16S-rDNA* seguida por sequenciamento, utilizando kit Miseq v2 500. Considerando a divisão das amostras em dois grupos (amostras das lagoas no grupo “tratamento” e o restante no grupo “pré-tratamento”), análises de bioinformática foram executadas. **Resultados:** Observou-se um aumento da diversidade bacteriana durante o tratamento de dejetos suínos quando comparada às amostras ambientais anteriores. Além disso, identificou-se diferença significativa na abundância de *Bacteroidota*, com maior quantidade no pré-tratamento, e *Verrucomicrobiota*, *Caldatribacteriota* e



II SIMPÓSIO NACIONAL DE
**MICROBIOLOGIA
VETERINÁRIA**



MEDICINA VETERINÁRIA



Desulfobacterota, com maior abundância no grupo tratamento. **Conclusão:** A partir das análises realizadas foi possível constatar a alteração do perfil bacteriano durante o tratamento de dejetos suínos em lagoas/esterqueiras. Os filos evidenciados pelo trabalho poderão ser investigados para potencial biorremediador de bactérias presentes no tratamento de dejetos suínos.

Palavras-chaves: suinocultura; metagenômica; 16S-rDNA; bacterioma.

Referências bibliográficas:

1. BOKULICH, N. et al. q2-sample-classifier: machine-learning tools for microbiome classification and regression. **Journal of Open Source Software**, v. 3, n. 30, p. 934, 23 out. 2018.
2. BOLYEN, E. et al. Reproducible, interactive, scalable and extensible microbiome data science using QIIME 2. **Nature Biotechnology**, v. 37, n. 8, p. 852–857, 24 jul. 2019.
3. HE, L.-Y. et al. Microbial diversity and antibiotic resistome in swine farm environments. **Science of The Total Environment**, v. 685, p. 197–207, 1 out. 2019.
4. 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, n. 17, p. 5112–5120, 21 jun. 2013.
5. **Introduction to the microbiome R package.** Disponível em: <<https://microbiome.github.io/tutorials/>>. Acesso em: 23 jan. 2024.
6. MCMURDIE, P. J.; HOLMES, S. phyloseq: An R Package for Reproducible Interactive Analysis and Graphics of Microbiome Census Data. **PLoS ONE**, v. 8, n. 4, p. e61217, 22 abr. 2013.



II SIMPÓSIO NACIONAL DE
**MICROBIOLOGIA
VETERINÁRIA**



MEDICINA VETERINÁRIA



7. ZHANG, R.-M. et al. Distribution patterns of antibiotic resistance genes and their bacterial hosts in pig farm wastewater treatment systems and soil fertilized with pig manure. **Science of The Total Environment**, v. 758, p. 143654, mar. 2021.

Área de avaliação: Microbiologia.