

Medicina Veterinária

Análise dos Microrganismos Predominantes na Cama de Compost Barn em Minas Gerais e Goiás por Sequenciamento 16S rRNA

Jeisa de Castro e Andrade - Acadêmica do 8º período do Curso de Medicina Veterinária, bolsista do Programa de Educação Tutorial DMV/UFLA/Lavras/MG, Iniciação Científica Voluntária - jeisa.andrade@estudante.ufla.br

Isabella Machado Andrade - Acadêmica do 6º período do Curso de Medicina Veterinária, UFLA/DMV, Iniciação Científica Voluntária - isabella.andrade2@estudante.ufla.br

Maysa Serpa Gonçalves - Coorientadora/UFLA - maysaserpa@gmail.com

Marcilene Daniel Damasceno - Coorientadora/UFLA - marcilene.damasceno@estudante.ufla.br

Alessandro de Sá Guimarães - Pesquisador da EMBRAPA Gado de Leite

Elaine Maria Seles Dorneles - Professora Orientadora, DMV, UFLA - elaine.dorneles@ufla.br - Orientador(a)

Resumo

O compost barn é um sistema de confinamento para bovinos leiteiros que tem gerado ganhos significativos em conforto, bem-estar animal, saúde e índices zootécnicos dos rebanhos. No entanto, o manejo da cama é crucial para o sucesso do sistema, uma vez que, se realizado de forma inadequada pode favorecer a disseminação de patógenos causadores de doenças infecciosas, como *Brucella* spp., *Leptospira* spp., agentes de mastite e metrite. Dada sua adoção relativamente recente, o compost barn ainda carece de estudos detalhados sobre a relação entre a microbiota da cama e a ocorrência de doenças nos animais, o que justifica a necessidade de pesquisas nessa área. Este estudo teve como objetivo avaliar a diversidade microbiana em 27 amostras de cama de compost barn provenientes de 12 diferentes propriedades localizadas nos estados brasileiros de Minas Gerais e Goiás. O DNA das amostras foi extraído utilizando o kit QIAamp PowerFecal Pro DNA (Qiagen®), em seguida foram quantificados para verificação da qualidade do material genético e posteriormente, submetidas ao sequenciamento das regiões V3/V4 do gene 16S rRNA, utilizando o MiSeq Sequencing System (Illumina). As análises de bioinformática foram realizadas com os softwares QIIME2 e DADA2. Os 15 gêneros bacterianos mais abundantes identificados e o número de sequências obtidas para cada um deles foram: *Bacillus* (69.389), *Marinobacter* (62.541), *Romboutsia* (56.432), *Acinetobacter* (42.285), *Paeniclostridium* (37.299), *Lysinibacillus* (35.808), *Ornithinococcus* (29.702), *Clostridium* (29.576), *Flavobacterium* (28.401), *Corynebacterium* (28.331), *Nocardioides* (28.281), *Halomonas* (28.118), *Pseudomonas* (21.089), *Turicibacter* (20.670) e *Glutamicibacter* (19.835). Alguns desses gêneros bacterianos estão associados à transmissão de doenças infecciosas. Entre eles, destaca-se *Pseudomonas* spp., que inclui espécies zoonóticas relacionadas a surtos de mastite bovina. *Clostridium* spp. e *Bacillus* spp. também são relevantes por estarem associados a doenças infecciosas graves em bovinos. O sequenciamento das amostras de compost barn forneceu uma visão abrangente da diversidade bacteriana presente na cama, o que contribui para avaliação e tomada de decisões sobre o correto manejo da cama. O estudo, entretanto, ainda necessita de uma análise mais aprofundada sobre a presença de outros gêneros bacterianos a fim de avaliar a saúde dos animais mantidos em compost barn e auxiliar no manejo da cama.

Palavras-Chave: metagenômica, diversidade microbiana, vacas leiteiras.

Instituição de Fomento: Programa de Educação

Tutorial/MEC/UFLA/CAPES/CNPq/FAPEMIG/EMBRAPA

Link do pitch: https://youtu.be/xBfW7_16ZHo

Sessão: 3

Número pôster: 176

Identificador deste resumo: 4842-18-3417

novembro de 2024