

Medicina Veterinária

## **CARACTERIZAÇÃO DA MICROBIOTA DA CAMA DE COMPOST BARN EM MINAS GERAIS E GOIÁS - BRASIL COM BASE NO SEQUENCIAMENTO DO GENE 16S rRNA**

Isabella Machado Andrade - 9º módulo de Medicina Veterinária, UFLA, PIBIC/FAPEMIG

Marcilene Daniel Damasceno - Coorientadora, pós-graduanda do Departamento de Ciências Veterinárias, UFLA.

Bruno Campos de Carvalho - Pesquisador da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - Embrapa Gado de Leite.

Carine Rodrigues Pereira - Professora do Departamento de Medicina Veterinária - UFLA.

Elaine Maria Seles Dorneles - Professora do Departamento de Medicina Veterinária - UFLA  
elaine.dorneles@ufla.br.

Alessandro de Sá Guimarães - Pesquisador da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - Embrapa Gado de Leite. Orientador - Orientador(a)

### **Resumo**

O compost barn (CB) caracteriza-se como um sistema de criação intensivo de vacas leiteiras, baseado em uma cama de material orgânico, revolvida diariamente em conjunto com os dejetos dos animais. Por se tratar de um sistema relativamente recente no Brasil, ainda há escassez de informações sobre seus impactos na saúde dos animais. Considerando a necessidade de estudos nessa área e a divisão de lotes em pré e pós-parto no CB, o presente trabalho teve como objetivo avaliar a diversidade microbiana e as diferenças entre camas desses dois tipos de lotes em propriedades localizadas nos estados de Minas Gerais e Goiás. Foram analisadas 44 amostras de 20 propriedades coletadas entre 2023 e 2024, 20 referentes a lotes pré-parto e 24 a lotes pós-parto, visto que duas fazendas possuíam dois lotes destinados ao pós-parto. O DNA das amostras foi extraído com o kit Qiagen® Power Fecal DNA, quantificado e encaminhado à Neoprospecta Pesquisa e Consultoria S.A. para sequenciamento das regiões V3 e V4 do gene 16S rRNA. As análises bioinformáticas foram conduzidas pelo Quantitative Insights Into Microbial Ecology (Qiime2) e do Divisive Amplicon Denoising Algorithm 2 (DADA2), aplicando-se score de Phred 30, redução de ruído e classificação taxonômica pelo Basic Local Alignment Search Tool (BLAST) com suporte do banco de dados Silva 138. De forma geral, foram detectadas 65.218.538 Sequências Variantes de Amplicons (ASV), representando 422 famílias e 929 gêneros bacterianos. Entre os principais gêneros identificados destacam-se *Bacillus* spp., *Clostridium* spp., *Staphylococcus* spp., *Corynebacterium* spp., *Mycobacterium* spp., *Pseudomonas* spp., *Rhodococcus* spp., *Mycoplasma* spp., *Nocardia* spp., *Listeria* spp., *Campylobacter* spp. e *Bartonella* spp. A elevada e semelhante diversidade microbiana observada em ambos os lotes, pré e pós-parto, sugere que o revolvimento diário da cama favorece a disseminação dos microrganismos entre os grupos. Ressalta-se que o sequenciamento empregado permite identificação confiável até o nível de gênero, sendo relevante considerar que muitos dos gêneros detectados incluem tanto espécies patogênicas, associadas, por exemplo, à mastite bovina, quanto espécies não patogênicas, relacionadas a microrganismos comensais do trato gastrointestinal ou naturalmente presentes no solo. Conclui-se, portanto, que as camas de compost barn, independentemente da categoria de lote, apresentam alta e similar diversidade microbiana.

Palavras-Chave: Bovinos, Metagenômica, Confinamento.

Instituição de Fomento: Universidade Federal de Lavras, FAPEMIG

Link do pitch: <https://youtu.be/G3GUoQFp8oU>

Sessão: 3

Número pôster: 151

Identificador deste resumo: 5598-19-4732

novembro de 2025