



Evento	Salão UFRGS 2020: SIC - XXXII SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2020
Local	Virtual
Título	Caracterização da microbiota de carcaças de frango de corte em matadouro frigorífico através do sequenciamento de alto rendimento
Autor	NATÁLIA SIMÕES FONTANA
Orientador	CARLOS TADEU PIPPI SALLE

Caracterização da microbiota de carcaças de frango de corte em matadouro frigorífico através do sequenciamento de alto rendimento

Aluno: Natália Simões Fontana

Orientador: Carlos Tadeu Pippi Salle

Instituição de Origem: Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS)

O controle microbiológico dos produtos avícolas é de suma importância, visto que está relacionado com os principais patógenos de relevância em saúde pública. Nos matadouros-frigoríficos, a contaminação da carcaça de frango por bactérias patogênicas pode ocorrer durante todas as etapas do processamento. Este trabalho teve como objetivo identificar o microbioma presente nas carcaças de frango de corte através da técnica de sequenciamento de próxima geração de alto rendimento (HT-NGS) durante o processo de abate em um matadouro-frigorífico de aves. Foram coletadas 104 carcaças em duas visitas, com intervalo de 10 a 15 dias, em um matadouro-frigorífico localizado no Rio Grande do Sul com Serviço de Inspeção Federal. As carcaças foram coletadas em dois pontos: na entrada da área limpa e na embalagem final e foram submetidas ao processo de rinsagem. Além disso, foram coletados 200 mL de água do *chiller* em três pontos (início, meio e fim do tanque), cujo material também foi utilizado para a realização do HT-NGS. A comunidade microbiana das carcaças de frango foi dominada pelo Reino *Bacteria*, representando 99,18% do microbioma. Os Filos Bacteroidetes, Firmicutes e Proteobacteria foram os mais observados. Identificou-se 8 classes, 11 ordens, 20 Famílias, 28 gêneros e 37 diferentes espécies de microorganismos. Foi observada a presença do *C. jejuni* no matadouro-frigorífico e o processamento foi eficaz em eliminar suas contagens. Foram identificadas 17 Espécies bacterianas no *chiller*, sendo que o tanque de resfriamento não foi eficaz na eliminação ou diminuição de *Sphingomonas paucimobilis*. Ao contrário, as 21 Espécies bacterianas identificadas na entrada da área limpa e ou após a embalagem final tiveram seu número reduzido no processamento. Verificou-se que não é possível atribuir características específicas aos microbiomas como um todo, pois cada lote analisado é oriundo de diferente propriedade, sendo assim, cada lote apresenta sua própria microbiota relacionado à origem.